

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации

ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ

**Д.А. ВАСИЛЬЕВ, Н.А. ФЕОКТИСТОВА, А.В. МАСТИЛЕНКО, Е.В.  
СУЛЬДИНА**

**ГЕНОМИКА И БИОЛОГИЯ КАНДИДАТНЫХ  
БАКТЕРИОФАГОВ ДЛЯ ТЕРАПИИ  
ЭНТЕРОБАКТЕРИАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ В  
СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОЙ ВЕТЕРИНАРИИ**

НАУЧНАЯ МОНОГРАФИЯ



**Ульяновск – 2019**

Геномика и биология кандидатных бактериофагов для терапии энтеробактериальных инфекций в сельскохозяйственной ветеринарии / Д.А. Васильев, Н.А. Феоктистова, А.В. Мастиленко, Е.В. Сульдина. – Ульяновск, 2019. – 1309 с.

В монографии представлены результаты научно-исследовательской работы, выполненной ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ под руководством Васильев Д.А. по проекту 16-44-732038 «Геномика и биология кандидатных бактериофагов для терапии энтеробактериальных инфекций в сельскохозяйственной ветеринарии» р\_офи м- Конкурс 2016 года проектов, ориентированных фундаментальных научных исследований по междисциплинарным темам, проводимый совместно ФГБУ «Российский фонд фундаментальных исследований» и Правительством Ульяновской области. В ходе реализации проекта бактериологическими методами и тестами выделено 28 новых штаммов энтеробактерий из объектов внешней среды и патологического материала. Анализ изучаемых бактериальных культур MALDI-TOFF-профилированием подтвердил их соответствие определяемым видам. С использованием усовершенствованных методик, получены 24 новых изолята бактериофагов малоизученных в ветеринарии бактерий родов вышеперечисленных родов семейства *Enterobacteriaceae*. Создана коллекция вирулентных бактериофагов изучаемой группы бактерий. У выделенных штаммов бактериофагов бактерий родов *Proteus*, *Enterobacter*, *Citrobacter* и вида *Yersinia enterocolitica*, изучены основные биологические свойства, включающие морфологию негативных колоний, литическую активность, ее спектр, степень специфичности в отношении широкого спектра гетерологичных видов, родов и семейств бактерий, устойчивость к воздействию физических и химических факторов по которым проводится отбор фагов в ветеринарии для терапевтических целей. Из 24 новых изолятов бактериофагов, нами отобраны 3 бактериофага (Pr – 4 УГСХА, Ye3-f2, E7), обладающих уникальными свойствами необходимыми для конструирования бактериофаговых лечебных биопрепаратов. В результате проведенного секвенирования бактериофагов получены биоинформационные данные нуклеотидных последовательностей и размеры фаговых геномов: Proteus phage Pr 4 - УГСХА (44 580 bp), Enterobacter phage E7 (36 030 bp) и Yersinia phage Ye3-f2 (39 210 bp). При анализе протеомов изучаемых бактериофагов с помощью разделения выделенных и сконцентрированных белков фагов в ПААГ методом вертикального электрофореза для Proteus phage Pr 4 – УГСХА было выявлено 3 белка (67 кДа, 77 кДа и 94 кДа), для Enterobacter phage E7 - 4 белка (73 кДа, 81 кДа, 98 кДа, 124 кДа), для Yersinia phage Ye3-f2 – 3 белка (72 кДа, 115 кДа, 128 кДа). Определено количество протеомов исследуемых бактериофагов, их локализация в геноме, филогенетическое положение среди аннотированных белков (сравнение с базами биоинформационных данных в приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0), возможная конформационная структура каждого из них. Разработаны системы праймеров для ПЦР типирования бактериофагов *Proteus spp.*, *Yersinia enterocolitica*, *Enterobacter spp.* групп. Данные системы позволяют определять наличие бактериофагов, относящихся к определенным группам в материале, полученном из объектов окружающей среды и патологического материала. Изучение взаимодействия фаг-хозяин и выявление факторов, оказывающих влияние на данный процесс, проводили на девяти бактериофагах-кандидатах *Proteus spp.*, *Yersinia enterocolitica*, *Enterobacter spp.*, устанавливали латентный период внутриклеточного развития изучаемых фагов, их урожайность, время адсорбции и константу скорости адсорбции. С помощью разработанной системы ПЦР-детекции основных факторов патогенности установлено, что в геномах выделенных и селективированных бактериофагов локусов патогенности выявлено не было. По итогам проведенных работ и выполненных исследований разработана классификационная база изучаемых бактериофагов на основе критериев биологических характеристик, особенностей взаимодействия фаг-хозяин, особенностей генетической организации и характеристик протеома. Разработаны методические рекомендации по особенностям культивирования, хранения, очистки и концентрации бактериофагов, активных в отношении энтеробактерий, имеющих важное значение для сельскохозяйственной ветеринарии.

Рецензент

**Карпунина Л.В.** - доктор биологических наук, профессор кафедры «Микробиология, биотехнология и химия» ФГБОУ ВО Саратовский ГАУ

## АКТУАЛЬНОСТЬ ПРОЕКТА

Согласно данным FAO (Food and Agriculture Organisation, UN), в 2013 году среднее потребление мяса животных и птицы жителем развитой страны составило порядка 80 килограммов в год. В этих условиях материальные и моральные потери, вызванные бактериальными инфекциями сельскохозяйственных животных или контаминацией опасными бактериями готовой продукции становятся по-настоящему катастрофическими для индустрии – например, в результате подобного события в 2011 году в США было изъято и уничтожено порядка 17000 тонн фарша из индейки, в котором ветслужба обнаружила сальмонеллу с множественной лекарственной устойчивостью). Побочные явления, вызванные избыточным и неконтролируемым применением антибиотиков в сельском хозяйстве примерно с конца 70-х годов XX века (появление штаммов патогенных бактерий со множественной устойчивостью к антибиотикам и быстрый перенос таких штаммов человеку и животным) привели к необходимости радикального пересмотра мирового подхода к применению антибиотиков в сельском хозяйстве [1-4]. Естественным ответом на возникший вопрос оказалось применение специфичных антибактериальных препаратов, предложенных задолго до антибиотиков – препаратов на основе бактериофагов, вирусов бактерий.

Впервые бактериофаги были открыты в 1915 и 1917 гг. Фредериком Туортом и Феликсом д'Эреллем [5], обнаружившим феномен лизиса бактерий *Salmonella dysenteriae* невидимыми в оптический микроскоп агентами.

Исторически бактериофаги оказались первым этиотропным средством терапии бактериальных инфекций, введенным в практику еще до распространения сульфаниламидных препаратов и пригодным для лечения человека и животных. Широкое внедрение антибиотиков, обладавших существенными на тот момент преимуществами перед фагами (лёгкость производства и хранения лекарственных форм, широкая специфичность

действия и др.), вызвало существенное падение интереса к фагам. В нашей стране, не обладавшей до второй половины 40-х годов XX века собственным производством антибиотиков, фаги были важны и подспорьем в медицине человека, и выпуск фаговых препаратов не прекращался даже в войну [6].

Основной проблемой, вызванной бесконтрольным применением сельскохозяйственных антибиотиков, можно назвать превращение ранее непатогенных для человека или условно патогенных бактерий в настоящие патогены с множественной устойчивостью. Пища и кишечник сельскохозяйственных животных служат резервуаром генов резистентности к антибиотикам – так называемого резистома. Эти гены могут быть легко мобилизованы и перенесены из этого источника патогенам человека по существующим пищевым цепям, и высокая интенсивность сельского хозяйства (например, бройлерные цыплята живут в среднем всего 28 дней) способствует повышению скорости этой передачи [2, 4, 7].

Современная концепция борьбы с последствиями неразумной антибиотикотерапии состоит во внедрении новой стратегии, включающей в себя четыре пункта: поиск альтернативы антибиотикам из природной среды (фаги и их компоненты), модуляция иммунитета, направленное формирование и развитие микробиома кишечника, развитие системы фармацевтической сертификации альтернатив антибиотикам [1; 3]. На основании анализа прошлых событий выясняется связь между старым подходом, включающим внутерапевтическое применение антибиотиков, и проблемами медицины человека – для прерывания создавшихся порочных кругов, как в случае с применением цефалоспоринов [8].

В настоящее время фаговая терапия бактериальных инфекций человека и животных оказывается крайне актуальной мировой темой – только за I квартал 2014 года по этой тематике вышло около 500 научных статей в реферируемых международных журналах.

Помимо обзоров текущих трендов в применении фагов в сельском хозяйстве и пищевой промышленности [9], медицине человека [10; 11; 12;

13], основное количество работ посвящено как разработке теории применения фаговых препаратов [6; 14], так и вопросам получения и применения новых лекарственных форм препаратов [15; 16; 17]. Ряд ветеринарных препаратов уже испытывают на животных *in vivo* – например, фаговые композиции против экспериментальной инфекции овец энтеробактериями и стафилококками [18; 19]. Препарат на основе фагов *Vibrio parahaemolyticus*, активный против штамма с множественной устойчивостью к антибиотикам, вызывающего тяжелейшие токсикоинфекции у людей, получивших патоген с морской рыбой и беспозвоночными, отлично показал себя при экспериментальном тестировании на инфицированных мышах [20]. Весьма актуальными являются работы с фаговыми препаратами, активными против возбудителя сальмонеллёза кур [21] и патогенов рода *Escherichia*, вызывающих диарею у человека [18].

Благодаря особенностям своей биологии бактериофаги могут являться мощными агентами горизонтального переноса генов от бактерии к бактерии. Бактериофаги, предназначенные для целей фаготерапии и фагопрофилактики инфекционных болезней, должны быть исследованы методами геномики для определения их потенциальной способности к переносу генов бактерий. Основными путями переноса и экспрессии «генов вирулентности» бактериофагами является или лизогенная конверсия (в случае, когда геном умеренного фага содержит нежелательные гены), или фаговая трансдукция.

Гены, которые могут содержать бактериофаги, и появление которых в геноме инфицированных бактерий может вызывать нежелательные явления (к примеру, повышенную вирулентность), можно разделить на несколько групп в соответствии с их продуктами [22]:

1. гены внеклеточных токсинов.
2. гены, продукты которых участвуют в прикреплении и колонизации бактериями поверхностей.
3. гены ферментов, изменяющих серотип бактерий.
4. гены белков, помогающих инвазии бактерий в ткани.

Разумеется, что наличие подобных генов в бактериофагах для целей терапии и профилактики бактериальных заболеваний абсолютно недопустимо. Кроме отсутствия генов вирулентности, фаги должны быть также безусловно литическими (вирулентными), и не вызывать трансдукцию хозяйской ДНК.

Современное развитие геномики бактериофагов позволяет по полной нуклеотидной последовательности генома утверждать о наличии или отсутствии нежелательных генов. Последовательности, консервативные для известных генов вирулентности, могут быть определены методами биоинформатики. Кроме того, существующее знание о геномах бактериофагов позволяет оценить тип жизненного цикла фага, и отсеять фаги, способные к лизогенной конверсии и трансдукции.

Сбор информации о геномах бактериофагов, инфицирующих микроорганизмы, значимые для медицины и ветеринарии, является приоритетным направлением современной мировой вирусологии. Чем больше появляется подкреплённых биологическими данными сведений о геномике и протеомике известных и новых групп вирусов прокариот, тем лучше бактериофаги могут быть использованы как инструмент.

Основной отраслью мирового сельского хозяйства, где важна максимальная скорость поиска альтернативы антибиотикам, закономерно оказывается птицеводство – максимально интенсивная отрасль современного животноводства.

Важнейшими патогенами птицы являются бактерии рода *Clostridium*, *Campylobacter*, *Salmonella*, *Escherichia*. Кроме того, что эти патогены легко поражают целые птицеводческие хозяйства, они также легко способны вызывать заболевания и у человека – например, вызванный кампилобактером энтерит пищевой этиологии оказывается сегодня наиболее тяжёлой и частой бактериальной патологией ЖКТ человека в США [23].

Применение германскими специалистами бактериофагов, активных против эпидемиологически актуальных штаммов *Campylobacter jejuni*,

выделенных от больных животных, позволило без применения антибиотиков уменьшить колонизацию бактериями бройлерных цыплят более чем в тысячу раз [23-24]. Предложены методы выделения фагов, активных против кампилобактера, а также методы испытания их активности *in vivo* в условиях сельскохозяйственного предприятия [25]. В ходе исследований было показано, что спектр эпидемиологически значимых штаммов кампилобактера отличается в различных хозяйствах, и что важно использовать для выделения терапевтических фагов именно целевые штаммы бактерий из сельскохозяйственной среды [26]. Впрочем, проблема узкой специфичности фагов легко решается применением фаговых коктейлей [27]. Новозеландскими специалистами была проведена также технико-экономическая оценка применения фаговых препаратов против кампилобактера, указавшая на наиболее эффективные точки приложения метода, и в целом положительно оценившая фаготерапию кампилобактериоза кур как разумную альтернативу антибиотикотерапии [28].

Бактериофаги как альтернатива антибиотикам успешно применяются для снижения обсеменённости цыплят кишечной палочкой, что также приводит и к росту привеса у птицы из-за нормализации функций пищеварения [29]. Из-за актуальности борьбы с колибациллёзом у кур были предприняты пути поиска оптимального пути применения фаговых препаратов [30]. Для борьбы с бактериями рода *Clostridium*, вызывающими быструю порчу продукции птицеводства, были также предложены фаговые препараты [31].

Технологии с применением бактериофагов также востребованы и в мясном животноводстве. Например, для лечения гнойного мастита у молочного скота активно применяются фаги, выделенные на метициллин-устойчивых штаммах золотистого стафилококка (MRSA), ранее изолированных из образцов молока [22, 32]. Для инактивации энтеропатогенных штаммов кишечной палочки O157:H7 на сырой говядине как альтернативу хлорсодержащим препаратам в США используют фаговые

коктейли [33], и такие же коктейли в Германии применяют и для снижения бактериальной обсеменённости мяса бактериями родов *Campylobacter* и *Yersinia* [34,35]. Фаги активно применяются и в других отраслях животноводства, например, в кролиководстве для контроля инфекций, вызываемых бактериями рода *Vibrio* [36], в свиноводстве для борьбы с энтеротоксигенными кишечными палочками (ЕТЕС) [37], в аквакультуре лососёвых рыб против колонизации специфическим патогеном *Flavobacterium psu chrophilum* [38]. Фаговая диагностика также позволяет быстро идентифицировать патогенные микроорганизмы, вступившие в контакт с человеком и из дикой природы – например, фаговая диагностика кишечной палочки *E.coli* O157:H7 во время недавней вспышки колибациллярной инфекции на юго-западе Англии позволила быстро принять профилактические и терапевтические меры, и обнаружить источник инфекции – мясо краба [40].

Фаговые препараты применяются и для деконтаминации готовой пищи, например, мяса жареной курицы и утки – после инкубации с фаговым препаратом количество энтеропатогенных бактерий *Shigella flexneri* за два часа падало на два порядка, и после 72 часов бактерии пропадали полностью [40].

Как можно видеть, тема изучения вирусов прокариот применительно к практике сельского хозяйства является крайне актуальной и востребованной в мировой практике, исследования по ней идут во множестве стран. На данный момент Россия имеет существенное отставание в данной тематике, которое может быть легко преодолено, используя существующий в нашей стране практический и фундаментальный научный задел. «Одомашненные» человеком бактериофаги способны существенно изменить практику ветеринарной медицины, и стать надёжным инструментом [41].

Если развитие практической фаговой терапии сдерживается несовершенством нормативной базы в большинстве стран, то развитие фаговой геномики протекает достаточно бурными темпами. Предлагаются



новые системы классификации бактериофагов, основанные на анализе полных геномов и протеомов этих вирусов. Если в конце 1990-х годов было распространено мнение, что геномы всех фагов являются полностью мозаичными, и группировка сколько-нибудь удаленных вирусов практически не возможна, то с начала 2000-х становится ясно, что большинство вирулентных фагов обладают так называемым геномным кором – характерным набором генов, сравнительно мало подвергающихся латеральному переносу. Это позволяет выделять естественные группы бактериофагов (T4 – подобные, phiKZ – подобные, T7-подобные и т.д.) многие из которых признаны международным комитетом по таксономии вирусов (ICTV) как роды. Многие биологические свойства фагов оказываются общими для всех представителей рода или группы внутри рода, поэтому идентификация близкого или даже среднего родства кандидатного фага известному опорному изоляту, хорошо изученному биологически и с известным геномом, позволяет достаточно надежно прогнозировать многие свойства, в том числе вирулентный характер вируса. В большинстве случаев отнесение нового фагового изолята к известной группе возможно на основании морфологических критериев с подтверждением частичным секвенированием участков генома. Для многих групп удастся разработать универсальные праймеры для амплификации генов консервативных белков, что может существенно удешевить идентификацию фагов по сравнению с полным определением последовательности генома [42-55]

Однако, для этого требуется наличие достаточной плотности хорошо охарактеризованных представителей групп, что подчеркивает актуальность данного проекта.

Опираясь на литературные данные можно утверждать, что в тонком кишечнике молодняка сельскохозяйственных животных и птицы в хозяйствах, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям, бактерий рода *Proteus* регистрируются примерно 20-50 % случаев [56-57].

Разработка экологически чистых и эффективных терапевтических средств для диагностики, лечения и профилактики бактериальных инфекций, вызываемых бактериями *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Yersinia*, *Proteus*, включает поиск и селекцию специфических бактериофагов, на основе которых и может быть сконструирован новый биопрепарат [58-62].

Интерес к изучению бактериофагов поддерживается, помимо фундаментальных аспектов, возможностью их применения в качестве медицинских препаратов. В последние 20 лет стремительный рост числа и разнообразия штаммов патогенных микроорганизмов, устойчивых к низкомолекулярным антибиотикам, стимулировал поиск альтернативных методов лечения и контроля бактериальных инфекций. Для максимально эффективного и научно обоснованного применения бактериофагов в медицине, ветеринарии, сельском хозяйстве и аквакультурах требуется глубокое их изучение и систематизация на генном уровне, а также высокая степень очистки применяемых фаговых препаратов. Аналогичные исследования в области изучения протеома бактерий и специфичных им бактериофагов представлены в ряде публикаций зарубежных ученых и отечественных ученых [63-69].

По литературным данным в конце 1990-х годов было распространено мнение, что геномы всех фагов являются полностью мозаичными, и группировка сколько-нибудь удаленных вирусов практически не возможна, то с начала 2000-х становится ясно, что большинство вирулентных фагов обладают так называемым геномным кором – характерным набором генов, сравнительно мало подвергающихся латеральному переносу. Это позволяет выделять естественные группы бактериофагов (T4 – подобные, phiKZ – подобные, T7-подобные и т.д.) многие из которых признаны международным комитетом по таксономии вирусов (ICTV) как роды [71-72]. Многие биологические свойства фагов оказываются общими для всех представителей рода или группы внутри рода, поэтому идентификация близкого или даже среднего родства кандидатного фага известному опорному изоляту, хорошо

изученному биологически и с известным геномом, позволяет достаточно надежно прогнозировать многие свойства, в том числе вирулентный характер вируса [73]. В большинстве случаев отнесение нового фагового изолята к известной группе возможно на основании морфологических критериев с подтверждением частичным секвенированием участков генома [74-75]. Однако для массового скрининга бактериофагов при их выделении и селекции он не является основным. В данном случае оптимальными будут являться амплификационные методы, в том числе полимеразно-цепная реакция (ПЦР) [76-79].

Анализ литературных данных свидетельствуют что в настоящее время в мировой практике проблеме выделения и селекции бактериофагов специфичных к бактериям малоизученных в ветеринарии родов семейства *Enterobacteriaceae: Enterobacter, Citrobacter, Yersinia, Proteus* не уделяется должного внимания. Подобные работы нами не найдены. Проблеме изучения основных биологических свойств бактериофагов, включающий комплекс (морфология негативных колоний, литическая активность, спектр литического действия, специфичность), который необходимо изучать у фагов с целью конструирования терапевтических фаговых биопрепаратов, также в научных исследованиях незначительно отражены. Нами установлены единичные работы [DOI: 10.1111/jam.12722, DOI: 10.1515/biol-2016-0038], где приводятся данные по исследованию только литической активности. Изучению геномики бактериофагов в зарубежной науке уделяется значительное внимание, о чем свидетельствует обзор научных исследований следующих авторов [DOI: 10.3389/fmicb.2016.01023, DOI: 10.1002/jmv.24401, DOI: 10.3390/v8040111, DOI: 10.1128/JVI.01783-12, DOI: 10.1038/srep28338, DOI: 10.3389/fmicb.2014.00506].

## ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ФУНДАМЕНТАЛЬНОГО ИССЛЕДОВАНИЯ

Создание альтернативных антибиотикам средств контроля над бактериальными инфекциями в ветеринарии. Получение и концептуализация новых научных данных о фундаментальной биологии бактериофагов, инфицирующих болезнетворные для животных и человека бактерии и разработка новой фундаментальной методологии в фаготерапии и фагопрофилактике.

Конкретной задачей в рамках предлагаемого проекта будет выделение и комплексное исследование бактериофагов, активных против эпизоотически актуальных циркулирующих штаммов бактерий зооантропонозной группы, выделенных из патологического материала и образцов внешней среды сельскохозяйственных объектов Ульяновской области. Основное внимание будет уделено фагам бактерий так называемых «редких» родов семейства *Enterobacteriaceae*: *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Yersinia*, *Proteus*. Эти патогены приобретают в последнее время все большее значение для сельскохозяйственной ветеринарии, но в то же время, в отличие от более распространенных патогенных энтеробактерий (таких, как *Escherihia*, *Salmonella*, *Shigella*) генетическое разнообразие фагов этих «редких» родов практически не исследовано, что существенно затрудняет создание современных фаготерапевтических препаратов на их основе.

## **АКТУАЛЬНОСТЬ И ЗНАЧИМОСТЬ ТЕМЫ НАУЧНОГО ИССЛЕДОВАНИЯ ДЛЯ РЕГИОНА**

Существующие и построенные в ближайшее время свиноводческие и птицеводческие объекты с/х деятельности Ульяновской области (как и везде) всегда подвергаются воздействию патогенной микрофлоры, что приводит к экономическим потерям в виде: летального отхода, потери привеса, уменьшения яйценоскости, перерасходов дорогостоящим медикаментов, затрат на диагностику, профилактику, лечение т. е. повышение себестоимости конечной продукции, а также её возможной контаминацией патогенной микрофлорой а значит последующей утилизацией. Использование фаговой терапии позволит если не избежать то уменьшить этот показатель. Производство фагов на порядок дешевле производства антибиотиков и сводит на нет их вредное воздействие как на поголовье так и на пищевую продукцию. В результате экономические показатели растут, финансовые показатели оптимизируются, себестоимость продукции и сроки её реализации уменьшается, социальные показатели (количество мяса на 1 человека растёт как и его покупательная способность, количество больных в случае заражения человека бактериальной микрофлорой от пищевых продуктов контаминированных патогенными бактериями уменьшаются и так далее).

## **ОБЩИЙ ПЛАН РАБОТ НА ВЕСЬ СРОК ВЫПОЛНЕНИЯ ПРОЕКТА**

1 этап – 2016 - 2017 гг.

1. Получение из объектов внешней среды вирулентных бактериофагов изучаемой группы бактерий.

2. Исследование основных биологических свойств выделенных фагов включая показатели по которым проводится отбор терапевтических бактериофагов.

3. Уточнение критериев и выбор объектов (видов микроорганизмов и серий фаговых изолятов, активных в их отношении) для детального дальнейшего исследования.

4. Исследование оптимальной методики выделения фаговых геномов, исходя из критериев трудоемкости, эффективности и отсутствие деградации при исследовании и хранении нуклеиновых кислот.

5. Определение размера фаговых нуклеиновых кислот для целей их классификации.

6. Секвенирование фаговых геномов (будут выбраны геномы 2-10 бактериофагов - конкретное число зависит от размеров финансирования, а также от оцененного разнообразия выделенных изолятов).

2 этап – 2017-2018 гг.

1. На основании результатов секвенирования будет принято решение о целесообразности проведения исследований структурных протеомов изучаемых бактериофагов.

2. Проведение исследований профилограмм структурных протеомов полученных в процессе 1 этапа данного проекта бактериофагов.

3. В случае, если исследуемые объекты будут представлять особый интерес с позиций фундаментальной биологии вирусов бактерий, например, окажутся представителями новых родов (филогенетических групп) фагов, проявят необычные биологические свойства или особенности организации

геномов будет организовано более детальное их изучение в дополнение к исследованию свойств, релевантных применению данных фагов в ветеринарной медицине.

4. Разработка первых вариантов систем ПЦР-типирования обнаруженных групп фагов и организация работа по дополнительному выделению фагов для тех микроорганизмов, которые были выбраны для детального изучения.

5. Выбор модельных объектов для исследования взаимодействий фаг – хозяин.

6. Разработка усовершенствованных систем ПЦР-детекции групп бактериофагов.

3 этап – 2018-2019 г.

1. Завершение характеристики всех секвенированных фагов и биоинформатического анализа полученных геномов.

2. Исследование взаимодействия фаг-хозяин и определение факторов, оказывающих влияние на данный процесс.

3. Разработка систем генетической детекции наличия локусов патогенности в отобранных фаговых геномах.

4. Разработка классификационной базы исследованных бактериофагов на основе критериев биологических характеристик, особенностей генетической организации, особенностей взаимодействия фаг-хозяин.

5. Разработка методических рекомендаций по особенностям культивирования хранения (очистки и концентрации) бактериофагов, активных в отношении энтеробактерий, имеющих важное значение для сельскохозяйственной ветеринарии.

## МЕТОДЫ И ПОДХОДЫ, ИСПОЛЬЗОВАННЫЕ В ХОДЕ ВЫПОЛНЕНИЯ ПРОЕКТА

Выделение и идентификация энтеробактерий проводилась классическими методами, с учетом информации, полученной из литературных источников [78-97] с применением:

- выделение чистых культур по Дригальскому;
- тинкториальные свойства - окраска мазков по Граму (Микро-ГРАМ-НИЦФ набор реагентов для окраски микроорганизмов по методу Грама ТУ 9398-002-39484474-2002 (ЗАО НИЦФ, РФ) и микроскопия;
- морфология бактерий - культивирование энтеробактерий на средах Эндо, Плоскирева, висмут-сульфит агаре;
- идентификация по биохимическим свойствам выделенных микроорганизмов проводилась с применением следующих питательных сред и реактивов: питательный бульон ТУ 10-02-02-789-176-94 (ООО «БиоКомпас-С», РФ), питательный агар для культивирования микроорганизмов сухой (ГРМ-агар) ТУ 9398-020-78095326-2006 (ФБУН ГНЦ ПМБ, РФ); набор «Рапид-энтеро 200 М» - тест-система для ускоренной биохимической идентификации энтеробактерий (ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера); среда Гисса с маннитом (ФБУН ГНЦ ПМБ, РФ); среда Гисса с глюкозой (ФБУН ГНЦ ПМБ, РФ); среда Гисса с арабинозой (ФБУН ГНЦ ПМБ, РФ), среда Гисса с мальтозой (ФБУН ГНЦ ПМБ, РФ); среда Гисса с сахарозой (ФБУН ГНЦ ПМБ, РФ); «Питательная среда с малонатом натрия для дифференциации энтеробактерий, сухая» (ООО «Биотехновация», РФ), Nutrient Gelatin («HiMedia», Индия), среда Кларка (ООО «БиоКомпас-С», РФ), 0,6 % спиртовой раствор  $\alpha$ -нафтола, 40 % КОН, среда Клиглера («HiMedia», Индия), цитратный агар Симмонса (ФГУП «НПО Микроген», РФ), среда Мюллера с L-Лизином, L-Аргинином, L-Орнитином («HiMedia», Индия); Phenylalanine Agar («HiMedia», Индия), Urea Agar Base (Christensen) Основа уреазного агара (по Кристенсену) («HiMedia», Индия), Urea 40% Мочевина 40 % раствор («HiMedia», Индия); реактивы:  $\alpha$  -



нафтол, гидроксид калий; 10%-ный раствор хлорида железа. Для первичной идентификации применяли минимальный дифференцирующий ряд – образование сероводорода, декарбоксилирование орнитина и лизина, утилизация цитрата, подвижность, фенилаланиндезаминазная активность, ферментация глюкозы, лактозы; реакция Фогес-Проскаура и реакция с метиловым красным. Дополнительные тесты для типирования - уреазы, триптофандезаминаза с маннозой, индол с лактозой, ацетоин, эскулин, мальтоза, маннит и нитрат натрия, арабиноза, адонит.

#### Выделение и селекция бактериофагов [98-103]

##### *Метод индукции профага в клетке с помощью митомицина С и УФО*

Одним из важнейших условий отбора бактериального штамма-хозяина для последующего культивирования производственно-перспективных бактериофагов было подтверждение отсутствия профагов, интегрированных в геном бактериальной клетки. Определить наличие профага в бактериальной культуре можно путем воздействия на клетку химическими или физическими факторами, индуцирующими механизм репликации фаговой ДНК и последующий лизис бактериальной клетки с выходом нового поколения вирусных частиц. В качестве химического фактора воздействия мы использовали митомицин С в дозе 0,5 мкг/мл. Исследуемые штаммы засеивали в пробирки с питательным бульоном, содержащим 0,5 мкг/мл митомицина С. После инкубации пробирок в течение 4–6 ч при 28 °С содержимое пробирок очищали от остатков бактериальных клеток путем центрифугирования (5000 об./мин) и последующего фильтрования через бактериальные фильтры с диаметром пор 0,22 мкм. Суспензии индикаторных бактериальных штаммов наносили в объеме 0,1–0,2 мл на поверхность питательного агара в чашках Петри и втирали досуха шпателем. Чашки делили на 3 сектора, на которые наносили по 100 мкл содержимого пробирок, физраствор с 0,5 мкг/мл митомицина С (отрицательный контроль) и фаголизаты бактериофагов (положительный контроль). После инкубации в течение 10–18 ч при 28 °С чашки исследовали на наличие зон лизиса бактериального газона. В месте

внесения физ.раствора с 0,5 мкг/мл митомицина С зоны лизиса быть не должно. В месте нанесения фаголизата бактериофага она должна быть обязательно. Наличие зоны лизиса газона на секторе с нанесенным содержимым тестируемой пробирки указывает на лизогенное состояние штамма.

В качестве физического фактора воздействия использовали ультрафиолетовое облучение (УФО) с длиной волны 250 нм. Исследуемые культуры в период эксперимента находились в экспоненциальной фазе роста. Суточная культура бактерий разводилась в соотношении 1:100 в фосфатном буфере с рН 7,6. Разведение бактерий в объеме 2 мл помещали в чашку Петри и облучали в течение 20 (25, 30, 35, 40) секунд на расстоянии 40 (45, 50, 55, 60) см. Затем облученные культуры засеивались на мясо-пептонный бульон (МПБ) комнатной температуры (20-22 0С) в соотношении 1:100. Эксперимент проводился в полутемном помещении с целью предохранения облученных бактерий от фотореактивации. Посевы инкубировали при 37 0С в течение 3 часов, после чего делали высев методом агаровых слоев по методу Грациа. Наличие на чашке зон лизиса указывало на то, что бактериальная культура несет в себе профаг и не может использоваться в качестве штамма-хозяина. В случае отсутствия фага газон на чашке однородный.

#### *Методы выделения бактериофагов из окружающей среды*

Выделение бактериофагов и изучение их биологических свойств проводили методами, предложенными М. Адамсом и Д.М. Гольдфарбом, отработанными и модифицированными сотрудниками ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ.

#### *Прямой метод выделения бактериофага из исследуемого материала*

Исследуемую жидкость фильтровали через бактериальный фильтр (0,22 мкм, «Millipore»), освобождая от микробов. Твердый исследуемый материал (образцы почвы, пищевые продукты, оформленные испражнения) предварительно измельчали, эмульгировали, фильтровали вначале через

бумажный, а затем через бактериальный фильтр. Наличие фага в полученном фильтрате определяли в жидких или на плотных питательных средах по методу Отто или Грациа.

Прямой способ выделения бактериофага является наиболее простым и доступным, однако по чувствительности он уступает нижеприведенным методам выделения бактериофага с предварительным обогащением исследуемого материала.

#### *Выделение бактериофага методом обогащения «без подсева»*

Исследуемый материал засеивали в жидкую питательную среду, являющуюся наиболее полноценной для развития тех микроорганизмов, против которых ищут бактериофаг. Посевы ставили в термостат и инкубировали при оптимальной температуре роста микроорганизмов 18–20 ч. По истечении указанного срока сосуды с посевами вынимали из термостата, центрифугировали и фильтровали через бактериальный фильтр (0,22 мкм). Полученные фильтраты испытывали на присутствие в них бактериофага на плотных и жидких питательных средах. Данный метод основывается на создании наиболее благоприятных условий для размножения бактерий и соответствующего им бактериофага, который предполагается выделить.

#### *Выделение бактериофага методом обогащения с «подсевом»*

Жидкие и твердые образцы засеивали в мясо-пептонный бульон (МПБ).

Одновременно с исследуемым материалом в питательную среду вносили 0,2– 0,5 мл суточной бульонной культуры бактерий, гомологичных выделяемому фагу. Для контроля культуру бактерий, применяемую для обогащения, засеивали в стерильную питательную среду. Емкости с посевами ставили в термостат при температуре, оптимальной для роста культуры, на 18–24 ч. После инкубации из опытной и контрольной пробирок брали по несколько миллилитров жидкости и фильтровали через бактериальные фильтры. Полученный фильтрат исследовали на присутствие бактериофага, гомологичного бактериям, примененным для обогащения.

Сущность данного метода заключается в предварительном обогащении исследуемого материала клетками того микроорганизма, к которому ищем бактериофаг. Бактерии, внесенные в исследуемый материал, начинают размножаться, и вместе с ними увеличивается количество фага.

*Обнаружение бактериофага на плотных питательных средах по методу Отто*

1,5% мясопептонный агар разливали в чашки Петри. После застывания питательную среду засеивали 16–18-часовой бульонной культурой бактерий, гомологичных искомому фагу. Для получения сплошного роста 2–3 капли культуры наносили на чашку и растирали шпателем равномерно по всей ее поверхности. Спустя 5–10 мин после посева на подсушенную поверхность питательной среды наносили каплями исследуемый фильтрат. После того как жидкость впиталась в среду, чашки переворачивали вверх дном и ставили в термостат при оптимальной температуре роста микроорганизмов на 18–24 ч. Учет результатов: доказательством наличия бактериофага служит полное отсутствие роста культуры в месте попадания капли фильтрата (активный бактериофаг) или появление в этом участке мелких стерильных пятен – колоний бактериофага.

*Обнаружение бактериофага на плотных питательных средах  
двуслойным методом Грация*

1,5% МПА разливали в чашки Петри в количестве 25–30 мл (первый слой). После застывания среды чашки ставили в термостат на 1½–2 ч для подсыхания. В пробирку с 2,5 мл 0,7% расплавленного и остуженного до 4 С агара вносили 1 мл исследуемого фильтрата и 0,2 мл суточной культуры, соответствующей искомому фагу. Содержимое пробирок быстро перемешивали, чтобы не произошло затвердевания агара, и выливали на чашку вторым слоем. После того, как агар застывал, посев ставили в термостат при оптимальной температуре роста микроорганизмов. Результат учитывали через 16–18 ч инкубации в термостате. Присутствие бактериофага

определяли по наличию прозрачных пятен, хорошо видимых на матовом фоне роста бактерий.

*Подтверждение отсутствия умеренных бактериофагов в  
потенциальных бактериях-хозяевах*

Отобранные как индикаторные, бактерии предварительно, до выделения к ним бактериофагов из объектов окружающей среды, были проверены в тесте по индукции профага с помощью митомицина С и УФО. В результате проведенных исследований отобранные штаммы бактерий были закреплены в качестве клеток-хозяев и использовались в дальнейшем для выделения бактериофагов и получения фаголизатов с высоким титром фаговых частиц.

*Изолирование бактериофагов, активных в отношении определенного  
спектра бактерий-мишеней*

Выделение и изучение биологических свойств фагов проводили по методам, предложенным М. Адамсом и Д.М. Гольдфарбом, определения титра фаговых частиц и морфологии негативных колоний - по методу Грациа, с учетом температурных режимов оптимальных для культивирования отобранных бактерий-хозяев.

Для выделения бактериофагов из сточных вод исследуемые образцы объемом 15 мл засеивали в колбу с МПБ в объеме 50 мл, внося при этом по 0,2 мл (полная петля) суточной бактериальной культуры. После инкубирования из колбы брали 10 мл жидкости и помещали в стерильную пробирку. Затем, с целью освобождения от посторонней микрофлоры, материал центрифугировали в течение 30 мин при 5000 об/мин, надосадочную жидкость отбирали и фильтровали через мембранные фильтры с диаметром пор 0,22 мкм. Присутствие бактериофага определяли по наличию прозрачных пятен (бляшек, негативных колоний), хорошо видимых на матовом фоне роста бактерий.

В случае положительного результата негативные колонии или участок лизиса пересеивали с помощью бактериологической петли в МПБ с

соответствующей индикаторной культурой. Для этого в две пробирки с 4,5 мл МПБ добавляли стерильной пипеткой по 0,2 мл суточной бульонной индикаторной культуры, в одну из которых пересевали негативную колонию соответствующего бактериофага, вторая пробирка служила контролем. Определяющим моментом являлось просветление бульона в опытной пробирке и выраженное помутнение среды в контроле. После чего содержимое опытной пробирки с целью освобождения от бактериального дебриса центрифугировали в течение 30 мин при 5000 об/мин, надосадочную жидкость отбирали и фильтровали через мембранные фильтры с диаметром пор 0,22 мкм.

#### *Определение титра литической активности бактериофагов*

После выделения бактериофага необходимо определить его количественное соотношение, или титр фага. Для титрования бактериофага предложены различные методы, однако наибольшее распространение из них получили способ титрования фага в жидкой питательной среде, предложенный Аппельманом, и метод агаровых слоев, разработанный Грациа.

#### *Титрование бактериофага в жидкой питательной среде по методу*

##### *Аппельмана*

Метод основан на внесении различных количеств титруемого бактериофага в питательный бульон, засеянный одной и той же дозой бактериальной культуры, чувствительной к данному фагу. Для этого брали 10 пробирок с 4,5 мл МПБ в каждой. В первую пробирку вносили 0,5 мл исследуемого фага, содержимое пробирки тщательно перемешивали. Из первой пробирки 0,5 мл переносили во вторую и т.д. до получения ряда последовательных 10-кратных разведений фага (10<sup>-1</sup> -10<sup>-10</sup>). В каждую пробирку приготовленного ряда вносили по 0,03 мл взвеси суточной агаровой культуры бактерий, содержащей 10<sup>9</sup> микробных клеток в 1 мл по стандарту мутности (10 ME), чувствительной к данному фагу. Для контроля брали 2 пробирки с МПБ, в одну из которых вносят 0,5 мл исследуемого фага

(контроль на стерильность фильтрата фаголизата), в другую пробирку 0,03 мл микробной культуры (контроль культуры). Все пробирки помещали в термостат при оптимальной температуре роста микроорганизмов на 18 ч. Результат определяли по отсутствию видимого роста бактерий в присутствии бактериофага. Активность (силу литической активности или специфическую активность, но не титр) бактериофага обозначают отрицательной степенью десяти, где степень указывает последнее разведение бактериофага, в котором рост индикаторной культуры визуально не наблюдался.

#### *Титрование бактериофага методом агаровых слоев (метод Грациа)*

Этот метод основан на внесении различных разведений титруемого бактериофага в соответствующую культуру бактерий и посева на плотную питательную среду с целью получения негативных колоний бактериофага. Накануне опыта готовили питательные среды. В чашки Петри разливали 1,5% МПА по 25 мл среды. Среду в чашках подсушивали в термостате до полного удаления конденсата. Агар должен быть абсолютно сухим, так как даже незначительное увлажнение может изменить количественные показатели содержания частиц фага в исследуемой жидкости. Брали 0,7% МПА в пробирках по 2,5 мл в каждой, расплавляли его на водяной бане и охлаждали до 48–50 °С. Из жидкости, содержащей титруемый бактериофаг, готовили в пробирках ряд последовательных разведений (как в методе Аппельмана). Затем в пробирку с 0,7% МПА вносили 1 мл соответствующего разведения исследуемого бактериофага, слегка перемешивали, добавляли 0,1–0,2 мл 10<sup>9</sup> культуры, чувствительной к бактериофагу, опять слегка перемешивали и содержимое пробирки выливали в чашку с МПА (вторым слоем). Смесь равномерно распределяли по поверхности агара и оставляли чашку в горизонтальном положении на 40–50 мин, то есть до полного охлаждения агара. Затем чашки слегка подсушивали и инкубировали в термостате при оптимальной температуре роста микроорганизмов в течение 18–20 ч. На фоне равномерного роста микробов отмечались пятна, где рост отсутствовал (полный лизис). При большом количестве бактериофага

наступал лизис микроорганизмов на всей поверхности агара. Когда количество фаговых частиц невелико, то участков лизиса мало, и можно рассчитать количество бляшкообразующих единиц (БОЕ) фага в 1 мл препарата, допуская, что каждый участок лизиса образовывался в результате действия одной частицы фага. Допустим, что на агаре в чашке имелось 30 пятен лизиса (колоний фага) при исследовании фильтрата в разведении 10<sup>-7</sup>. Следовательно, титр фага будет равен 3×10<sup>-8</sup>, т.е. в 1 мл фага содержится 3×10<sup>8</sup> БОЕ/мл.

#### *Определение спектра литической активности бактериофагов*

Спектр литической активности бактериофагов оценивали методом нанесения фага (spot-тест) на газон бактериальной культуры. В чашки Петри разливали 1,5% МПА. После застывания и подсушивания агара на чашки Петри наносили по 0,1 мл 16–18-часовой бульонной культуры микроорганизмов, растирали шпателем по всей поверхности чашки, чтобы получить равномерный сплошной рост культуры. После того, как культура впиталась и чашки подсохли, на них каплями (spot-тест) наносили бактериофаги. После того, как жидкость впиталась в среду, чашки переворачивали вверх дном и ставили в термостат при оптимальной температуре роста культуры на 18–24 ч. На следующие сутки производили учет результатов – наличие или отсутствие «пятна лизиса».

Результаты оценивали следующим образом: - отсутствие лизиса;

+ лизис по ходу стекания капли;

++ лизис по ходу стекания капли и наличие стерильных пятен;

+++ наличие стерильного пятна и зон лизиса.

#### *Получение фаговой биомассы с высоким титром фаговых частиц*

Фаговую биомассу с высокой литической активностью получали методом выращивания на плотных питательных средах (Патент РФ №2525141 «Способ получения бактериофага») [110]. Он включает следующие этапы.



1-й этап – это получение ночной (18-часовой) культуры штамма-хозяина. Бактериальную культуру, выросшую на плотной питательной среде, микробиологической петлей засевают в МПБ, разлитый по 4,5 мл из расчета одна пробирка на одну матрасную колбу. Посеянные таким образом индикаторные штаммы культивируют в термостате 18 ч.

2-й этап – нанесение штамма-хозяина на поверхность плотной питательной среды.

В матрасные колбы с плотным питательным агаром вносят 18-часовую культуру штамма-хозяина. Распределяют культуру по всей поверхности питательной среды, создавая монослой. Стерильной микробиологической пипеткой удаляют лишнюю жидкость. Культивируют в течение 3,5 ч при оптимальной температуре для роста культуры штамма-хозяина.

3-й этап – нанесение маточного штамма бактериофага.

В образовавшийся таким образом газон культуры вносят шприцем или стерильной микробиологической пипеткой 2 мл одноименного (маточного) бактериофага в титре  $10^6$ – $10^7$  БОЕ/мл. Соотношение посевной культуры и бактериофага составляет 100 к 1, т.е. на 100 бактериальных клеток – 1 частица бактериофага. Покачивающим движением распределяют бактериофаг так, чтобы он тонким слоем покрыл всю поверхность газона бактериальной культуры. И опять отбирают стерильной пипеткой лишнюю жидкость. Инкубируют в термостате 13–15 ч при оптимальной температуре для роста культуры штамма-хозяина и одноименного бактериофага.

4-й этап – сбор бактериофага.

В матрас в асептических условиях вносят физиологический раствор с рН 7,0–7,2 в количестве 0,04–0,045 мл на 1 см<sup>2</sup> (9 мл на один матрас). Плавным покачивающим движением производят смыв фага с поверхности питательного агара. Стерильной микробиологической пипеткой собирают жидкую фракцию и переносят в стерильные центрифужные пробирки. Эта фракция состоит из бактериофага, обломков бактериальных клеток, живых нелизированных клеток штамма-хозяина. Для освобождения фаголизата от

нелизированных бактерий в пробирки добавляют хлороформ из расчета 1/10. Экспонируют полученную суспензию 30 мин при непрерывном шуттелировании, центрифугируют 30 мин при 5000–6000 об/мин. Собирают полученный супернатант в стерильную емкость.

5-й этап – очистка и контроль фаголизата.

Полученный таким образом фаголизат стерилизуют фильтрацией через фильтр с диаметром пор 0,22 мкм и затем очищают от эндотоксинов на хроматографической колонке типа EndoTrapBlue или EndoTrapHD (HyglosGmbH, Германия) согласно инструкции производителя с использованием буфера, разработанного этой фирмой.

*Методы оценки стабильности бактериофагов к воздействию агрессивных факторов*

*Устойчивость бактериофагов-кандидатов к повышенным и пониженным температурам*

Степень устойчивости бактериофагов к воздействию высокой и низкой температуры проводили следующим способом: исследуемые бактериофаги разводили 1:10 в МПБ (рН 7,2–7,4) для того, чтобы получить бактериофаг определенной концентрации. Затем пробирки с фагами прогревали на водяной бане и термостате «Гном» в диапазоне измеряемой температуры 40–80 °С с интервалом 5 °С в течение 45 мин, и под воздействием низких температур в диапазоне от +5 до -10 °С с интервалом в 5 °С в течение 45 мин. Параллельно титровали контроль – фаголизат без прогрева и охлаждения. Количество негативных колоний определяли методом агаровых слоев по Грациа. Устойчивость бактериофагов к воздействию хлороформа

Хлороформ является недорогим и доступным средством, не всегда убивающим бактериофаговые частицы, которое используется для освобождения фаголизата от жизнеспособных микроорганизмов. Определение чувствительности бактериофагов к данному химическому веществу проводили методом обработки фаговой суспензии хлороформом в соотношении 1:10 при постоянном перемешивании. Для этого брали по 3

пробирки с 4,5 мл МПБ, в каждую вносили по 0,2 мл испытываемого бактериофага и 0,2 мл бактериальной культуры, чувствительной к данному фагу (индикаторная культура). Пробирки культивировали при 37 °С 18–20 ч. Затем в каждую пробирку добавляли по 0,5 мл хлороформа. Время экспозиции с хлороформом при непрерывном встряхивании соответственно: 1-я пробирка – 15 мин; 2-я пробирка – 30 мин; 3-я пробирка – 45 мин. Полученную смесь откручивали на центрифуге 30 мин при 5000 об/мин. Собирали супернатант. Активность бактериофага определяли по методу Грациа. Контролем служил стерильный фильтрат фаголизата, полученный с использованием бактериальных фильтров.

*Определение параметров инфекционного процесса в системе фаг - клетка для бактериофагов, входящих в состав технологического вспомогательного средства*

Экспоненциально растущие бактериальные клетки смешивали с бактериофагом (множественность инфицирования (MOI) = 0,001) и инкубировали при комнатной температуре. Образцы (100 мкл) отбирали через 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20, 25, 30 мин, смешивали с 850 мкл SM-буфера и 50 мкл трихлорметана. После центрифугирования надосадочную жидкость титровали для определения неадсорбированных или обратимо адсорбированных фагов через разные временные интервалы. Количественно адсорбцию выражали константой скорости адсорбции (k), измеряемой в мл/мин. Время адсорбции для каждого фага устанавливали индивидуально в зависимости от процента максимальной адсорбции для конкретной смеси (фаг+клетка хозяина).

Для определения длительности латентного периода и урожайности фага использовали способ изучения одиночного цикла размножения фага без применения антифаговой сыворотки. В основу метода положено свойство эмбихина избирательно инактивировать различные фаги без повреждения бактерий. В предварительном опыте параллельного титрования эмбихина на фаге и соответствующем бактериальном хозяине устанавливается рабочая

доза препарата, т.е. то его количество, которое в 0,9 мл физиологического раствора способно за 5 минут при  $36\pm 1^{\circ}\text{C}$  инактивировать 90-95 % фага при исходной его концентрации. После определения рабочей дозы проводили основной опыт. Бактериальные культуры, выращенные в мясо-пептонном бульоне и находящиеся в логарифмической фазе роста, разводят мясо-пептонным бульоном до концентрации бактерий  $n \times 10^8$  в 1 мл. К 0,9 мл такой культуры, предварительно адаптированной к  $36\pm 1^{\circ}\text{C}$ , добавляли соответствующего бактериофага 0,1 мл, содержащего  $n \times 10^8$  БОЕ/мл, смесь инкубировали в термостате в течение 5 минут, а затем 0,1 мл переносили в 0,9 мл физиологического раствора с рабочей дозой эмбихина, предварительно прогретого в водяной бане при  $36\pm 1^{\circ}\text{C}$ .

После 5-минутной инкубации смеси при  $36\pm 1^{\circ}\text{C}$  опыт продолжали по методу Эллиса и Дельбрюка.

Затем из этой пробирки брали 0,1 см<sup>3</sup> жидкости, которую вносили к 9,9 см<sup>3</sup> бульона. Из четвертой пробирки брали 0,1 см<sup>3</sup> жидкости и вносили в 9,9 см<sup>3</sup> бульона (пятая пробирка). Получая указанные разведения, стремимся создать постоянную и наименьшую концентрацию частиц фага в четвертой пробирке и свести ее на нет в пятой с целью возможности подсчета колоний фага по окончании латентного периода. Из 4 и 5 пробирок приготовленными разведениями через каждые 1-2 минуты берем по 0,1 см<sup>3</sup> жидкости и засеваем в две бактериологические чашки по методу агаровых слоев. Подсчет негативных колоний проводим после 16-18 часового инкубирования чашки при  $36\pm 1^{\circ}\text{C}$ .

#### Выделение фаговой ДНК (P.D. Kadam, 2016) [111]

Выделенный штамм выращивали в течение 8 часов в LB, 10 мкл этой культуры переносили в 10 мл LB и инкубировали при 37 °C в орбитальном шейкере со скоростью 150 об / мин до OD<sub>695</sub>, равным приблизительно 0,2. Триста микролитров этой культуры добавляли к 100 мкл запаса вируса (~ 10<sup>6</sup> бляшкообразующая единица (pfu)/мл). Вирусным частицам позволяли адсорбироваться на клетках-хозяевах в течение 15 мин при комнатной

температуре, затем зараженные клетки добавляли к 3 мл расплавленного мягкого верхнего агара в универсальных пробирках и тщательно перемешивали перед тем, как вылить их на нижний агар и инкубировалось на несколько минут. Затем планшеты переворачивали и инкубировали при 37 0С. агаровые пластины с мягким верхом, которые полностью лизированы, соскабливали и собирали в пробирку емкостью 250 мл. Сорок миллилитров буфера SM добавляли в сборную пробирку и хорошо перемешивали, затем инкубировали в течение ночи при 10 0С, чтобы позволить вирусным частицам диффундировать из мягкого верхушечного агара в буфер. Пробирку центрифугировали при 250 g в течение 25 мин, а затем супернатант переносили в свежую пробирку. Супернатант фильтровали через 0,45 мкм, а затем через фильтр Millipore 0,22 мкм, чтобы обеспечить удаление агара и клеточных остатков. Отфильтрованные частицы актериофага смешивали с 1/8 объемным раствором полиэтиленгликоля (ПЭГ) 6000 [2,5 М NaCl, 20% (вес / объем) PEG 6000] и инкубировали на льду в течение 30 мин. Образец затем центрифугировали при 16000 g в течение 10 мин и вирусный осадок ресуспендировали в 0,5 мл 10 mM Трис, pH 7,5, 10 mM MgCl<sub>2</sub>, 100 mM NaCl. Нуклеиновые кислоты разрушали добавлением 10 ед. ДНКазы I и 10 мкг / мл РНКазы А и инкубировали в течение 30 мин при 37 0С. Затем его экстрагировали, используя равный объем фенола: хлороформ, как описано (Sambrook et al., 2001).

#### Выделение фаговой ДНК [111]

С использованием набора Qiagen Lamda kit (Qiagen, Valencia, CA).

#### Выделение фаговой ДНК (W.H. Wilson et al., 1993) [111]

Клональную суспензию фага добавляли к 50 мл культуры экспоненциально растущих клеток-хозяев с множественностью заражения около  $4 \times 10^{-3}$ , и культуру инкубировали при 37оС. Культуру контролировали ежедневно на наличие полного клеточного лизиса. В лизат добавляли 500 мкл объема хлороформа для уничтожения любых оставшихся клеток, а ДНКазу и РНКазу добавляли до конечных концентраций 1 мкг / мл, чтобы

разложить любую клеточную ДНК или РНК, высвобожденную во время лизиса. Затем лизат инкубировали при комнатной температуре в течение 1 ч до удаления клеточного дебриса центрифугировали при 5500 x g и 4 °C в течение 10 мин. NaCl, 2% (wt/vol, конечная концентрация) и 6000 полиэтиленгликоля, 8,3% (wt/vol, конечная концентрация) добавляли к надосадочной жидкости и осторожно растворяли при комнатной температуре перед выдержкой на льду в течение 2 часов. Осажденный фаг выделяли центрифугированием при 4 °C в течение 10 мин при 9000 × g и полученные осадки (приблизительно 10 RI) ресуспендировали в общей сложности 2 мл ASW. К суспензии фага добавляли тот же объем трис-буфера (pH 8,0) -насыщенного фенолом, который подвергали вортексированию; Затем водный слой отделяли от фенола центрифугированием при 2000 x g в течение 10 мин. Водный слой осторожно удаляли и экстрагировали тем же объемом трис-буфера (pH 8,0) -насыщенным фенол-хлороформом (1: 1); Опять же, его вортексируют и центрифугируют до удаления водного слоя и, наконец, экстрагируют равным объемом хлороформ-изоамилового спирта (24: 1). ДНК из полученного водного слоя осаждали добавлением 0,4 объема 7,5 М ацетата аммония и 2 объемов изопропанола; Смесь осторожно переворачивали и оставляли при комнатной температуре на 10 мин. Осадок ДНК собирали центрифугированием в 1,5 мл пробирках Эппендорфа при 10000 x g в течение 20 мин. Супернатант отбрасывали, и осадок высушивали в эксикаторе перед ресуспендированием в стерильной дистиллированной воде.

#### Секвенирование бактериофагов

Для получения полноразмерных нуклеотидных последовательностей геномов бактериофагов использовали полногеномное секвенирование ДНК бактериофагов второго поколения (IonTorrent, ThermoFisherScientific, США). Каждый штамм бактериофага был секвенирован трижды. Данные каждого раунда секвенирования были проанализированы методами биоинформатики.

Фильтрация качества прочтений (ридов) позволила собрать геномы бактериофагов с высокой достоверностью.

#### Анализ протеома бактерий [112-123]

Материалы: синапиновая кислота (Sigma-Aldrich, USA), ацетонитрил (Sigma-Aldrich, USA), трифторуксусная кислота (Sigma-Aldrich, USA), мясопептонный бульон (ГМФ-агар), (НИЦФ. Санкт-Петербург, РФ), мясопептонный агар (ГМФ-агар) (НИЦФ. Санкт-Петербург, Россия), спирт этиловый 70°.

Для культивирования бактерий использовались стандартные условия. Бактерии выращивались на мясопептонном бульоне (МПБ) в условиях термостата при 37°C в течение 12 часов, далее бактериальная культура рассеивалась методом штриха на мясопептонный агар (МПА) для получения отдельных колоний. Клетки каждого штамма непосредственно наносили на стальной планшет MALDI (две одиночные колонии в дубликатах) с использованием одноразовой петли и с добавлением 1 мкл матрицы, состоящей из насыщенного раствора синапиновой кислоты в 60% ацетонитриле - 0,3% трифторуксусной кислоты и высушивали на воздухе в течение нескольких минут при комнатной температуре.

Отпечатки белков с различными молекулярными массами получали с использованием MALDI-TOF масс-спектрометра Microflex LT (Bruker Corp., Billerica, USA) с обнаружением в линейном положительном режиме на частоте лазера 50 Гц и в диапазоне масс от 2000 до 30 000 Да. Напряжение разгона составляло 20 кВ, а время задержки экстракции составляло 200 нс. Для генерации каждого ионного спектра использовалось не менее 10 лазерных снимков на образец. Для каждого бактериального образца в общей сложности 100 отпечатков белков с различными молекулярными массами усредняли и обрабатывали с использованием программного обеспечения MALDI Biotyper (Bruker Corp., Billerica, USA). При анализе протеома бактериальных культур методом MALDI-TOFF-профилирования при культивировании бактерий использовались стандартные условия: бактерии

выращивались на мясопептонном бульоне (МПБ) при 37° С в течение 12 часов, далее 12-ти часовая культура рассеивалась методом штриха на мясопептонный агар (МПА) для получения отдельных колоний.

Клетки каждого штамма непосредственно наносили на стальной планшет MALDI (две одиночные колонии в дубликатах) с использованием одноразовой петли и с добавлением 1 мкл матрицы, состоящей из насыщенного раствора синапиновой кислоты в 60% ацетонитриле - 0,3% трифторуксусной кислоты и высушивали на воздухе в течение нескольких минут при комнатной температуре.

Отпечатки белков с различными молекулярными массами получали с использованием MALDI-TOF масс-спектрометра Microflex LT (BrukerCorp., Billerica, USA) с обнаружением в линейном положительном режиме на частоте лазера 50 Гц и в диапазоне масс от 2000 до 30 000 Да. Напряжение разгона составляло 20 кВ, а время задержки экстракции составляло 200 нс. Для генерации каждого ионного спектра использовалось не менее 10 лазерных снимков на образец. Для каждого бактериального образца в общей сложности 100 отпечатков белков с различными молекулярными массами усредняли и обрабатывали с использованием программного обеспечения MALDI Biotyper (BrukerCorp., Billerica, USA).

Данные нуклеотидных последовательностей выделенных и селектированных бактериофагов, полученные при их секвенировании, позволили нам провести сравнительный анализ их геномов. Однако исследование биологических свойств бактериофагов включает в себя также их протеомный анализ (аминокислотную последовательность протеинов, их качественный и количественный состав, изоэлектрическую точку белков, молекулярный вес и алифатический индекс).

Для протеомного анализа нами были использованы ресурсы систем SnapGeneViewer v.4.1.7 и ExPasy (<https://web.expasy.org>). Нами был проведен анализ бактериофагов, активных в отношении бактерий *Enterobacter*, *Yersinia*,



Proteus и даны физико-химические характеристики каждого из белков в их составе.

#### Анализ протеомов селекционированных бактериофагов

Для анализа белковых профилограмм выделенных бактериофагов нами был использован метод вертикального электрофореза в ПААГ. Анализ профилограмм был проведен с использованием программного обеспечения GelAnalyzer 2010.

Для начала необходимо было получить максимально возможную бактериофаговую массу для достаточной визуальной детекции после электрофореза.

Бактериальную массу культивировали в течение 24 часов на жидких питательных средах. Затем были внесены выделенные бактериофаги в количестве 1,0 мл на 10 мл культуры соответственно бактериальным видам. Культивировали в течение 24-48 часов при 28-37 °С в аэробных условиях. Затем часть аликвоты культур с бактериофагами были исследованы методом агаровых слоев по Грациа для определения титра фагов, а часть – использована для получения белков бактериофагов.

Для выделения и концентрирования белков бактериофагов культуральную жидкость центрифугировали 20 минут при 3000 об/мин. Надосадочную жидкость, содержащую бактериофаги переносили в чистую пробирку в количестве 5,0 мл и подвергали ультразвуковой дезинтеграции при режиме 10 микрон с трехкратным подходом по 60 сек. Затем в смесь вносили 5,0 мл насыщенного раствора сульфата аммония. Все манипуляции проводили на холоде. Смесь инкубировали в течение 1 часа при 4-8° С, а затем белки осаждали при 10000 об/мин в течение 30 минут (Centrifuge type MPW-310, Польша). Надосадочную жидкость удаляли под визуальным контролем наличия осадка. Осадок растворяли в 100 мкл буфера для электрофореза. Крупные конгломераты нерастворимых фракций белков и детрита осаждали при 3000 об/мин в течение 1 минуты.

Выделенные и сконцентрированные таким образом белки были использованы для проведения вертикального электрофореза в ПААГ.

Режим электрофореза и концентрация ПААГ: 200 В, 60 мА, 30 минут, 4-20% ПААГ, трис-глициновый буфер с рН-8,6.

В результате проведенных исследований нами были сопоставлены данные протеомного анализа на основании проведенного сиквенса и электрофореза в ПААГ.

#### ПЦР бактериофагов

Материалы: 5-кратный раствор с ксиленицианолом, 7,5 мМ MgCl<sub>2</sub> (ООО «Интерлабсервис» Кат. № 861), смесь дезоксирибонуклеозидтрифосфатов (дНТФ). Водный раствор дезокси-нуклеозидтрифосфатов с концентрацией 1,76 мМ каждого. (ООО «Интерлабсервис», Кат. № R3-1), смесь типоспецифических праймеров по 10 пкМ каждого (НПФ «Литех», Москва); Taq ДНК-полимераза (5 ед./мкл) (Promega, USA., Cat. №M5001), агароза («Хеликон» LOT 2308B504) или аналогичная, Трис-HCl, («Amresco» Cat. № Am-O234-0.5) или аналогичный, тритон X-100, («Amresco» Cat. № Am-O694-1.0) или аналогичный, борная кислота Хеликон (Кат. № Н-0202-0.5, (о.с.ч.), ЭДТА-Na, («Amresco » Cat. № Am-O105-0.1) или аналогичный, NaCl («Хеликон» Н-1401-1.0 (х.ч.), 0,1 %-ный бромид этидия («Amresco », Cat. № Am-O492-1,0), маркер молекулярного веса, (ООО «Интерлабсервис», Кат. № MDNA-100bp), набор для очистки ДНК от агарозного геля «QIAquick Gel Extraction», QIAGEN, Германия), набор для секвенирования, набор для выделения ДНК «АмплиПрайм ДНК-сорб-В», («ИнтерЛабСервис», Москва), микроцентрифуга на 12000 об./мин. для пробирок объемом 1,5 мл и 0,5 мл (Eppendorf Minispin, Германия), автоматические пипеточные дозаторы на 20 мкл, 100 мкл и 1000 мкл (ThermoScientific), полипропиленовые пробирки на 0,2 мл, 0,5 мл и 1,5 мл (Axygen, США), сменные наконечники к автоматическим пипеточным дозаторам (Axygen, США), амплификатор для проведения ПЦР («МахуGene», AXYGEN Scientific, США), смеситель «Vortex» (Biosan, Латвия), твердотельный термостат (Термит, ДНК

Технология, Москва), фильтрующие насадки Миллекс 0,22мкм (PVDF) (Millipore, Ирландия), генетический анализатор («Applied Biosystems 3130XL», Applied Biosystems, США), набор компонентов для очистки сиквенсовой смеси («BigDye Terminator kit 3.1», Applied Biosystem, США). Праймеры (F1\_\_C2, F2\_\_C2, F3\_\_C2, F3\_\_C2, R1\_\_C2, R2\_\_C2, R3\_\_C2, F1\_\_B, R1\_\_B, F1\_PODO, R1\_PODO, terS-F, terS-R, mcp-F, mcp-R, mtp-F, mtp-R, tmp-F, tmp-R) были синтезированы в ООО «ЛИТЕХ». Реактивы производства «Fermentas» и «Альфа фермент».

#### Наращивание бактериофагов для последующей работы с ними

Выделенный штамм выращивали в течение ночи в среде LB, 10 мкл этой культуры переносили в 10 мл LB и инкубировали при 37 ° С в орбитальном шейкере со скоростью 150 об / мин до оптической плотности (OD,  $\lambda=695$ ), равным 0,2. Далее, 300 микролитров этой культуры добавляли к 100 мкл вирусного материала (~ 10<sup>6</sup> бляшкообразующая единица (БОЕ)/мл). Вирусным частицам позволяли адсорбироваться на клетках-хозяевах в течение 15 мин при комнатной температуре, затем зараженные клетки добавляли к 3 мл расплавленного мягкого верхнего агара в универсальных пробирках и тщательно перемешивали перед тем, как вылить их на нижний агар и инкубировалось на несколько минут. Затем планшеты переворачивали и инкубировали при 37 ° С. агаровые пластины с мягким верхом, которые полностью лизированы, соскабливали и собирали в пробирку емкостью 250 мл. Сорок миллилитров буфера SM добавляли в сборную пробирку и хорошо перемешивали, затем инкубировали в течение ночи при 10° С, чтобы позволить вирусным частицам диффундировать из мягкого верхушечного агара в буфер. Пробирку центрифугировали при 250 g в течение 25 мин, а затем супернатант переносили в свежую пробирку. Супернатант фильтровали через 0,45 мкм, а затем через фильтр Millipore 0,22 мкм, чтобы обеспечить удаление агара и клеточных остатков. Отфильтрованные частицы бактериофага использовали для выделения фаговой ДНК.

#### Выделение ДНК

Геномную фаговую ДНК выделяли при помощи коммерческого набора «ДНК-СОРБ-Б» (ЗАО «Интерлабсервис») для выделения общей ДНК, согласно инструкции производителя.

#### Полимеразная цепная реакция

Для выявления ДНК бактериофагов использовали метод ПЦР с применением типоспецифических праймеров (прил. 2, табл. 7-8). Каждую реакцию проводил в 25 мкл реакционной смеси, содержащей 1 мкг ДНК, по 20 пмоль праймеров, 200 мкМ каждого dNTP, 1,5 мМ MgCl<sub>2</sub>, 50 мМ KCl, 10 мМ Tris-HCl (pH 8,8) и 1,25 единицы активности Taq-полимеразы. Реакцию проводил в амплификаторе «T100» производства «BioRad, USA ». ДНК денатурировали при 94оС в течение 3 мин. Затем проводил 35 циклов, включающих денатурацию ДНК при 94 оС в течение 15 сек, отжиг праймеров при температуре 52 оС в течение 30 сек и элонгацию в течение 1 мин. Заключительный этап элонгации проводили при 72 оС в течение 5 мин.

Учет и интерпретация результатов. Результаты интерпретировали на основании наличия (или отсутствия) специфической полосы, соответствующей размеру специфического гена или его участка. Результаты считали достоверными только в случае прохождения положительных и отрицательных контролей амплификации. Анализ участков нуклеиновых кислот и подбор специфических праймеров. Уникальность последовательностей устанавливали на основе статистической значимости совпадений нуклеотидных последовательностей, полученных в результате секвенирования более раннем этапе данного проекта. Дополнительный анализ последовательностей проводили с помощью выравнивания, используя программу ClustalX (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw/index.html>).

Биоинформатический анализ нуклеотидных последовательностей фрагментов генома фагов изучаемых бактерий осуществлялся по следующему алгоритму: сначала была определена последовательность гена терминазы у каждого из выделенных и селектированных бактериофагов. Далее были установлены ближайшие гомологи в базах данных GeneBank,

затем было построено филогенетическое древо Yersiniaphage, Enterobacterphage и Proteusphage. После этого в системе Blast были определены праймеры и их основные характеристики. После синтеза олигонуклеотидных праймеров были проведены эксперименты с применением метода ПЦР.

#### Разработка усовершенствованных систем ПЦР-детекции групп бактериофагов

Для постановки ПЦР «в режиме реального времени» кроме праймеров требуется флуоресцентный олигонуклеотидный зонд, несущий флуоресцентную метку. В системе Blast был осуществлен подбор наиболее оптимальных зондов для каждого из бактериофагов и определены их основные характеристики. Далее были проведены эксперименты с использованием ПЦР и специального оборудования – амплификатора с детекцией Real-Time (в данном проекте ДТ-прайм-5 (ДТ-96), ДНК-Технология, РФ). ДНК денатурировали при 95 °С в течение 1 мин. Затем проводил 35 циклов, включающих денатурацию ДНК при 95 °С в течение 10 сек, отжиг праймеров при температуре 60 °С в течение 20 сек. Детекция осуществлялась на каждом из циклов при температуре 60 °С по каналу Fam.

Разработка систем ПЦР для индикации локусов патогенности в геномах выделенных и селектированных бактериофага/

На первом этапе в библиотеке баз данных GeneBank (США), EMBL (Европейская молекулярно-биологическая библиотека), DDBJ (Японская база данных нуклеотидных последовательностей) были определены уникальные гены–кандидаты, кодирующие локусы патогенности, характерные для изучаемых бактерий.

После анализа в библиотеках баз данных GeneBank (США), EMBL (Европейская молекулярно–биологическая библиотека), DDBJ (Японская база данных нуклеотидных последовательностей) нуклеотидных последовательностей всех вышеуказанных генов, они были просканированы

системой Blast базы данных GeneBank (США) на предмет совпадения с последовательностями ДНК известных микроорганизмов.

Затем, после выбора специфичного гена-кандидата для молекулярно-генетической идентификации «островка патогенности», носителем которого могут быть бактериофаги, активные в отношении бактериальных агентов, были определены наиболее консервативные участки выбранных мишеней, путем их сравнения у различных штаммов бактериофагов в базе данных GeneBank. На эти консервативные участки в приложении Primer BLAST определили праймеры, отвечающие следующим условиям: длина праймеров должна составлять 18–24 пары нуклеотидов, температура плавления праймера должна быть 60–70°C, размер фланкируемого праймерами участка гена должна составлять не менее 100 и не более 1000 п.о.

После чего, они были выравнены программой Gene Runner Version 3.05, определены их димеры, при возможном некоплементарном связывании самими с собой или попарно. Для оптимизации ПЦР-протокола, в реакциях с бактериальными культурами, выделенными из клинических образцов был использован электрофоретический метод детекции продуктов амплификации.

# РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

## 1. БАКТЕРИОФАГИ РОДА *PROTEUS*

### 1.1 ВЫДЕДЕНИЕ БАКТЕРИЙ РОДА *PROTEUS*

Цель работы – выделение бактерий рода *Proteus* из патологического материала и объектов санитарного надзора животноводческих и птицеводческих помещений из хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям, и изучение их основных биологических свойств для возможного применения полученных штаммов в качестве индикаторных бактериальных культур при изучении биологических свойств протейных бактериофагов.

Задачи исследования:

1. выделить бактерии рода *Proteus* из патологического материала и объектов санитарного надзора;
2. изучить тинкториальные, культуральные и биохимические свойства выделенных бактерий рода *Proteus*;
3. составить оптимальную схему выделения и бактериологической идентификации бактерий рода *Proteus*.

#### Материалы и методы исследований

Патологический материал и фекалии от телят, поросят и птицы (куры и утки) с клиническими признаками дисбактериоза, фекалии и смывы животноводческих и птицеводческих хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям Ульяновской и Самарской областей.

Схема бактериологической идентификации осуществлялась нами, опираясь на более чем десятилетний опыт работы с микроорганизмами данного рода, и проводилась по общеизвестным бактериологическим тестам. Для ферментативной идентификации *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis* использовался классический метод инокуляции культуры в пробирки, содержащие субстраты и индикаторы.

## Результаты исследований

### Первый день исследования

Из проб патологического материала и объектов санитарного надзора были произведены посевы штрихом на среду Эндо, среду Плоскирева, висмут-сульфит агар. Посевы культивировали в условиях термостата в течение 24 часов при  $36\pm 1$  °С.

### День второй

Выросшие в чашках на среде Эндо: бесцветные или сероватые колонии с розовым оттенком, с характерным для протей ползущим ростом (рис. 1-2); на агаре Плоскирева – полупрозрачные колонии с перламутровым оттенком, в зоне роста колоний среда подщелачивалась и приобретала желтизну; на висмут-сульфит агаре (через 48 часов инкубации) – темно-коричневые колонии, пересевали в мясо-пептонный бульон (по 4-6 колоний с чашки). Для дальнейших исследований нами было отобрано 48 культур микроорганизмов, которые инкубировали при 37 °С в течение 18 часов (до появления выраженного помутнения среды) в условиях термостата.

### День третий

Первичные бульонные культуры, выделенные после пересева колоний с вышеперечисленных сред, микроскопировали (окраска по Граму) и при наличии в мазках грамтрицательных палочек с закругленными концами, не образующих спор и капсул, располагающихся одиночно и попарно, подвергали дальнейшему исследованию с целью родовой и видовой идентификации, а также для определения их патогенности. Культур, обладающих вышеназванными тинкториальными свойствами, было выявлено 24 штамма. Поэтому дальнейшие исследования мы проводили только на этих штаммах бактерий. Выделенные культуры были высеяны на 0,3 % мясо-пептонный агар для хранения при температуре 2-4 °С. Сделаны посевы на мясо-пептонный бульон (параметры культивирования: температура 37 °С и время – 18 часов).



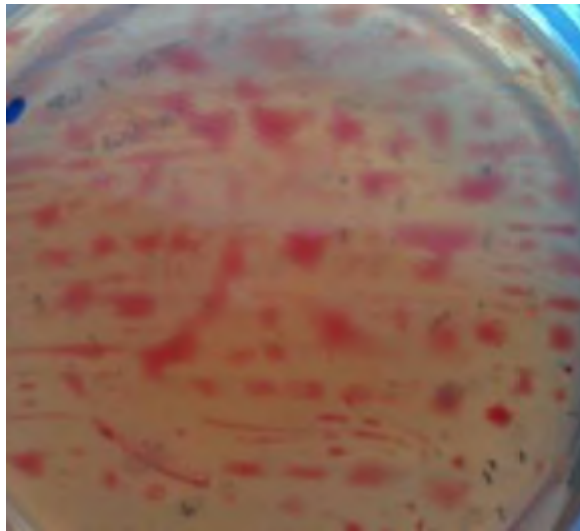


Рисунок 1 – Рост штамма 1 бактерий предположительно рода *Proteus* на среде Эндо (время культивирования 24 часа при температуре 37 °С)

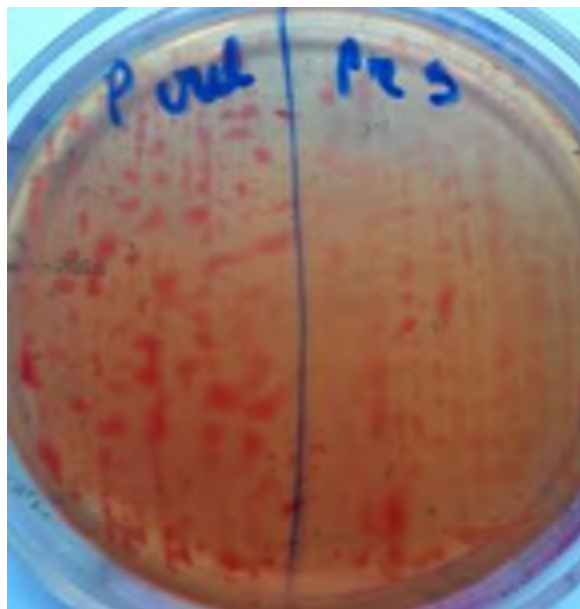


Рисунок 2 – Рост штамма 3 бактерий рода *Proteus* на среде Эндо (время культивирования 24 часа при температуре 37 °С)

#### День четвертый

Нами установлено, что все 24 культуры проявили признак подвижности при культивировании на 0,3 % мясо-пептонномагаре. Далее видовую принадлежность выделенных микроорганизмов мы устанавливали на основе определения биохимических свойств. Анализ специальной литературы позволил нам составить алгоритм первичной дифференциации бактерий рода *Proteus*. Отличительной особенностью протеев от других

представителей семейства *Enterobacteriaceae* – способность к окислительному дезаминированию аминокислоты фенилаланина в кетокислоты.

Поэтому первым дифференциальным признаком, позволившим отнести выделенные нами штаммы бактерий к роду *Proteus*, была способность культур дезаминировать фенилаланин на специализированной коммерческой среде (применяли Phenylalanine Agar). Известно, что протеи способны дезаминировать фенилаланин с образованием фенилпиривиноградной кислоты, что имеет важное значение для дифференциации энтеробактерий в трибе «*Proteus, Morganella, Providencia*». Дрожжевой экстракт, входящий в состав среды, обеспечивают микроорганизмы необходимыми для жизнедеятельности питательными веществами. DL-фенилаланин является субстратом для ферментации, из которого на воздухе образуется фенилпиривиноградная кислота. Производили посев на поверхность скошенного агара и культивировали при температуре  $36 \pm 1$  °C 24 часа. При положительной реакции после нанесения на микробный рост нескольких капель 10%-ного раствора хлорида железа развивается зеленое окрашивание. При отрицательной реакции цвет среды и роста не меняется. Результат учитывается в течение 5 минут после нанесения реактива, т.к. зеленый цвет быстро бледнеет.

Вторым дифференциальным тестом, положительный результат которого позволит отнести выделенные штаммы бактерий к роду *Proteus*, - это положительная реакция с метилротом и отрицательная реакция Фогеса-Проскауэра. Этот тест основан на выявлении ацетоина (ацетилметилкарбинола) – промежуточного продукта в превращении пиривиноградной кислоты (образующейся при расщеплении глюкозы) по бутиленгликолевому пути. В присутствии кислорода и КОН ацетон окисляется в диацетил, образующий соединение красного цвета. Чувствительность теста возрастает с добавлением  $\alpha$ -нафтола перед добавлением КОН. Для определения этих продуктов исследуемые культуры

микроорганизмов заседали на среду Кларка и инкубировали при температуре 37°C в течение 48 часов.

Третьим тестом, послужившим основанием отнести выделенные штаммы к роду *Proteus*, была способность образовывать сероводород. Применяли среду Клиггера, где индикатор феноловый красный позволяет дифференцировать грамотрицательные бактерии по их способности ферментировать глюкозу и лактозу и продуцировать сероводород. Тиосульфат натрия и сульфат железа, входящие в состав среды, усиливают образование сероводорода. Феноловый красный – индикатор pH. О ферментации глюкозы свидетельствует желтый столбик, лактозы – желтый скоп, об образовании сероводорода – почернение столбика. Посевы инкубировали при температуре 36±1°C в течение 18 часов.

Четвертым дифференциальным тестом было определение способности разжижать 12 %-ный желатин. Он имеет плотную консистенцию при температурах ниже 20°C и жидкую – при 35°C и выше. Желатин разжижается при 28°C, поэтому посевы инкубировали при 36±1°C в течение 48 часов, но перед учетом результатов их необходимо будет выдержать их около 2 часов в холодильнике

Заключительным этапом идентификации было определение ферментативной активности выделенных культур. Для этого использовали классический метод инокуляции культуры в пробирки, содержащие субстраты и индикаторы.

#### Пятый день

Установлено, что только 16 из 24 культур, выделенных нами, проявили способность дезаминировать фенилаланин (таблица 1).

При определении способности выделять сероводород у изучаемых нами 24 культур, было установлено, что в пробирках с 16 культурами столбик приобрел черную окраску, скоп стал красным, что свидетельствует об отсутствии способности у этих штаммов ферментировать лактозу и о способности выделять сероводород (таблица 1).

Изучение ферментативной активности выделенных культур показало, что, 16 штаммов не ферментировали арабинозу, маннит (рис. 3), не обладали декарбоксилазой лизина, дегидролазой аргинина и не утилизировали малонат. Выявленная вариабельность выделенных культур проявлялась по отношению к сахарозе, мальтозе (рис. 5), мочеvine и утилизации цитрата в среде Симмонса (таблица 1). Положительная реакция зафиксирована на глюкозу (рис. 4), сахарозу (рис. 6).

#### Шестой день

Постановка реакции с метилротом. По методике Баррета к 1 мл культуры добавляли 1 мл 0,6 % спиртового раствора  $\alpha$ -нафтола и 0,4 мл 40% р-ра калия гидроксида. При положительной реакции через 15 минут появляется красное (оттенки до розового) окрашивание; при отрицательной реакции окрашивание не происходит.

Для постановки реакции Фогеса-Проскауэра к 2,5 мл суточной культуры бактерий добавляли вначале 1 мл 6%-ного спиртового раствора  $\alpha$ -нафтола, а затем 0,4 см<sup>3</sup> 40%-ного водного раствора КОН. Пробирки тщательно встряхивали и спустя 3-5 минут учитывали результат. При наличии в культуре ацетилметилкарбинола (рН среды было ниже 5,0) она окрашивалась в розовый цвет (положительная реакция). Окраска культуры в желтый цвет свидетельствует об отрицательной реакции. Изолированные нами 16 культур окрашивались в розовый цвет. Это послужило одним из основных подтверждений, что выделенные микроорганизмы относятся к роду *Proteus*.

Установлена желатиназная активность у 16 выделенных культур (рис. 7) (таблица 1).

Таким образом, было установлено, что у 16 выделенных культур был выявлена способность дезаминировать фенилаланин и образовывать сероводород, ферментировать глюкозу и сахарозу; положительная реакции с метилротом и отрицательная - Фогес-Проскауэра позволила первоначально отнести штаммы к роду *Proteus*. Изучение ферментативной активности

показало, что из 16 штаммов не ферментировали лактозу, арабинозу, маннит, не декарбосилировали лизин и аргинин, не утилизировали малонат. Установлена выраженная вариабельность выделенных культур по ферментированию мальтозы, декарбосилированию орнитина, утилизации цитрата в среде Симмонса.

Таблица 1 - Биохимические свойства выделенных штаммов бактерий, отнесенных нами к роду *Proteus*

Биохимический признак	Номера штаммов															
	1	3	12	13	16	18	21	24	25	28	32	33	36	37	38	40
Подвижность	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Образование H <sub>2</sub> S	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Деаминарование фенилаланина	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Ферментация																
лактозы	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
глюкозы	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
сахарозы	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
маннита	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
мальтозы	+	+	-	+	+	-	+	-	-	+	+	+	-	-	+	-
арабиноза	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Декарбосилирование лизина	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Декарбосилирование орнитина	-	-	+	-	-	+	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+
Дегидролизация аргинина	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Утилизация малоната	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Утилизация цитрата	-	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+
Образование аммиака	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Реакция Фогес-Проскауэра	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Реакция с метилротом	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Разжижение желатина	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

Совокупность изученных тинкториальных, культурально-морфологических и биохимических позволила дифференцировать выделенные культуры, как *Proteus vulgaris* – 9 штаммов и *Proteus mirabilis* –

7 штаммов на основании способности ферментировать мальтозу и декарбоксиллировать орнитин.

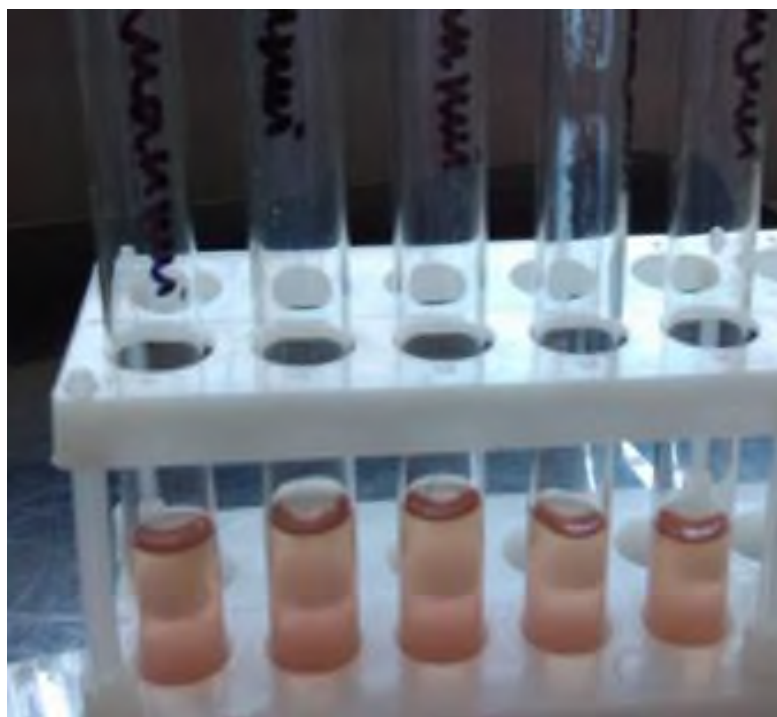
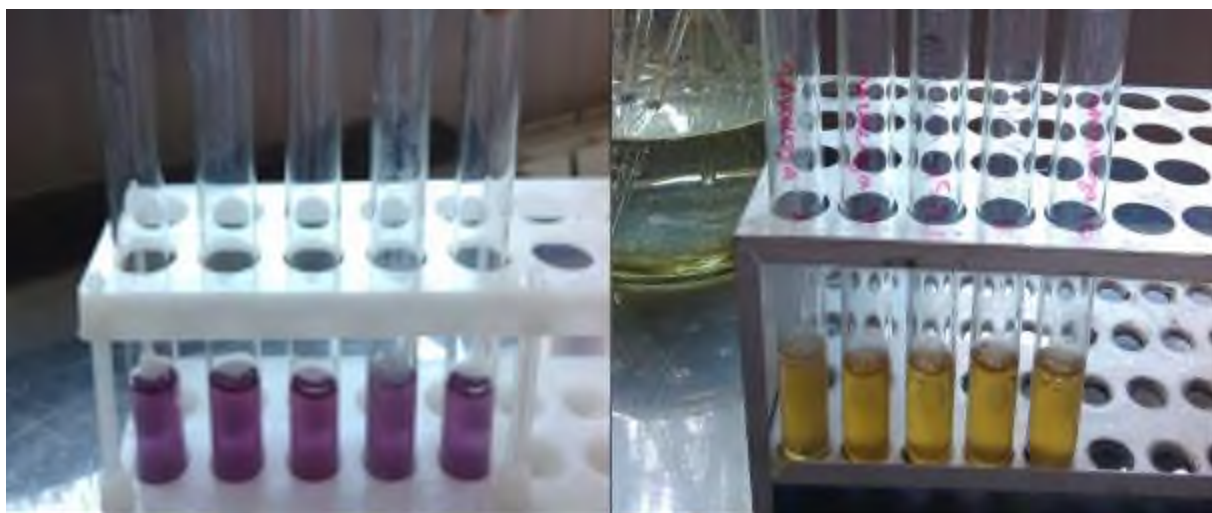


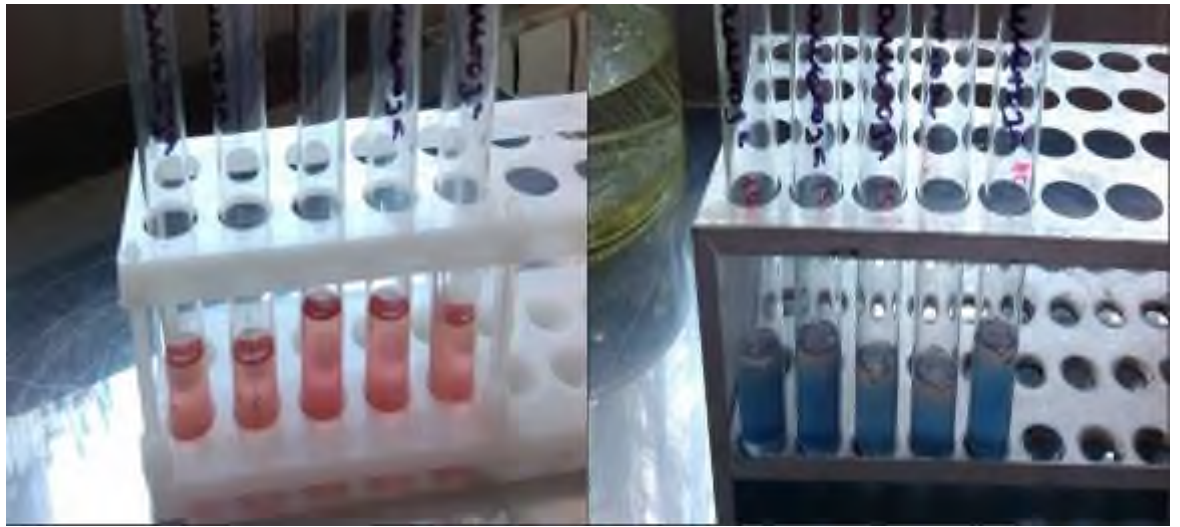
Рисунок 3 – Отсутствие ферментации маннита штаммами 28,32,33, 36,37 бактерий предположительно рода *Proteus* через 24 культивирования в условиях термостата при  $+ 36 \pm 1^{\circ}\text{C}$



А

Б

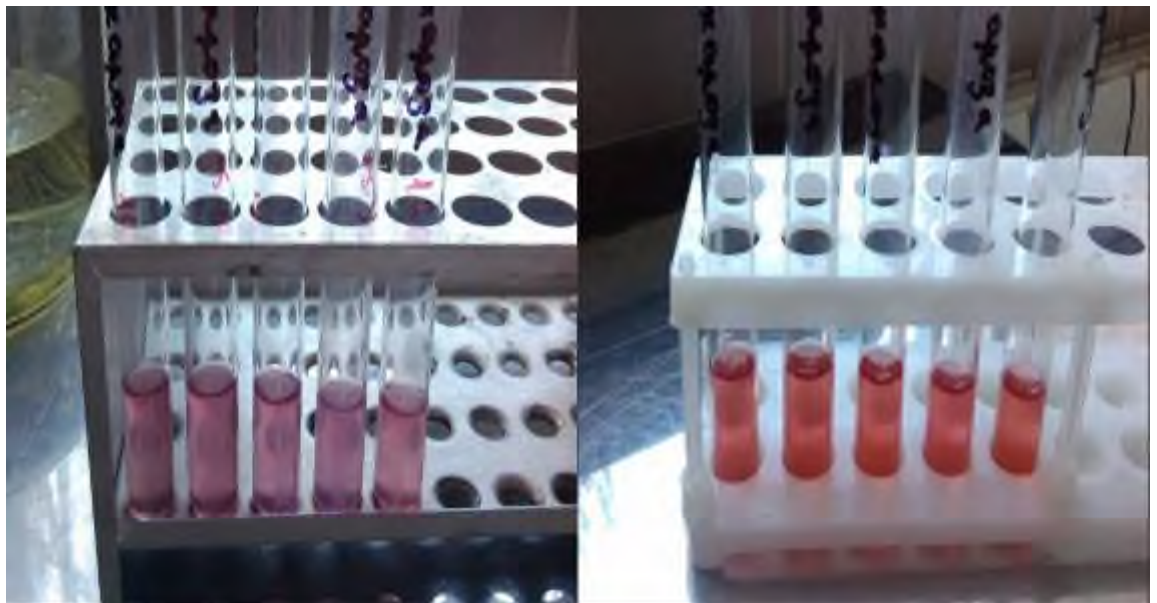
Рисунок 4 – Ферментация глюкозы штаммами 1,3, 12,13, 16 бактерий предположительно рода *Proteus*: А) вид незасеянной среды, Б) вид засеянной среды через 24 культивирования в условиях термостата при  $+ 36 \pm 1^{\circ}\text{C}$



А

Б

Рисунок 5 – Ферментация мальтозы штаммами 1,3, 13,16,21 бактерий предположительно рода *Proteus*: А) вид незасеянной среды, Б) вид засеянной среды через 24 культивирования в условиях термостата при  $+ 36 \pm 1^\circ\text{C}$



А

Б

Рисунок 6 – Ферментация сахарозы штаммами 24, 25, 28, 32, 33 бактерий предположительно рода *Proteus*: А) вид незасеянной среды, Б) вид засеянной среды через 24 культивирования в условиях термостата при  $+ 36 \pm 1^\circ\text{C}$



Рисунок 7 – Разжижение желатина штаммами 33, 36, 37, 38, 40 бактерий предположительно рода *Proteus* через 24 культивирования в условиях термостата при  $+ 36 \pm 1^{\circ}\text{C}$

Бактериологическое исследование патологического материала, фекалий и смывов животноводческих и птицеводческих хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям Ульяновской и Самарской областей позволило выделить 48 изолятов, из которых 16 штаммов бактерий были дифференцированы как бактерии рода *Proteus*. Установлено, что эти 16 культур обладали способностью давать феномен «роения» на среде Эндо и при окраске по Граму было выявлено наличие в мазках грамотрицательных палочек с закругленными концами, не образующих спор и капсул, располагающихся одиночно и попарно. Опорными тестами для идентификации бактерии рода *Proteus* являются дезаминирование фенилаланина, реакция на сероводород, с метилротом, Фогес-Проскауэра, разжижение желатина. Определение видовой принадлежности протеев на основании изучения тинкториальных, культурально-морфологических и биохимических позволило установить принадлежность 9 изолятов к виду *Proteus vulgaris* и 7 изолятов – к *Proteus mirabilis*.



Превалирование бактерий рода *Proteus* в организме сельскохозяйственных животных и птицы отрицательно сказывается на здоровье молодняка сельскохозяйственных животных и птицы, вызывая трудно поддающиеся лечению желудочно-кишечные заболевания на фоне выявления антибиотикорезистентных штаммов. Выделенные нами культуры рода *Proteus* в дальнейшей работе будут использованы для выделения специфических бактериофагов методами индукции из бактериальной культуры и выделения вирулентных бактериофагов из объектов внешней среды, из которых, в перспективе, могут быть сконструированы безопасные фаговые биопрепараты, у которых молекулярно-генетическими исследованиями было выявлено отсутствие локусов, кодирующих факторы патогенности, для диагностики, лечения и профилактики заболеваний, вызываемых протеем или протекающих с их участием.

## **1.2 ВЫДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИОФАГОВ РОДА *PROTEUS* И ПОДБОР ПАРАМЕТРОВ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ**

В первой серии экспериментов на 16 культур бактерий рода *Proteus*, которые мы исследовали как «лизогенные», воздействовали индуцирующим фактором (применяли воздействие на бактерии ультрафиолетовых лучей и митомицина С).

Анализ литературных данных свидетельствует о том, что при действии на лизогенные культуры индуцирующим фактором продукция фага в значительной степени возрастает, поэтому применяя данную методику удается выявить фаг в значительно большем проценте случаев, чем при изучении только спонтанной его продукции. Результаты исследований представлены в таблице 2.

Известно, что лизогения широко распространена среди всех систематических групп микроорганизмов, но нам не удалось выявить профаг у выделенных культур рода *Proteus*.

Таблица 2–Результаты исследований по выявлению наличия профага из штаммов бактерий рода *Proteus* методом индукции

Метод индукционно-го воздействия	Номера штаммов															
	1	3	12	13	16	18	21	24	25	28	32	33	36	37	38	40
Ультрафиолетовое облучение	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Воздействие митомицином С	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Второй этап исследований был посвящен выделению бактериофагов из объектов санитарного надзора. В качестве объектов исследований был произведен отбор 94 проб: патологического материала (трупы телят, поросят и кур, объекты санитарного надзора животноводческих и птицеводческих помещений из хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям (сточные воды, фекалии, смывы с клеток, почва с территории ферм)).

Первоначально готовили разведения из объектов исследований в мясо-пептонном бульоне в соотношении 1:10, добавляли в концентрации  $10^4$  КОЕ /мл по 1,0 мл каждого из 16 штаммов бактерий рода *Proteus*. Колбы с пробами ставили в термостат на 24 часа при температуре  $36 \pm 1$  °С. Затем пробы фильтровали через ватно-марлевый фильтр для освобождения от механических примесей. После этого содержимое колбы разливали в стерильные пробирки, центрифугировали при 3000 об./мин в течение 30 минут, далее прогревали в водяной бане при  $60 \pm 1$  °С в течение 30 минут с целью подавления роста грамотрицательных бактерий.

Каждый исследуемый фильтрат исследовался нами на наличие фага методом Отто «стекающая капля». Результаты оценивали следующим образом: - отсутствие лизиса;

+ лизис по ходу стекания капли;

++ лизис по ходу стекания капли и наличие стерильных пятен;

+++ наличие стерильного пятна и зон лизиса.

Таблица 3–Результаты исследований по выявлению наличия бактерий рода *Proteus* методом из объектов внешней среды

Метод индукционно- го воздействия	Номера штаммов															
	1	3	12	13	16	18	21	24	25	28	32	33	36	37	38	40
Проба почвы 2		++														
Проба почвы 4		+													++	
Фекалии КРС				+												
Фекалии свиней			+													
Смыв с клетки					+											
Сточные воды 1	+															
Сточные воды 5	+										++					
Сточные воды 12												+				

Примечание: + лизис по ходу стекания капли;

++ лизис по ходу стекания капли и наличие стерильных пятен;

+++ наличие стерильного пятна и зон лизиса.

Установлено, что на газоне культур 16 культур бактерий рода *Proteus* выявлены зоны лизиса (таблица 3), оцененные в +, ++ и +++ (один, два и три креста) из проб сточных вод 1 (на индикаторной культуре *Proteus vulgaris* 1 - зона лизиса ++), из пробы почвы 2 (на культуре *Proteus vulgaris* 3 – зона лизиса - +++), из фекалий КРС (на культуре *Proteus vulgaris* 13 – зона лизиса - +); смыв с клетки (на индикаторной культуре *Proteus vulgaris* 16 - зона лизиса была оценена на +++); сточные воды 12 (на культуре *Proteus vulgaris* 33 – зона лизиса - +); сточные воды 5 (на культуре *Proteus vulgaris* 28 – зона лизиса - ++); из пробы почвы 4 (на культуре *Proteus vulgaris* 38 – зона лизиса - ++); фекалии свиней (на культуре *Proteus mirabilis* 12 – зона лизиса - +).

Нами при выделении фага из объектов окружающей среды по классической методике Гольдфарба Д.М. (1961) был заменен в протоколе исследований этап высева фильтрата на 1,5 % МПА методом агаровых слоев по Грациа на метод Отто «стекающая капля». Это было сделано с целью

экономии расходных материалов и снижения трудозатрат. Также нами было установлено, что при первичном выявлении бактериофага метод Отто позволяет четко видеть наличие или отсутствие бактериофага, в то время как метод агаровых слоев затрудняет этот этап. Для подтверждения мы провели эксперименты, заключающиеся в том, что каждый из 8 фильтратов был исследован на наличие фага методом «агаровых слоев».

Установлено, что на газоне культур *Proteus vulgaris* 1, *Proteus vulgaris* 3, *Proteus vulgaris* 13, *Proteus vulgaris* 16, *Proteus vulgaris* 33, *Proteus vulgaris* 28, *Proteus vulgaris* 38, *Proteus mirabilis* 12 выявлены зоны лизиса, которые отражены на рисунках 8-9. Затраты на постановку эксперимента в несколько раз больше и при аналогичном результате, что и при применении метода Отто.

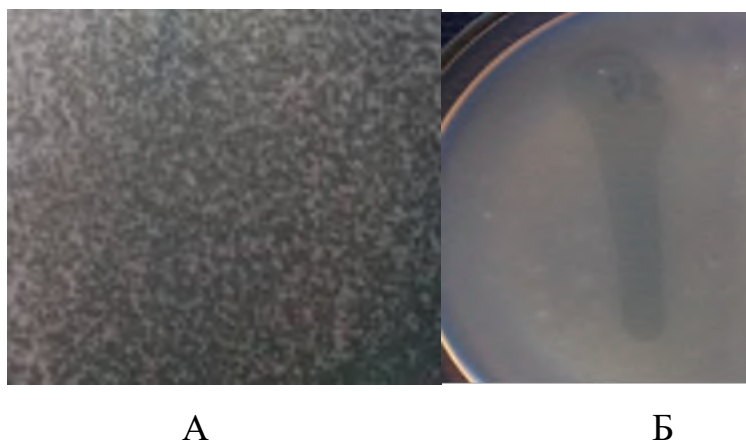


Рисунок 8 – Зоны лизиса бактериофага Pr - 2 УГСХА на культуре *Proteus vulgaris* 3: А) способ посева - метод агаровых слоев, Б) способ посева «стекающая капля» по Отто (культивирование при температуре  $36 \pm 1$  °С в течение 18 часов)

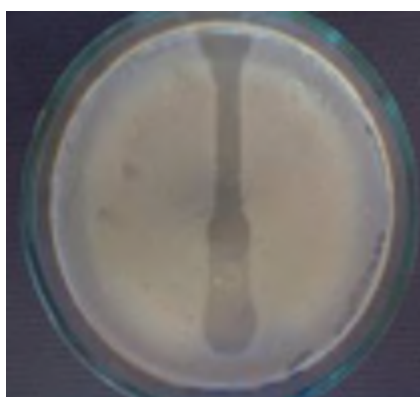


Рисунок 9 – Зоны лизиса бактериофага Pr - 4 УГСХА на культуре *Proteus vulgaris* 16: способ посева «стекающая капля» по Отто (культивирование при температуре  $36\pm 1$  °С в течение 18 часов)

Нами из 94 проб было выделено 8 бактериофагов, специфичных для штаммов *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*, которым были присвоены наименования, отраженные в таблице 9.

Таблица 9–Наименования выделенных бактериофагов

Наименование фага	Индикаторная культура	Объект выделения бактериофага
Pr - 1 УГСХА	<i>Proteus vulgaris</i> 1	Сточные воды 1
Pr - 2 УГСХА	<i>Proteus vulgaris</i> 3	Проба почвы 2
Pr - 3 УГСХА	<i>Proteus vulgaris</i> 13	Фекалии КРС
Pr - 4 УГСХА	<i>Proteus vulgaris</i> 16	Смыв с клетки
Pr - 5 УГСХА	<i>Proteus vulgaris</i> 33	Сточные воды 12
Pr - 6 УГСХА	<i>Proteus vulgaris</i> 28	Сточные воды 5
Pr - 7 УГСХА	<i>Proteus vulgaris</i> 38	Проба почвы 4
Pr – 8 УГСХА	<i>Proteus mirabilis</i> 12	Фекалии свиней

Селекция бактериофагов проводилась следующим образом. С зоны лизиса осторожно бактериологической петлей брали материал и вносили его в пробирку с 4,5 мл стерильного МПБ, туда же вносили 0,2 мл 16-18 часовой индикаторной культуры (та культура *Proteus*, на газоне которой был выявлен лизис). Далее ставился контроль: в пробирку со стерильным МБП вносили 0,2 мл индикаторной культуры. Обе пробирки ставили в термостат при ( $36\pm 1$ ) °С. Время культивирования подбирали визуально в диапазоне от 3 до 7 часов с интервалом 30 минут. Ориентиром завершения пассажа было наличие роста в контрольной пробирке. Результаты исследований представлены в таблице 10.

Таблица 10 – Результаты подбора оптимального времени культивирования системы фаг-хозяин

Наименование фага / индикаторная культура	Время культивирования, ч								
	3,0	3,5	4,0	4,5	5,0	5,5	6,0	6,5	7,0
Pr - 1 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 1	-	+	+	+	+	+	+	+	+
Pr - 2 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 3	-	+	+	+	+	+	+	+	+
Pr - 3 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 13	-	+	+	+	+	+	+	+	+

Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 16	-	+	+	+	+	+	+	+	+
Pr - 5 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 33	-	+	+	+	+	+	+	+	+
Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 28	-	+	+	+	+	+	+	+	+
Pr - 7 УГСХА/ <i>Proteus vulgaris</i> 38	-	+	+	+	+	+	+	+	+
Pr - 8 УГСХА / <i>Proteus mirabilis</i> 12	-	+	+	+	+	+	+	+	+

Эмпирическим методом нами установлено, что 3,5 часовое культивирование посевов достаточно для пассирования выделенных фагов на вышеназванных культурах, используемых нами в качестве индикаторных: *Proteus vulgaris* 1, *Proteus vulgaris* 3, *Proteus vulgaris* 13, *Proteus vulgaris* 16, *Proteus vulgaris* 33, *Proteus vulgaris* 28, *Proteus vulgaris* 38, *Proteus mirabilis* 12.

Дальнейшая наша работа проводилась с целью подбора подбора способа очистки от индикаторной культуры на этапе пассирования оптимальных параметров культивирования системы фаг-хозяин.

Известно, для инактивации бактериальной культуры применяют следующие способы: обработку пассажа фага трихлорметаном, прогреванием или мембранной фильтрацией.

Изучение устойчивости селекционированных фагов к воздействию трихлорметана проводили следующим образом: соотношение фага и трихлорметана составляли в пропорции 10:1, время воздействия 5-35 минут с 5-минутным интервалом при постоянном встряхивании пробирок и отстаивании в течение 1/5 временного интервала воздействия. Далее при помощи пипетки проводили отбор надосадочной жидкости и высевали обработанный трихлорметаном бактериофаг на МПА методом Отто на ранее приготовленный газон соответствующей индикаторной культуры. Культивировали посеvy в условиях термостата в течение 18 часов при температуре  $36 \pm 1$  °C. Наличие зоны лизиса свидетельствовало об устойчивости фагов к воздействию трихлорметана. Результаты исследований представлены в таблице 11.

Таблица 11- Устойчивость селекционированных фагов и индикаторных культур *Proteus* к воздействию трихлорметана

Название исследуемого агента	Временной интервал воздействия трихлорметана в концентрации 1:10, минут						
	5	10	15	20	25	30	35
Бактериальная культура							
<i>Proteus vulgaris 1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 3</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 13</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 16</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 33</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 28</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 38</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus mirabilis 12</i>	-	-	-	-	-	-	-
Система фаг-хозяин							
Pr - 1 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 1</i>	+	+	-	-	-	-	-
Pr - 2 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 3</i>	+	+	-	-	-	-	-
Pr - 3 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 13</i>	+	+	-	-	-	-	-
Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 16</i>	+	+	+	-	-	-	-
Pr - 5 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 33</i>	+	+	-	-	-	-	-
Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 28</i>	+	+	+	-	-	-	-
Pr - 7 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 38</i>	+	+	-	-	-	-	-
Pr - 8 УГСХА / <i>Proteus mirabilis 12</i>	+	+	+	-	-	-	-

В экспериментах также определено, что вегетативные формы индикаторных культур *Proteus* не выдерживали воздействие трихлорметана при временной экспозиции 5-35 минут. Установлено, что у фагов, специфичных к бактериям *Proteus*, зафиксированы различные показатели устойчивости к трихлорметану. Соответственно, этот метод не может применяться для очистки протейных бактериофагов, так как не является универсальным. Поэтому, длительное время, затрачиваемое на обработку бактериофагов,

заставляет продолжить поиск оптимального способа очистки бактериофагов от индикаторной культуры.

Вторым способом очистки фага от бактерий было прогревание при температуре при  $62 \pm 2$  °С в течение 30 минут. Данные параметры были нами установлены методом подбора из диапазона температур 58-75°С с интервалом в 2 °С при временном интервале 30 минут. Определено, что в течение 30 минут при  $62 \pm 2$  °С инактивируется индикаторная культура, а бактериофаг остается жизнеспособным (таблица 12).

Таблица 12 - Устойчивость селекционированных фагов и индикаторных культур *Proteus* к воздействию температурного фактора

Название исследуемого агента	Температурные параметры эксперимента при экспозиции в течение 30 минут, °С						
	58	60	62	64	66	70	75
<i>Proteus vulgaris 1</i>	+	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 3</i>	+	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 13</i>	+	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 16</i>	+	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 33</i>	+	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 28</i>	+	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 38</i>	+	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus mirabilis 12</i>	+	-	-	-	-	-	-
<i>Proteus vulgaris 1</i>	+	-	-	-	-	-	-
Система фаг-хозяин							
Pr - 1 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 1</i>	+	+	+	+	+	-	-
Pr - 2 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 3</i>	+	+	+	+	-	-	-
Pr - 3 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 13</i>	+	+	+	+	+	-	-
Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 16</i>	+	+	+	+	+	+	-
Pr - 5 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 33</i>	+	+	+	+	+	-	-
Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 28</i>	+	+	+	+	+	-	-
Pr - 7 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 38</i>	+	+	+	+	+	-	-
Pr - 8 УГСХА / <i>Proteus mirabilis 12</i>	+	+	+	+	-	-	-

Исследование осуществляли также методом Отто. Температурная обработка при вышеназванных параметрах – это эффективный по качеству,



но длительный по временным затратам метод. Поэтому, мы продолжили исследования бактериофагов, применяя метод фильтрации.

Очистку бактериофагов от бактериальных клеток, эндотоксина и балластных веществ мы осуществляли осветляющей микрофильтрацией через мембраны Владипор марки МФАС-ОС-3 с размером пор 0,8 мкм, затем МФАС-ОС-2 с размером пор 0,45 мкм, которые представляют собой мелкопористый пленочный материал, изготовленный на основе смеси ацетатов целлюлозы. Затем фаголизаты подвергали стерилизующей фильтрации с помощью фильтрующей насадки фирмы «MilliporeMillex-GP» с полиэфирсульфоновым наполнителем и диаметром пор 0,22 мкм.

Таблица 13–Подбор количественных соотношений выделенных фагов и индикаторных культур и технологические параметры их культивирования

№	Название фага / индикаторная бактериальная культура	Технологические параметры культивирования		Оптимальное количественное соотношение выделенного бактериофага и 18±2 часовой индикаторной культуры при концентрации микробных клеток равной не ниже $n \times 10^6$ (КОЕ/мл)
		временной интервал, ч	температурный режим, °С	
1.	Pr - 1 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 1</i>	3,5	36±1	0,3 мл / 0,3 мл
2.	Pr - 2 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 3</i>	3,0	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
3.	Pr - 3 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 13</i>	3,5	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
4.	Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 16</i>	3,5	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
5.	Pr - 5 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 33</i>	3,5	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
6.	Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 28</i>	3,5	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
7.	Pr - 7 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 38</i>	3,0	36±1	0,3 мл / 0,3 мл
8.	Pr - 8 УГСХА / <i>Proteus mirabilis 12</i>	3,5	36±1	0,2 мл / 0,2 мл

Экспериментально установлено, что девятикратное его пассирование с применением следующих параметров: определенное соотношение культуры и фага (таблица 13) в 4,5 мл стерильного МПБ, культивирование в течение

определенного времени (таблица 13) при  $(36\pm 1)^{\circ}\text{C}$ , позволило нам получить достаточное количество фаголизата для исследований.

Очищенные бактериофаги хранились в условиях бытового холодильника при температуре 2-4  $^{\circ}\text{C}$ .

Были проведены исследования по выявлению бактериофагов, специфических к бактериям *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*, выделенным нами ранее из патологического материала и объектов санитарного надзора. Установлено, что данные культуры не содержали профага, который мы пытались получить, применяя метод индукции. Полученные результаты не расходятся с данными исследователей, занимавшихся выделением бактериофагов семейства *Enterobacteriaceae*, утверждающих, что наиболее перспективным является методика выделения вирулентных бактериофагов из объектов окружающей среды.

Из 94 проб объектов санитарного надзора животноводческих и птицеводческих помещений из хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям было выделено 8 бактериофагов, специфичных к бактериям рода *Proteus*. Объектами для выделения вирулентных бактериофагов рода *Proteus* являются сточные воды, фекалии, смывы с клеток, почва с территории ферм.

Селекцию бактериофагов проводили десятикратным пассированием изолированных негативных колоний на МПА с перевиванием на МПБ. Оптимальное соотношение - 1:1, т.е. Время пассажа – 3,0-3,5 часа инкубирования при температуре  $36\pm 2^{\circ}\text{C}$ . Для очистки фагов от бактериальных клеток применяли три метода: обработка хлороформом (трихлорметаном), прогревание и фильтрация с применением мембранных фильтров фирмы «Millipore Millex-GP». Установлено, что наиболее эффективным способом является многоступенчатая фильтрация. У выделенных нами бактериофагов *Proteus*, будут изучены из которых, в перспективе, могут быть сконструированы безопасные фаговые биопрепараты, у которых молекулярно-генетическими исследованиями было выявлено отсутствие

локусов, кодирующих факторы патогенности, для диагностики, лечения и профилактики заболеваний, вызываемых протеем или протекающих с их участием.

### **1.3 ИЗУЧЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ БАКТЕРИОФАГОВ РОДА *PROTEUS***

#### Определение литической активности

Наиболее важным показателем из спектра изучаемых биологических свойств фагов можно считать его титр, то есть максимальное его разведение, при котором бактериофаг способен лизировать гомологичную микробную культуру.

Литическая активность сибиреязвенного бактериофага определялась нами методом титрования на жидкой среде (метод Аппельмана) и диффузии верхнем слое мягкого агара (метод агаровых слоев). Посев последовательных разведений фагового препарата с целью повышения точности эксперимента проводили трижды.

Результаты исследований представлены в таблице 14.

Литическую активность выделенного бактериофага мы оценили по его способности вызывать лизис бактериальной культуры на плотной питательной среде методом диффузии в «мягкий агар» - метод «агаровых слоев» по Грациа.

Результаты экспериментов представлены нами в таблице 14.

Проведенные исследования по определению литической активности - титра выделенных и селекционированных авторами бактериофагов рода *Proteus* методами Аппельмана и агаровых слоев по Грациа позволяют нам утверждать, что показатель литической активности варьирует в диапазоне  $4,2 \pm 0,2 \times 10^6$  до  $1,9 \pm 0,1 \times 10^9$  БОЕ/мл (по методу Грациа) и от  $10^{-5}$  до  $10^{-8}$  (по Аппельману).

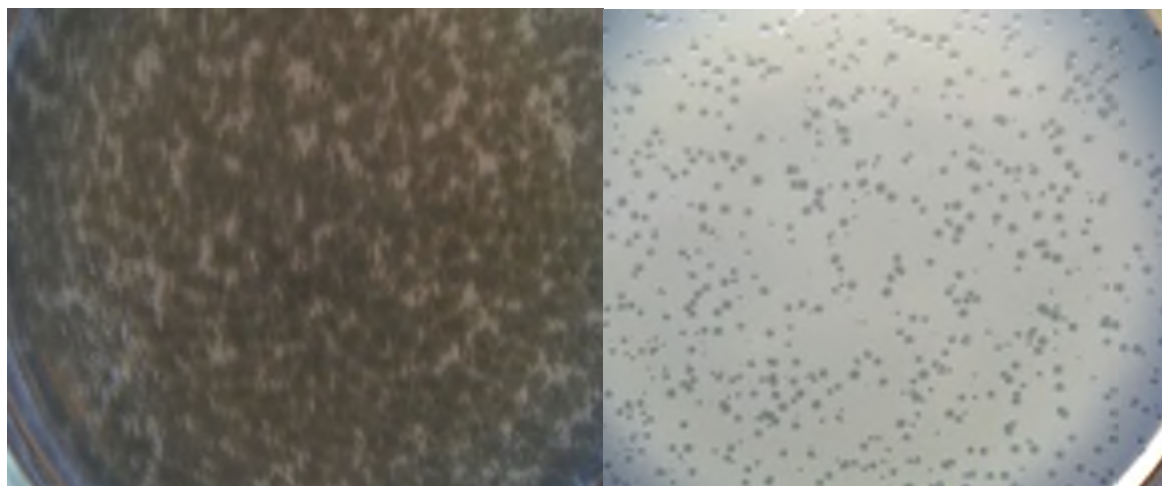
При осмотре результатов посева чашечным методом - по Грациа – мы изучили морфологию негативных колоний фагов. Этот показатель является важным критерием биологических особенностей полученных клонов

бактериофагов, позволяющая проводить скрининговые (отборочные) дифференциальные тесты бактериальных патогенов.

Установлено, что при высеве на МПА образуются негативные колонии с четким краем и прозрачным центром различного диаметра в диапазоне от  $0,2 \pm 0,1$  до  $0,6 \pm 0,1$  мм (рисунок 10).

Таблица 14 – Основная характеристика биологических свойств изучаемых протейных бактериофагов

№	Название бактериофага и индикаторной культуры, на которой он селекционируется	Результат изучения характерных биологических свойств бактериофагов рода <i>Proteus</i> на бактериальной культуре			
		Литическая активность, БОЕ /мл (по методу агаровых слоев по Грация)	Литическая активность (по методу Аппельмана)	Спектр литического действия на культуре, процент лизина 42 штаммах	Морфология негативных колоний, см
1	Pr - 1 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 1</i>	$2,3 \pm 0,1 \times 10^8$	$10^{-7}$	28,6	$0,3 \pm 0,1$
2	Pr - 2 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 3</i>	$1,7 \pm 0,2 \times 10^7$	$10^{-6}$	40,5	$0,2 \pm 0,1$
3	Pr - 3 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 13</i>	$4,5 \pm 0,1 \times 10^8$	$10^{-7}$	42,9	$0,4 \pm 0,1$
4	Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 16</i>	$1,9 \pm 0,1 \times 10^9$	$10^{-8}$	78,6	$0,4 \pm 0,1$
5	Pr - 5 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 33</i>	$5,6 \pm 0,3 \times 10^7$	$10^{-6}$	42,9	$0,3 \pm 0,1$
6	Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 28</i>	$1,3 \pm 0,2 \times 10^9$	$10^{-8}$	71,4	$0,5 \pm 0,1$
7	Pr - 7 УГСХА / <i>Proteus vulgaris 38</i>	$4,2 \pm 0,2 \times 10^6$	$10^{-5}$	50,0	$0,6 \pm 0,1$
8	Pr - 8 УГСХА / <i>Proteus mirabilis 12</i>	$3,9 \pm 0,1 \times 10^8$	$10^{-7}$	45,2	$0,3 \pm 0,1$



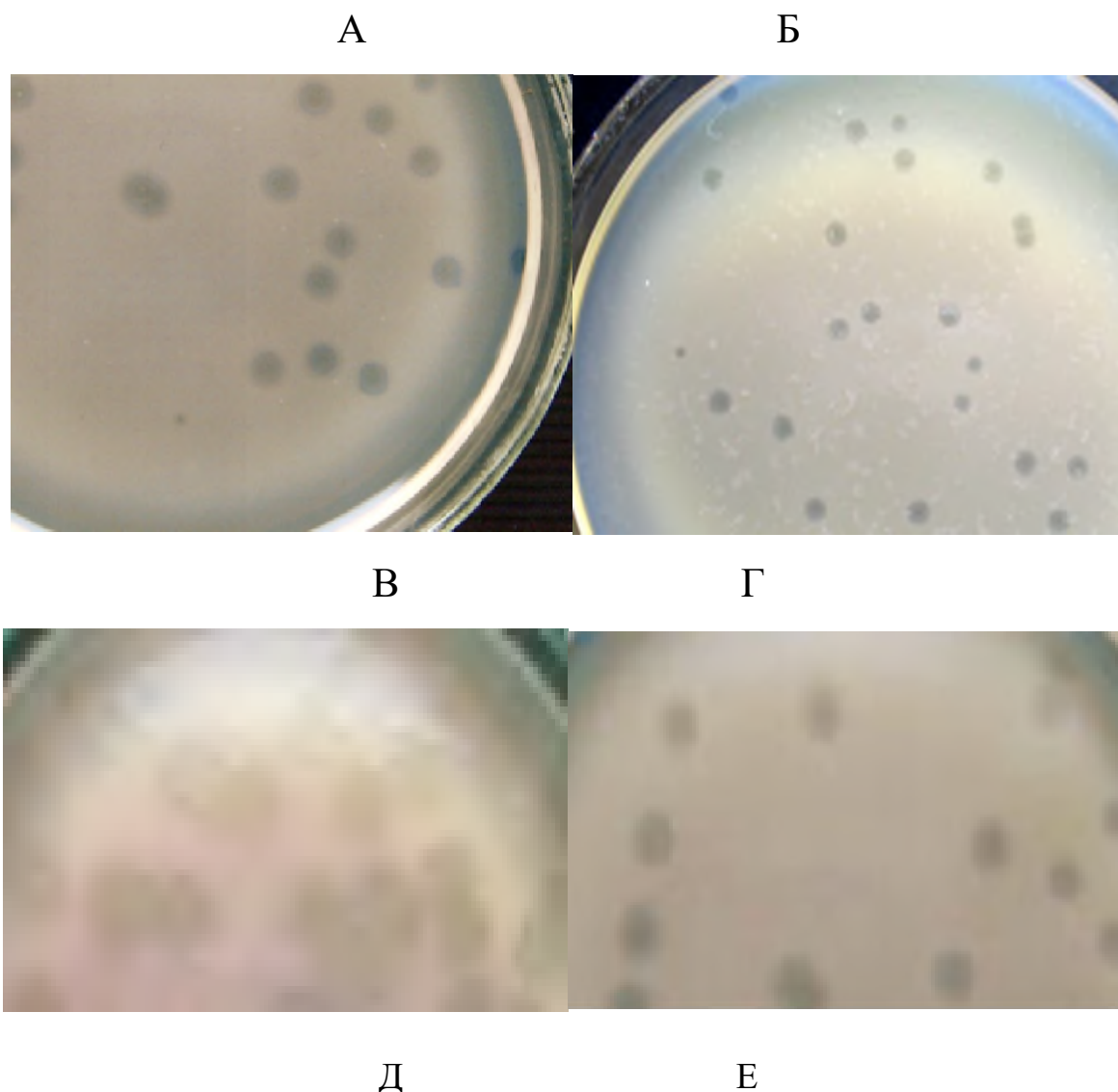


Рисунок 10 – Морфология негативных колоний фага: А) *Pr-4* УГСХА, Б) *Pr-2* УГСХА; В) *Pr-6* УГСХА; Г) *Pr-3* УГСХА, Д) *Pr-7* УГСХА, Е) *Pr-5* УГСХА (культивирование при температуре  $36 \pm 1$  °С в течение 18 часов)

### Специфичность

Важнейшей характеристикой бактериофага, составляющего биопрепарата для индикации и идентификации бактерий, является его специфичность в пределах вида. Изучение специфичности выделенных бактериофагов рода *Proteus* мы проводили на культурах гомологичного рода *Proteus* и гетерологичных родов (таблица 15).

Таблица 15 – Специфичность протейных бактериофагов

№\ №	Название вида культур, нанесенных газон на чашки Петри / количество использованных в эксперименте штаммов	Результат изучения специфичности							
		1 Pr УГСХА	2 Pr УГСХА	3 Pr УГСХА	4 Pr УГСХА	5 Pr УГСХА	6 Pr УГСХА	7 Pr УГСХА	8 Pr УГСХА
культуры гомологического семейства									
1	<i>Escherichia spp.</i> / 5 штаммов	Отсутствие зон лизиса							
2	<i>Citrobacter spp.</i> / 12 штаммов	Отсутствие зон лизиса							
3	<i>Enterobacter spp.</i> / 4 штамма	Отсутствие зон лизиса							
4	<i>Morganella spp.</i> / 13 штаммов	Отсутствие зон лизиса							
5	<i>Klebsiella spp.</i> / 8 штаммов	Отсутствие зон лизиса							
6	<i>Salmonella spp.</i> / 5 штаммов	Отсутствие зон лизиса							
7	<i>Yersinia spp.</i> / 4 штаммов	Отсутствие зон лизиса							
8	<i>Providencia spp.</i> / 9 штаммов	Отсутствие зон лизиса							
культуры гетерологических семейств									
9	<i>Staphylococcus spp.</i> / 2 штамма	Отсутствие зон лизиса							
10	<i>Streptococcus spp.</i> / 2 штамма	Отсутствие зон лизиса							
11	<i>Bacillus spp.</i> / 3 штамма	Отсутствие зон лизиса							
12	<i>Pseudomonas spp.</i> / 2 штамма	Отсутствие зон лизиса							

Экспериментальным путем нами установлено, что на чашках Петри, засеянных культурами *Escherichia spp.*, *Citrobacter spp.*, *Enterobacter spp.*, *Morganella spp.*, *Klebsiella spp.*, *Salmonella spp.*, *Yersinia spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*, *Bacillus spp.*, *Pseudomonas spp.*, *Providencia spp.* зон лизиса, при нанесении выделенных и селекционированных авторами 8 бактериофагов *Proteus* на газон вышеназванных культур, при визуальном осмотре обнаружено не было. Полученные результаты (таблица 15) свидетельствуют, что выделенные и селекционированные нами бактериофаги, строго специфичны в пределах рода *Proteus* и могут составлять биопрепарат для индикации и идентификации

вышеназванных бактерий. Особое внимание было уделено специфичности бактериофагов по отношению к бактериям *Morganella spp.*, *Providencia spp.*, которые ранее входили в одну группу.

#### Спектр специфического литического действия фага

С целью определения спектра литического действия изучаемых протейных бактериофагов были проведены исследования на 42 штаммах бактерий рода *Proteus*. Культуры для исследований готовили стандартным образом, исследования проводили методом «стекающая капля» по Отто. Параметры культивирования посевов также стандартны для всей работы. Полученные результаты были сгруппированы в таблицу 16.

Полученные данные по изучению спектра специфического литического действия свидетельствуют о том, что выделенные и селекционированные в 2016 году бактериофаги рода *Proteus* активно работают в широком диапазоне изучаемых культур. Совокупный процент лизиса у 8 бактериофагов составляет 100 %.

Также нами были проведены исследования по изучению изменения титра литической активности при хранении в условиях бытового холодильника (2-4 °С) в стеклянных флаконах с резиновыми крышками без добавления консервирующих веществ в течение 32 месяцев эксперимента. Интервал между проведением скрининговых экспериментов составлял 3 месяца. Результаты исследований систематизированы нами в таблицы 17-19.

Проведенные исследования по изменению титра литической активности при хранении в условиях бытового холодильника (2-4 °С) позволили нам установить, что изучаемые бактериофаги снижали показатель литической активности за анализируемый период в среднем на 3 порядка, однако после проведения пассирования бактериофагов с индикаторными культурами на МПБ в соотношении, указанном в таблице 13, мы наблюдали повышение показателя в среднем на 2 порядка.

Таблица 16 – Изучение спектра литического действия бактериофагов рода *Proteus*

№	Название культуры	Наличие лизиса на газоне культуры при нанесении фага							
		Pr – 1 УГ-	Pr – 2 УГ-	Pr – 3 УГ-	Pr – 4 УГ-	Pr – 5 УГ-	Pr – 6 УГ-	Pr – 7 УГ-	Pr – 8 УГ-
1.	<i>Proteus mirabilis</i> Тр. 1 Культ.	+	-	-	-	-	+	-	-
2.	<i>Proteus mirabilis</i> 95/98	-	+	-	+	-	-	+	-
3.	<i>Proteus mirabilis</i> 31/82	-	+	+	-	++	-	-	++
4.	<i>Proteus mirabilis</i> 14 3”П“	+	-	-	-	+	-	-	-
5.	<i>Proteus mirabilis</i> 4/2 3”П“	+	-	+	-	-	-	-	-
6.	<i>Proteus mirabilis</i> 31/32	-	+	-	-	-	+	++	-
7.	<i>Proteus mirabilis</i> 523	-	++	-	-	-	-	-	+
8.	<i>Proteus mirabilis</i> 491	+	-	-	-	-	+	-	-
9.	<i>Proteus vulgaris</i> Куз.с/хТр. 1 сел.	-	-	++	+	-	-	-	+
10.	<i>Proteus vulgaris</i> Куз. с/х фекал	-	-	-	-	+	-	-	-
11.	<i>Proteus vulgaris</i> 82/98	-	-	++	-	-	-	-	-
12.	<i>Proteus vulgaris</i> 3”П” №3	-	-	-	-	-	++	-	-
13.	<i>Proteus vulgaris</i> 85/98	-	+	-	+	-	-	-	++
14.	<i>Proteus vulgaris</i> 55А	++	+	-	-	-	-	+	-
15.	<i>Proteus vulgaris</i> 261	-	+	-	-	-	-	-	-
16.	<i>Proteus vulgaris</i> 1	-	-	-	-	++	-	-	-
17.	<i>Proteus vulgaris</i> 2	-	-	+	-	-	-	-	-
18.	<i>Proteus vulgaris</i> 3	-	-	-	+	+	-	++	-
19.	<i>Proteus vulgaris</i> 4	-	-	++	-	-	-	-	-
20.	<i>Proteus vulgaris</i> 5	-	+	-	-	-	-	-	-
21.	<i>Proteus vulgaris</i> 6	-	-	-	++	-	-	-	-
22.	<i>Proteus vulgaris</i> 7	-	+	-	-	+	-	-	+
23.	<i>Proteus vulgaris</i> 8	-	-	++	-	-	-	+	-
24.	<i>Proteus vulgaris</i> 9	-	+	-	-	++	-	-	-
25.	<i>Proteus vulgaris</i> 10	++	-	-	-	-	+	-	-
26.	<i>Proteus mirabilis</i> 1	-	-	+	-	-	-	++	-
27.	<i>Proteus vulgaris</i> 1 УГСХА	+	+	-	-	-	-	-	-
28.	<i>Proteus vulgaris</i> 3 УГСХА	-	+	++	-	-	-	-	-
29.	<i>Proteus mirabilis</i> 12 УГСХА	-	-	-	-	+	-	-	+
30.	<i>Proteus vulgaris</i> 13 УГСХА	+	-	+	-	-	-	-	+
31.	<i>Proteus vulgaris</i> 16 УГСХА	-	-	+	+	-	-	++	-
32.	<i>Proteus mirabilis</i> 18 УГСХА	-	-	-	-	++	-	-	-
33.	<i>Proteus vulgaris</i> 21 УГСХА	-	-	+	-	-	+	-	-
34.	<i>Proteus mirabilis</i> 24 УГСХА	+	-	+	-	-	-	+	-
35.	<i>Proteus mirabilis</i> 25 УГСХА	-	+	+	-	-	-	+	-
36.	<i>Proteus vulgaris</i> 28 УГСХА	-	++	+	-	-	+	-	+
37.	<i>Proteus vulgaris</i> 32 УГСХА	+	+	-	+	-	-	-	+
38.	<i>Proteus vulgaris</i> 33 УГСХА	+	+	-	+	+	-	-	+
39.	<i>Proteus mirabilis</i> 36 УГСХА	-	+	-	+	+	-	-	+



40.	<i>Proteus mirabilis</i> 37 УГСХА	-	-	++	+	++	-	-	-
41.	<i>Proteus vulgaris</i> 38 УГСХА	-	-	+	-	-	+	+	-
42	<i>Proteus mirabilis</i> 40 УГСХА	+	-	+	-	-	+	-	-
	Процент лизиса	28,6	40,5	42,9	78,6	42,9	71,4	50,0	45,2

Таблица 17 – Изменение литической активности протейных бактериофагов при хранении в течение 6 месяцев

№ \ №	Название бактериофага и индикаторной культуры, на которой он селекционируется	Литическая активность, БОЕ /мл (по методу агаровых слоев по Грациа)			
		перед закупориванием	через 1 месяц	через 3 месяца	через 6 месяцев
1	Pr - 1 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 1	$2,3 \pm 0,1 \times 10^8$	$2,1 \pm 0,1 \times 10^8$	$1,8 \pm 0,2 \times 10^8$	$0,2 \pm 0,1 \times 10^7$
2	Pr - 2 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 3	$1,7 \pm 0,2 \times 10^7$	$1,6 \pm 0,1 \times 10^7$	$0,8 \pm 0,1 \times 10^7$	$0,3 \pm 0,2 \times 10^7$
3	Pr - 3 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 13	$4,5 \pm 0,1 \times 10^8$	$4,3 \pm 0,2 \times 10^8$	$3,7 \pm 0,3 \times 10^8$	$2,1 \pm 0,3 \times 10^8$
4	Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 16	$1,9 \pm 0,1 \times 10^9$	$1,8 \pm 0,1 \times 10^9$	$1,1 \pm 0,1 \times 10^9$	$0,4 \pm 0,1 \times 10^9$
5	Pr - 5 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 33	$5,6 \pm 0,3 \times 10^7$	$5,2 \pm 0,2 \times 10^7$	$3,3 \pm 0,5 \times 10^7$	$0,8 \pm 0,4 \times 10^7$
6	Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 28	$1,3 \pm 0,2 \times 10^9$	$1,1 \pm 0,1 \times 10^9$	$0,5 \pm 0,1 \times 10^9$	$7,5 \pm 0,2 \times 10^8$
7	Pr - 7 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 38	$4,2 \pm 0,2 \times 10^6$	$4,1 \pm 0,1 \times 10^6$	$2,7 \pm 0,5 \times 10^6$	$0,7 \pm 0,2 \times 10^6$
8	Pr - 8 УГСХА / <i>Proteus mirabilis</i> 12	$3,9 \pm 0,1 \times 10^8$	$3,6 \pm 0,2 \times 10^8$	$1,7 \pm 0,1 \times 10^8$	$8,1 \pm 0,2 \times 10^7$

Таблица 18 – Изменение литической активности протейных бактериофагов при хранении в течение 9-18 месяцев

№ \ №	Название бактериофага и индикаторной культуры, на которой он селекционируется	Литическая активность, БОЕ /мл (по методу агаровых слоев по Грациа)			
		через 9 месяцев	через 12 месяцев	через 15 месяцев	Через 18 месяцев
1	Pr - 1 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 1	$1,1 \pm 0,1 \times 10^6$	$5,1 \pm 0,1 \times 10^5$	$1,6 \pm 0,2 \times 10^5$	$0,4 \pm 0,1 \times 10^5$
2	Pr - 2 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 3	$2,4 \pm 0,2 \times 10^6$	$1,1 \pm 0,3 \times 10^6$	$5,4 \pm 0,1 \times 10^5$	$1,7 \pm 0,2 \times 10^5$
3	Pr - 3 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 13	$1,5 \pm 0,1 \times 10^8$	$0,7 \pm 0,1 \times 10^8$	$6,5 \pm 0,2 \times 10^7$	$2,4 \pm 0,3 \times 10^7$
4	Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 16	$3,9 \pm 0,1 \times 10^8$	$3,1 \pm 0,2 \times 10^8$	$2,8 \pm 0,1 \times 10^8$	$5,1 \pm 0,4 \times 10^7$

5	Pr - 5 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 33	0,6±0,3x10 <sup>6</sup>	0,2±0,1x10 <sup>6</sup>	4,3±0,1x10 <sup>4</sup>	3,8±0,4x10 <sup>4</sup>
6	Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 28	7,1±0,2x10 <sup>8</sup>	6,3±0,1x10 <sup>8</sup>	5,6±0,1x10 <sup>8</sup>	4,1±0,2x10 <sup>8</sup>
7	Pr - 7 УГСХА/ <i>Proteus vulgaris</i> 38	0,3±0,1x10 <sup>6</sup>	2,1±0,1x10 <sup>5</sup>	1,6±0,2x10 <sup>5</sup>	0,8±0,4x10 <sup>5</sup>
8	Pr – 8 УГСХА <i>Proteus mirabilis</i> 12	6,9±0,1x10 <sup>7</sup>	5,0±0,2x10 <sup>7</sup>	3,7±0,1x10 <sup>7</sup>	2,1±0,2x10 <sup>7</sup>

Таблица 19 – Изменение литической активности протейных бактериофагов при хранении в течение 21-32 месяцев

№ \ №	Название бактериофага и индикаторной культуры, на которой он селекционируется	Литическая активность, БОЕ /мл (по методу агаровых слоев по Грациа)			
		через 21 месяц	через 24 месяца	через 28 месяцев	Через 32 месяца
1	Pr - 1 УГСХА <i>Proteus vulgaris</i> 1	1,3±0,1x10 <sup>4</sup>	1,1±0,1x10 <sup>3</sup>	0,8±0,2x10 <sup>2</sup>	0,3±0,1x10 <sup>2</sup>
2	Pr - 2 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 3	1,1±0,1x10 <sup>5</sup>	0,6±0,3x10 <sup>4</sup>	0,4±0,1x10 <sup>4</sup>	0,2±0,1x10 <sup>5</sup>
3	Pr - 3 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 13	0,5±0,1x10 <sup>7</sup>	4,5±0,1x10 <sup>6</sup>	3,7±0,2x10 <sup>6</sup>	1,2±0,2x10 <sup>6</sup>
4	Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 16	3,9±0,1x10 <sup>7</sup>	2,9±0,2x10 <sup>7</sup>	1,8±0,1x10 <sup>7</sup>	1,2±0,1x10 <sup>7</sup>
5	Pr - 5 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 33	2,6±0,3x10 <sup>4</sup>	1,8±0,3x10 <sup>4</sup>	1,2±0,5x10 <sup>4</sup>	0,4±0,1x10 <sup>4</sup>
6	Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 28	2,3±0,2x10 <sup>8</sup>	0,3±0,1x10 <sup>8</sup>	0,7±0,1x10 <sup>7</sup>	0,5±0,1x10 <sup>7</sup>
7	Pr - 7 УГСХА/ <i>Proteus vulgaris</i> 38	0,3±0,2x10 <sup>5</sup>	2,4±0,1x10 <sup>4</sup>	1,8±0,2x10 <sup>4</sup>	0,9±0,1x10 <sup>4</sup>
8	Pr – 8 УГСХА <i>Proteus mirabilis</i> 12	1,2±0,1x10 <sup>7</sup>	0,4±0,2x10 <sup>7</sup>	3,2±0,1x10 <sup>5</sup>	2±0,2x10 <sup>5</sup>

В результате проведенных исследований была создана коллекция из восьми вирулентных бактериофагов бактерий рода *Proteus*, выделенных из объектов внешней среды (сточные воды, фекалии, смывы с клеток, почва с территории ферм) животноводческих и птицеводческих помещений из хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям Ульяновской, Самарской и Пензенской областей. Авторами была оптимизирована схема выделения вирулентных бактериофагов из объектов внешней среды (этап высева центрифугата на газон индикаторной культуры

по методу Грациа – диффузия в «мягкий» агар – заменен на «стекающую каплю» по Отто; культивирования – подобраны оптимальные температурные, временные и количественные параметры, очистки и хранения выделенных бактериофагов.

Были изучены основные биологические свойства выделенных бактериофагов рода *Proteus*, включающие спектр литического действия и показатели литической активности (диапазон  $4,2 \pm 0,2 \times 10^6$  до  $1,9 \pm 0,1 \times 10^9$  БОЕ/мл (по методу Грациа) и от  $10^{-5}$  до  $10^{-8}$  (по Аппельману)), морфологию бляшкообразующих единиц (высеве на МПА образуются негативные колонии с четким краем и прозрачным центром различного диаметра в диапазоне от  $0,2 \pm 0,1$  до  $0,6 \pm 0,1$  мм), биологическую активность в отношении патогенных видов энтеробактерий и других семейств. Установлено, что выделенные и селекционированные бактериофаги *Proteus* специфичны в пределах рода, обладают перекрестным лизисом в пределах видов *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*; не лизируют культуры гомологичного семейства и представителей гетерологичных семейств. Изученные биологические свойства позволяют систематизировать биологические особенности каждого из выделенных клонов вирулентных бактериофагов. На рисунке 11 представлены укупоренные в стеклянные флаконы протейные бактериофаги.



Рисунок 11 – Выделенные бактериофаги во флаконах

## 1.4 ИССЛЕДОВАНИЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ФАГ-ХОЗЯИН И ОПРЕДЕЛЕНИЕ ФАКТОРОВ, ОКАЗЫВАЮЩИХ ВЛИЯНИЕ НА ДАННЫЙ ПРОЦЕСС

При исследовании бактериальных вирусов большое значение имеет изучение специфичности начальных этапов взаимодействия фага с клеткой. Узнавание рецепторов фагом происходит в результате ферментно-субстратной связи, а специфичность бактериофагов в определенной мере условно и зависит, вероятно, от химического строения рецепторов клетки и собственно строения фага. По-видимому, одни рецепторы требуют менее сложной структурной организации отростка фаговой частицы, другие более сложной. Возможно, одна и та же бактериальная клетка имеет рецепторы для нескольких различных фагов, каждый из которых соединяется лишь с определенными рецепторами.

Адсорбцию выделенных и селекционированных бактериофагов изучали при взаимодействии их с культурами клеток-хозяев методом, который основан на исследовании количества корпускул неадсорбированного фага в смеси бактерия-фаг.

Экспоненциально растущие бактериальные клетки *Proteus vulgaris* 16, *Proteus vulgaris* 28, *Proteus vulgaris* 38 мы смешивали с бактериофагами Pr - 4 УГСХА, Pr - 6 УГСХА, Pr - 7 УГСХА (множественность инфицирования (МОИ) = 0,001) и инкубировали при комнатной температуре. Образцы (100 мкл) отбирали через 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20, 25, 30 мин, смешивали с 850 мкл SM-буфера и 50 мкл трихлорметана. После центрифугирования надосадочную жидкость титровали для определения неадсорбированных или обратимо адсорбированных фагов Pr - 4 УГСХА, Pr - 6 УГСХА, Pr - 7 УГСХА через разные временные интервалы. Количественно адсорбцию выражали константой скорости адсорбции (k), измеряемой в мл/мин. Время адсорбции для каждого фага устанавливали индивидуально в зависимости

от процента максимальной адсорбции для конкретной смеси (фаг+клетка хозяина).

Таблица 20 - Результаты опыта по изучению скорости адсорбции селекционированных бактериофагов на клетках индикаторных культур

Название фага и микроорганизма	Время адсорбции максимального количества фага (мин)	Количество фага до адсорбции (по показателю негативных колоний) $M \pm m$	Количество неадсорбированного фага (по показателю бляшкообразующие единиц) $M \pm m$	Процент адсорбции (%)
Pr - 4 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 16	5	190,0±10,4	89,8±4,7	52,8
	6		66,7±3,1	64,9
	Константа скорости адсорбции $K = 4,2 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$			
Pr - 6 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 28	5	130,0±20,4	51,6±3,1	61,3
	6		37,3±2,4	71,3
	Константа скорости адсорбции $K = 4,1 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$			
Pr - 7 УГСХА / <i>Proteus vulgaris</i> 38	5	421,0±25,4	173,8±14,7	58,8
	6		111,4±12,1	75,6
	Константа скорости адсорбции $K = 4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$			

В результате проведенных исследований было установлено, что изучаемый бактериофаг Pr - 4 УГСХА имел показатель скорости адсорбции (таблица 20): равный  $K = 4,2 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ ; бактериофаг Pr - 6 УГСХА -  $K = 4,1 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ , фаг Pr - 7 УГСХА -  $K = 4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ .

В предварительном опыте параллельного титрования эмбихина на фаге и соответствующем бактериальном хозяине - Pr - 4 УГСХА и *Proteus vulgaris* 16 (Pr - 6 УГСХА и *Proteus vulgaris* 28, Pr - 7 УГСХА и *Proteus vulgaris* 38) устанавливалась рабочая доза препарата, т.е. то его количество, которое в 0,9 мл физиологического раствора способно за 5 минут при  $36 \pm 1 \text{ }^\circ$  С инактивировать 90-95 % фага при исходной его концентрации  $n \times 10^7$  частиц в 1 мл. В экспериментах определено, что рабочая доза эмбихина была равна 7  $\gamma$ , т.е. среднему из двух последних эффективных доз.

После определения рабочей дозы проводили основной опыт.

Результаты исследований отражены в таблицах 21-23.

Таблица 21 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага Pr - 4 УГСХА

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	126,4±6,0	
17	144,3±5,7	
20	151,6±6,1	
25	174,5±2,4	
27	190,0±10,4	31,2±3,3
29	Стерильное пятно	29,4±4,1
30	Сливной рост негативных колоний	33,1±3,2
35	Лизис	47,5±5,2
40		56,4±2,7
45		67,5±4,2
50		71,4±3,7
55		70,1±7,5
60		77,4±3,4

Таблица 22 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага Pr - 6 УГСХА

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	105,1±4,3	
17	99,2±7,3	
20	104,4±5,6	
25	111,2±4,2	
27	129,2±6,5	24,4±2,2
29	Стерильное пятно	25,2±4,1
30	Сливной рост негативных колоний	28,3±2,3
35	Лизис	37,1±4,4
40		46,4±2,5
45		39,5±2,7
50		41,2±3,4
55		51,3±5,5
60		52,4±3,7

Таблица 23 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага Pr - 7 УГСХА

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	245,5±18,2	
17	223,6±19,3	
20	254,5±15,7	
25	263,4±13,2	

27	420,1±21,2	38,1±4,4
29	Стерильное пятно	39,4±5,2
30	Сливной рост негативных колоний	35,5±3,4
35	Лизис	49,1±6,4
40		56,6±5,4
45		69,7±6,7
50		75,2±6,4
55		61,6±5,5
60		76,1±4,7

Результаты исследований представлены в таблице 24.

Таблица 24 – Показатели урожайности, латентного периода и скорости адсорбции протейных фагов

Изучаемый показатель	Название бактериофага		
	Pr - 4 УГСХА	Pr - 6УГСХА	Pr - 7УГСХА
Средняя урожайность, вирусных частиц на микробную клетку	46,0	44,0	27,5
Латентный период, минут	25	25	25
Константа скорости адсорбции, см <sup>3</sup> /мин <sup>-1</sup>	4,2	4,1	4,4

Установлено, что латентный период внутриклеточного развития фага Pr - 4 УГСХА и *Proteus vulgaris 16 УГСХА* равен 25-26 минут (таблица 24). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 25 минуту опыта равно 149,2, а при высеве с 40 по 60 минуту из пятой пробирки – 68,62. Ср. урожайность бактериофага Р- 4 УГСХА равна  $6862:149,2=46,0$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Proteus vulgaris 16 УГСХА*.

Определено, что латентный период внутриклеточного развития фага Pr - 6 УГСХА и *Proteus vulgaris 28 УГСХА* равен 25-26 минут (таблица 24). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 25 минуту опыта равно 104,9, а при высеве с 40 по 60 минуту из пятой пробирки – 46,16. Ср. урожайность бактериофага Р- 6

УГСХА равна  $4616:104,9=44,0$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Proteus vulgaris*28 УГСХА.

В экспериментах нами было выяснено, что латентный период внутриклеточного развития фага Pr - 7 УГСХА и *Proteusvulgaris*38 УГСХА равен 25-26 минут (таблица 24). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 25 минуту опыта равно 246,6, а при высеве с 40 по 60 минуту из пятой пробирки – 67,84. Ср. урожайность бактериофага Р- 7 УГСХА равна  $6784:246,6=27,5$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Proteus vulgaris*38 УГСХА.

Проведенные исследования по изучению изменения титра литической активности при хранении в условиях бытового холодильника (2-4 °С) позволили нам установить, что изучаемые бактериофаги снижали показатель литической активности за анализируемый период (32 месяца) в среднем на 3 порядка, однако после проведения пассирования бактериофагов с индикаторными культурами на МПБ в определенном соотношении, мы наблюдали повышение данного показателя в среднем на 2 порядка. Определено, что в течение 30 минут при  $62\pm 2$  °С инактивируется индикаторная культура, а бактериофаг остается жизнеспособным в пределах температурного воздействия +66 °С для фагов Р- 6 УГСХА и Р- 7 УГСХА, и +70 °С для фага Pr - 4 УГСХА.



## 2. БАКТЕРИОФАГИ РОДА *CITROBACTER*

### 2.1 ВЫДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИЙ РОДА *CITROBACTER*

Материалом для выделения бактерий рода *Citrobacter* послужили патологический материал: трупы новорожденных и погибших в первые часы жизни, а также мертворожденные поросята (от свиней свиного комплекса «Волжский» Ульяновской области); маститное молоко, взятое от животных с молочного комплекса «Красный восток» Ульяновская и речная рыба с признаками бактериальных заболеваний (рис.12).

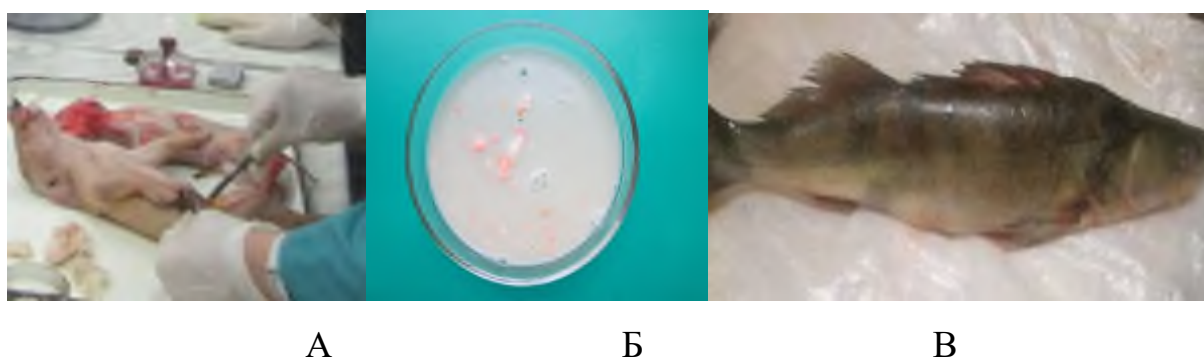


Рисунок 12 - Исследуемые пробы: А- патологический материал от свиней (мертворожденные поросята и погибшие в первые часы жизни); Б - маститное молоко от коров с молочного комплекса «Красный восток» Ульяновская область; В - речная рыба с признаками бактериальных заболеваний.

Схема бактериологической индикации применялась нами, опираясь на почти двадцатилетний опыт работы с бактериями рода *Citrobacter* и проводилась по общепринятым биологическим тестам.

Для выделения бактерий рода *Citrobacter* в чистой культуре соблюдали ряд условий:

- максимально ранний посев взятого материала;
- подбор соответствующих питательных сред для первичного посева;

- техника выполнения посева обеспечивала рост изолированных колоний.

- для культивирования посевов использовали оптимальный по температурным условиям и сроку инкубации режим.

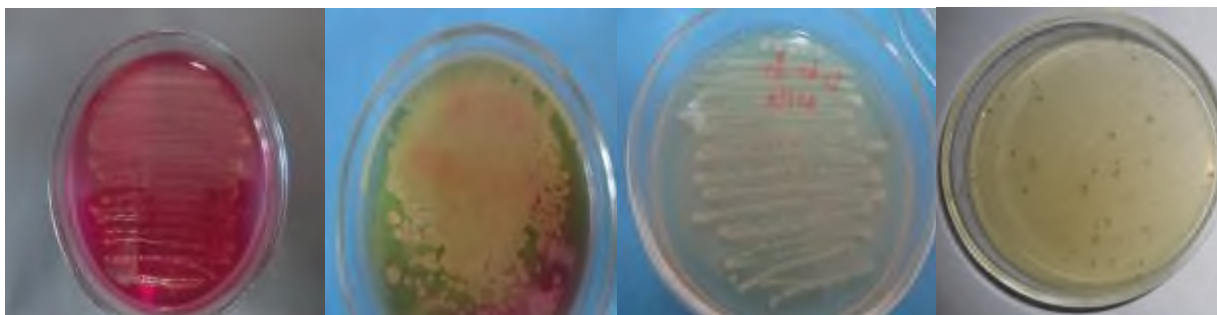
Перед проведением посева на питательные среды провели микроскопические исследования патологического материала и окрасили по методу Грама. В мазках обнаружили грамотрицательные палочки, располагающиеся одиночно и парно.

Первичный посев материала производили на селективные (Эндо, Плоскирева и Висмут-сульфит агар) общеупотребительские питательные среды – МПБ и МПА.

Посевы культивировали при температуре 37<sup>0</sup>С 24 часа в условиях термостата. По истечению указанного срока наблюдали рост колоний в S-форме на чашках Петри со средой Эндо: розовые или красные колонии без металлического блеска, а также бесцветные или сероватые колонии с розовым оттенком, с более тёмным в центре; на агаре Плоскирёва: слегка опалесцирующие выпуклые розовые колонии с тёмным центром или без него; на висмут-сульфит агаре (через 48 часов инкубации) светло-зелёные, колонии без окрашивания участка среды под колонией, пересевали в МПБ (по 3-5 колоний с чашки). При этом, рост колоний, сопровождающийся резким неприятным запахом. В случае роста указанных колоний в посевах из нескольких образцов исследования пересев делали с культур, полученных не менее чем из двух образцов. Культуры микроорганизмов инкубировали при 37<sup>0</sup>С 6-18 часов (до появления выраженного помутнения среды).

Первичные бульонные культуры (рисунок 13), полученные после пересева колоний с вышеперечисленных сред, микроскопии (производили окраску по Граму) (рисунок 14) и при наличии в мазках мелких грамотрицательных палочек с закруглёнными концами, не образующих спор и капсул, располагающихся одиночно и попарно, подвергали дальнейшему изучению с целью родовой и видовой идентификации, а также определения

патогенных свойств и антибиотикочувствительности.



А

Б

В

Г

Рисунок 13 - Рост бактерий рода *Citrobacter* на средах:  
А - на Эндо, Б- среде Плоскирева, В- на МПА; Г - на ВСА

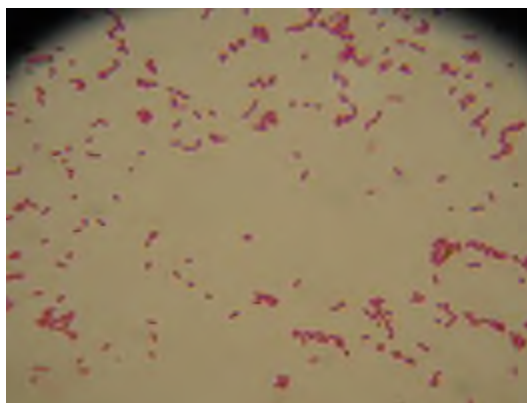


Рисунок 14 - Морфология выросших колоний, предположительно относящихся к роду *Citrobacter*

Видовую принадлежность культур устанавливали на основе определения морфологических и культурально-биохимических свойств. Ферментативные свойства изучали у 2-6 агаровых культур бактерий, выделенных из одного патологического материала, на наборе полужидких сред с углеводами и индикатором ВР, выделенные микроорганизмы ферментировали среды с глюкозой, лактозой, сахарозой, маннитом, мальтозой, а также на средах с мочевиной и сернокислым железом имели положительный результат, т.е. гидролизировали мочевины и образовывали сероводород, на агаре Симмонса утилизировали цитрат, в бульоне

Хоттингера не образовывали индол, не разжижали мясо-пептонную желатину (МПЖ), не обладали ферментом фенилаланиндезаминазой. В качестве дополнительных тестов ставили реакции с метилротом (результат положительный) и Фогес-Проскауэра (результат отрицательный), определяли наличие каталазы (результат положительный), а также определяли подвижность микроорганизмов методом укола в полужидкий агар и по методу Шукевича (результат положительный). Результаты проведенных исследований представлены в таблице 25.

Таблица 25 – Биохимические свойства выделенных бактерий, отнесенных нами к роду *Citrobacter*

№ выделенного штамма	Тест																	
	Индол	Метил-рот	Ацетонин	Цитрат	H <sub>2</sub> S	Фенилала-	Лизин	Аргинин	Орнитин	Подвиж-	Желатин	Глюкоза	Лактоза	Сахароза	Маннит	Дульцит	Рамноза	Ксилоза
культура 1	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-	+	+	+	+	-	+	+
культура 4	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-	+	+	+	+	-	+	+
культура 9	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-	+	+	+	+	-	+	+

Таким образом, было установлено, что у 3-х выделенных культур была выявлена способность утилизировать цитрат, декарбоксилировать орнитин, не проявлять лизин декарбоксилазную и аргинин дегидролазную активность, не гидролизовать желатин, ферментировать D-глюкозу с образованием кислоты и газа, расщеплять L-арабинозу, глицин, D-ксилозу, мальтозу, D-маннит, L-рамнозу, лактозу, D-сорбит, сахарозу, дульцит, образовывать индол и сероводород, не дезаминировать фенилаланин иметь положительную реакцию с метилротом и отрицательную реакцию Фогеса-Проскауэра.

Проведенные исследования, а именно: совокупность морфологических, тинкториальных, культуральных и биохимических свойств позволили дифференцировать выделенные нами 3 культуры как *Citrobacter freundii*.

Выделенные из патологического материала нами штаммы бактерий

рода *Citrobacter* по всей видимости обладают патогенными свойствами т.к. явились причиной гибели новорожденных поросят, принимали участие в развитии мастита у коров и вызвали порчу рыбной продукции. А также при посеве на кровяной МПА с целью выявления гемолитических свойств.

В результате проведенных исследований было выделено 3 штамма искомым бактериям.

Так как выделенные нами штаммы имели клиническое значение мы у выделенных микроорганизмов определяли устойчивость к антибактериальным препаратам. Согласно литературным данным бактерии рода *Citrobacter* проявляют сравнительно высокую химиорезистентность. Наибольшую устойчивость к антибиотикам проявляют *C. freundii*. У выделенных штаммов бактерий рода *Citrobacter* определяли антибиотикоустойчивость к 10 наиболее часто используемым антибиотикам (рисунок 15, таблица 26).

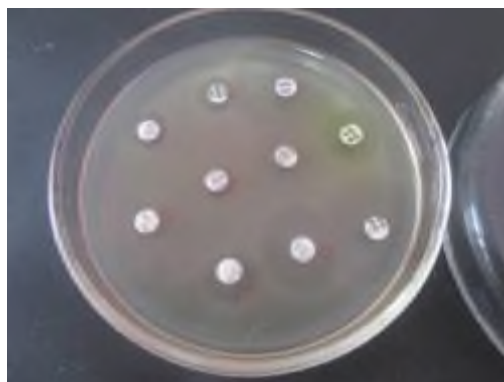


Рисунок 15– Антибиотикочувствительность 1 культуры  
(Диско-диффузионный метод)

Из проведенных исследований и таблицы видно, что выделенные культуры микроорганизмов были нечувствительны к следующим антибиотикам: оксациллину, цефазолину, ампициллину, рифампицину, амоксициллину, неомицину; слабочувствительны к - цефтриаксону, канамицину и проявляли нормальную чувствительность к ципрофлоксацину и офлаксацину, которые можно рекомендовать для проведения антибиотикотерапии. Заболевания с участием бактерий рода *Citrobacter*

можно профилактировать использованием фаговых биопрепаратов.

Таблица 26 – Результаты определения антибиотикоустойчивости выделенных микроорганизмов

№п/п	Название антибиотика	Исследуемые культуры		
		1	2	3
1.	Оксациллин	-	-	-
2.	Цефазолин	-	-	-
3.	Амоксициллин	0,7	-	-
4.	Цефтриаксон	1,8	1,0	1,1
5.	Канамицин	1,5	-	1,0
6.	Ампициллин	-	-	-
7.	Ципрофлоксацин	2,2(1,5 четкий контур и до 2,0 неполный лизис)	1,9	2,5
8.	Офлаксацин	2,7	1,5	1,8
9.	Неомицин	1,3	-	-
10.	Рифампицин	-	-	-

В связи с этим обстоятельством мы провели исследования с целью выделения бактериофагов из культур и объектов окружающей среды.

## 2.2 ВЫДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИОФАГОВ *CITROBACTER*

Материалом для выделения бактериофагов послужили: почва из загонов для лошадей, вода открытых водоемов, сточные воды, песок песочниц.

Суточные культуры бактерий рода *Citrobacter* – 3 штамма, выделенные нами из патологического материала и пищевых продуктов, питательные среды мясопептонный агар; мясопептонный бульон.

Выделение фагов из любого источника основывается на обнаружении их литического действия в отношении соответствующих микробных культур. Литическое действие искомого фага зависит от его количественного содержания в исследуемом материале и от его активности, а также от

фагочувствительности используемой тест-культуры, а также от ряда других условий. В качестве тест-культур мы использовали бактерии рода *Citrobacter* выделенные нами из патологического материала, взятого от животных.

В первой серии опытов по выделению фагов мы использовали метод индукции, т.е. мы пробовали обнаружить лизогенные культуры и бактериофаги, выделенные из таких культур, обладают, как правило, более выраженной специфичностью. При проведении исследований использовали методику, предложенную С. Лурия, Д. Дарнелл (1970), для выделения бактериофагов энтеробактерий из бактерий *Citrobacter* без воздействия на них индуцирующего фактора. Результаты, представленные в таблице 27 свидетельствуют, что из культур бактерий рода *Citrobacter* в опытах по выделению бактериофагов без воздействия на них индуцирующего фактора не приводило к появлению свободного фага.

Таблица 27- Исследование культур цитробактеров на наличие фагов методом, предложенным С. Лурия, Д. Дарнелл

№ пп	Бактериальная культура <i>Citrobacter</i>	Наличие негативных колоний или лизиса
1.	<i>Citrobacter freundii</i> № 1	-
2.	<i>Citrobacter freundii</i> № 4	-
3.	<i>Citrobacter freundii</i> № 9	-

Во второй серии опытов по выделению фагов из профага - на культуры, исследуемые как «лизогенные», воздействовали индуцирующим фактором.

Проведя эти исследования, нам не удалось выделить бактериофаги бактерий рода *Citrobacter* из имеющихся у нас штаммов бактерий *Citrobacter*. Результаты опыта представлены в таблице 28.

Таблица 28- Результаты исследований по выявлению наличия профага из штаммов бактерий *Citrobacterfreundii* методом индукции

Метод индукционного воздействия	Номера штаммов		
	<i>Citrobacter freundii</i> № 1	<i>Citrobacter freundii</i> № 4	<i>Citrobacter freundii</i> № 9
Ультрафиолетовое облучение	-	-	

Воздействие митомицином С	-	-	
---------------------------	---	---	--

Результаты, представленные в таблице 28, свидетельствуют, что при действии индуцирующего фактора на бактерии рода *Citrobacter* в наших опытах не приводили к появлению свободного фага.

Резюмируя полученные данные, можно утверждать, что мы не обнаружили явления перехода профага в свободный фаг у имеющихся штаммов бактерий по использованным схемам.

Дальнейшие исследования были посвящены выделению бактериофагов *Citrobacter* из объектов внешней среды. Исследуемый материал (почва, вода, сточные воды, песок) засеивали с бактериями рода *Citrobacter* в МПБ. Использовали метод поиска бактериофагов предложенный Грация и описанные в диссертационных работах Золотухина С.Н. (1994), Пульчеровской Л.П. (2004) и др. В литровую колбу, содержащую 0,5 литра мясопептонного бульона, добавили по 1,0 мл 18-ти часовых культур, всех имеющихся у нас штаммов *Citrobacter*. Колбу термостатировали при 37<sup>0</sup>С в течение 24 часов. Затем смесь микроорганизмов центрифугировали при 2000 об/мин в течение 30 минут, далее фильтровали. Полученный фильтрат для освобождения от сопутствующей микрофлоры использовали три способа:

- 1-й - прогревали при 60<sup>0</sup>С в течение 30 минут;
- 2-ой – обрабатывали трихлорметаном в соотношении 1:10 в течение 30 минут;
- 3-й – очистку фагов осуществляли методом фильтрации с использованием мембранных фильтров фирмы Millipore (filtertype: 0,22 μmGV). Наличие фага в фильтрате выявляли при его посеве на плотные питательные среды методом агаровых слоев.

Сточные воды фильтровали через бумажный фильтр для освобождения от механических примесей. В 1,0 литровую колбу, содержащую стерильный, МПБ в количестве 0,5 литра, вносили 50,0 мл фильтрата сточных вод и по 1,0 мл всех имеющихся у нас штаммов бактерий *Citrobacter*. Таким образом,



проба сточной воды испытывалась на наличие фагов ко всем имеющимся культурам *Citrobacter*. Колбу помещали в термостат и инкубировали в течение 24 часов при  $36\pm 1$  °С. После этого содержимое колбы разливали в стерильные пробирки, центрифугировали, одну из пробирок с супернатантом обрабатывали трихлорметаном (в разведении 1:10), вторую прогревали в водяной бане при 60°С в течение 30 минут и третью очистку фагов осуществляли методом фильтрации с использованием мембранных фильтров фирмы Millipore (filtertype: 0,22  $\mu\text{mGV}$ ). Исследуемые фильтраты исследовали методом агаровых слоёв по Грациа. Чашки ставились в термостат на 18-20 часов при  $36\pm 1$  °С. Наличие негативных колоний или зон лизиса на газоне роста индикаторной культуры свидетельствовало бы о присутствии в исследуемом материале бактериофага.

Методы освобождения исследуемого фильтрата температурой и хлороформом не позволили нам полностью освободить исследуемый материал от сопутствующей микрофлоры. Поэтому в дальнейших исследованиях использовали только метод фильтрации.

В результате исследований 7 проб объектов окружающей среды удалось по указанной схеме выявить 4 изолята искомым бактериофагов (СІТ-1, СІТ-2 СІТ-3 СІТ-4) методом фильтрации. Результаты опыта представлены в таблице 29.

Таблица 29 – Источники выделения бактериофагов *Citrobacter*

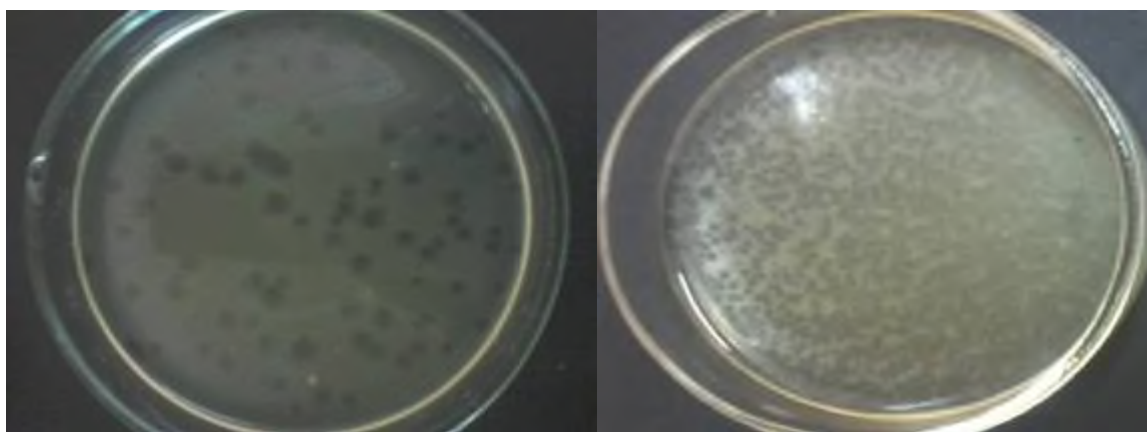
№	Индикаторный штамм	Объект выделения	Место и год выделения
1.	<i>C.freundii</i> №1	песок	п. Октябрьский Ульяновская область, 2016
2.	<i>C.freundii</i> №4	вода	р. Волга, 2017
3.	<i>C.freundii</i> №9	почва	п. Октябрьский Ульяновская область, 2017
4.	<i>C.freundii</i> №9	песок	п. Октябрьский Ульяновская область, 2016

Селекцию штаммов бактериофагов производили методом пассирования штаммов на индикаторных культурах с последующим клонированием однородных негативных колоний, типичных для каждого изолята с

периодической отбивкой типичных негативных колоний. С этой целью, готовили разведение фага в мясопептонном бульоне (рН 7,4-7,6) от  $10^{-1}$  до  $10^{-9}$ . Исследуемый фаг засеивали по методу агаровых слоёв по Грация, используя разведения  $10^{-6}$ ,  $10^{-7}$ ,  $10^{-8}$ ,  $10^{-9}$ , чтобы на питательной среде сформировались отдельные негативные колонии. После 24-часового культивирования в термостате одну негативную колонию, расположенную от других не менее чем в 10 мм, отбивали бактериологической петлёй на мясопептонный бульон, туда же вносили индикаторную культуру *Citrobacter* в количестве 0,2 мл. Одновременно ставили контроль: мясопептонный бульон, засеянный *Citrobacter*. Опытные пробирки культивировали в термостате при 37°C в течение 6 часов. Полученные фаголизаты освобождали от микрофлоры и исследовали по методу агаровых слоёв, отбирали негативную колонию идентичную исходной, с которой вновь проводили такую же операцию. Делали до 6 пассажей.

### **2.3 ХАРАКТЕРИСТИКА ВЫДЕЛЕННЫХ ФАГОВ БАКТЕРИЙ РОДА *CITROBACTER***

Морфология негативных колоний (бляшек, стерильных пятен) бактериофагов является фенотипическим признаком, поэтому она может изменяться в зависимости от условий культивирования, прежде всего от концентрации агара в плотной среде и от культуральных свойств используемого индикаторного штамма. В стандартных условиях морфология негативных колоний относительно стабильна и описание их всегда используется при характеристике бактериофагов. Морфологию негативных колоний изучали при посеве фага методом агаровых слоев по Грация на мясопептонный агар. После культивирования в термостате при температуре 37°C в течении суток. Негативные колонии были прозрачные, округлой формы с ровными краями от 1,5 до 5 мм. Результаты опыта представлены на рисунке 16 в таблице 30.



а

б

Рисунок 16 - Негативные колониобактериофагов *Citrobacter*: а- фаг №1;  
б- фаг №4

Таблица 30 - Морфология негативных колоний выделенных бактериофагов *Citrobacter*

№	Индикаторная культура	Наличие негативных колоний или лизиса	Название бактериофага
1.	<i>C.freundii</i> №1	Прозрачные негативные колонии, округлые с ровными краями, 2,5-5,0	СIT - 1
2.	<i>C.freundii</i> №4	Прозрачные негативные колонии, с ровными краями, 1,5-3,0	СIT - 2
3.	<i>C.freundii</i> № 9	Прозрачные негативные колонии с ровными краями, 1,5-2,3	СIT - 3
4.	<i>C.freundii</i> № 9	Прозрачные негативные колонии с ровными краями, 2,0-2,3	СIT - 4

Активность выделенных бактериофагов определяли по методам Грациа и Аппельмана. Результаты определения литической активности выделенных бактериофагов представлены в таблице 31. Литическая активность выделенных фагов по Грациа составила от  $6,0 \pm 0,1 \times 10^5$  до  $3,0 \pm 0,1 \times 10^9$  БОЕ/мл.

Таблица 31 – Литическая активность бактериофагов *Citrobacter*

Активность фагов	Бактериофаги			
	СIT-1	СIT-2	СIT-3	СIT-4
по Грациа, БОЕ/мл	$6,0 \pm 0,1 \times 10^5$	$6,0 \pm 0,1 \times 10^7$	$3,0 \pm 0,1 \times 10^9$	$3,0 \pm 0,1 \times 10^8$
по Аппельману	$10^{-4}$	$10^{-6}$	$10^{-8}$	$10^{-7}$

Спектр литической активности является характерной особенностью штаммов фага и его используют для их идентификации. Определение спектра литической активности проводили методом нанесения фага на газон бактериальной культуры.

Для изучения спектра литической активности четырех селекционированных фагов (CIT-1, CIT-2 CIT-3 CIT-4) мы использовали 3 полевых штамма бактерий рода *Citrobacter*. Результаты опыта представлены в таблице 32.

Таблица 32 – Спектр литической активности бактериофагов *Citrobacter*

Культуры микроорганизмов	Бактериофаги			
	CIT-1	CIT-2	CIT-3	CIT-4
<i>C. freundii</i> №1	+	+	+	+
<i>C. freundii</i> №4	+	+	+	+
<i>C. freundii</i> №9	+	+	+	+

Исследования показали, что изучаемые фаги лизировали все использованные в опыте культуры.

Видовая специфичность фагов используется в практике для дифференциации бактерий. Эта способность фагов определяется, прежде всего, сродством их к рецепторам лизируемых бактерий.

Определение видовой специфичности 4-х изучаемых бактериофагов бактерий рода *Citrobacter* (CIT-1, CIT-2 CIT-3 CIT-4) проводили на агаровых средах путём нанесения фага на газон культуры. В результате изучения специфичности выделенных бактериофагов рода *Citrobacter* (CIT-1, CIT-2 CIT-3 CIT-4) по отношению к представителям других *Morganella*, *Escherichia*, *Salmonella*, *Proteus*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Yersinia*, получены из музея кафедры микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ВСЭ УГСХА (*Proteus* 14 штамма, *Morganella* 7 штамма, *Klebsiella* 12 штамма, *Salmonella* 4 штамма, *Pseudomonas aureginosa* 8 штамма, *E.coli* 12 штамма, *Enterobacter* 14 штамма, *Y. enterocolitica* 6 штаммов). Результаты представлены в таблице 33.

Таблица 33 - Специфичность, выделенных бактериофагов *Citrobacter*

№	Вид бактерий	Количество штаммов	Штамм фага			
			CIT-1	CIT-2	CIT-3	CIT-4
1.	<i>E.coli</i>	12	-	-	-	-
2.	<i>Proteus</i>	14	-	-	-	-
3.	<i>Y.enterocolitica</i>	6	-	-	-	-
4.	<i>Morganella</i>	7	-	-	-	-
5.	<i>Salmonella</i>	4	-	-	-	-
6.	<i>Klebsiella</i>	12	-	-	-	-
7.	<i>Pseudomonas</i>	8	-	-	-	-
9.	<i>Enterobacter</i>	14	-	-	-	-

Примечания: "+" - лизис культуры;  
 "-" - отсутствие лизиса.

Установлено, что выделенные бактериофаги не лизировали ни одну из испытуемых культур других родов бактерий. На основании полученных результатов можно сделать вывод, о том, что выделенные фаги являются специфичными по отношению к бактериям рода *Citrobacter* и не активны в отношении представителям других родов бактерий.

Температурную устойчивость выделенных объектов проводили по методикам, описанным в диссертационной работе Пульчеровской Л.П. (2004) путем прогревания в ультратермостате при температуре от 60<sup>0</sup> до 90<sup>0</sup>С с интервалом 2-3<sup>0</sup>С в течение 30 минут. Результаты проведенных исследований представлены в таблице 34.

Таблица 34- Результаты определения температурной устойчивости бактериофагов *Citrobacter*

Температура, °С	Бактериофаги			
	CIT-1	CIT-2	CIT-3	CIT-4
60-62	6,9±0,1x10 <sup>5</sup>	6,6±0,1x10 <sup>7</sup>	3,2±0,2x10 <sup>9</sup>	3,9±0,3x10 <sup>8</sup>
63-65	6,4±0,1x10 <sup>5</sup>	6,2±0,2x10 <sup>7</sup>	3,0±0,3x10 <sup>9</sup>	3,3±0,2x10 <sup>8</sup>
66-68	6,1±0,2x10 <sup>5</sup>	6,0±0,1x10 <sup>7</sup>	3,0±0,3x10 <sup>9</sup>	3,1±0,1x10 <sup>8</sup>
69-71	5,4±0,2x10 <sup>4</sup>	6,4±0,3x10 <sup>6</sup>	2,2±0,2x10 <sup>8</sup>	3,0±0,2x10 <sup>7</sup>
72-74	4,4±0,1x10 <sup>3</sup>	5,2±0,4x10 <sup>5</sup>	2,0±0,2x10 <sup>7</sup>	2,3±0,1x10 <sup>6</sup>
75-77	2,4±0,2x10 <sup>2</sup>	3,1±0,1x10 <sup>3</sup>	2,8±0,1x10 <sup>6</sup>	2,9±0,2x10 <sup>5</sup>
78-80	4,4±0,2x10 <sup>1</sup>	5,2±0,3x10 <sup>2</sup>	2,0±0,1x10 <sup>4</sup>	2,3±0,1x10 <sup>3</sup>
81-83	1,0x10 <sup>1</sup>	1x10 <sup>1</sup>	1,5x10 <sup>3</sup>	2,0±0,1x10 <sup>2</sup>
84-86	-	-	1x10 <sup>1</sup>	-
87-90	-	-	-	-
Контроль фага	7,0±0,1x10 <sup>5</sup>	6,5±0,1x10 <sup>7</sup>	3,1±0,2x10 <sup>9</sup>	4,0±0,1x10 <sup>8</sup>

Из проведенных исследований видно, что выделенные и селекционированные фаги обладали примерно одинаковой температурной устойчивостью. Прогревание бактериофагов при температуре 60-68<sup>0</sup>С их активность оставалась на прежнем уровне. Далее при температуре 69-74<sup>0</sup>С активность снизилась на 2 порядка, при 75-80<sup>0</sup>С активность понизилась еще на 2 порядка, при 81-83<sup>0</sup>С активность фагов СІТ-1 и СІТ-2 упала до единичных негативных колоний, активность фагов СІТ-3 и СІТ-4 снизилась до 1,5x10<sup>3</sup> и 2,0x10<sup>2</sup> БОЕ. При температуре 84-90<sup>0</sup>С в 1 мл фаголизата активных корпускул фагов СІТ-1, СІТ-2 и СІТ-4 не обнаружено. Фаг СІТ-3 был незначительно активнее и наблюдались единичные активные корпускулы.

Бактериофаги обычно устойчивее к трихлорметану, чем клетки микроорганизмов, поэтому данный химический агент является хорошим средством для освобождения фаголизата от жизнеспособных бактерий.

Определение чувствительности к трихлорметану выделенных фагов проводили путем обработки фаговой суспензии трихлорметаном в соотношении 1:10 при постоянном встряхивании в течение 10-40 минут с шагом в 10 минут.

Накануне исследования в пробирки разливали полужидкий агар (0,7 %-ный) разливали в пробирки и 1,5 %-ный в чашки Петри. Чашки хорошо подсушивали, чтобы капли конденсата не исказили результат титрации. Агар 0,7% в пробирках расплавляли и охлаждали до 46-47<sup>0</sup>С и добавляли свежую 18 часовую культуру тест-микроба и точно отмеренное количество исследуемой жидкости с предполагаемым фагом. Содержимое пробирки тщательно перемешивали и выливали в чашку Петри с агаром равномерно распределяя его легким покачиванием чашки. После застывания агара (через 20 мин) чашки помещали в термостат при температуре 36±1 <sup>0</sup>С на 24 часа. Результаты проведенных исследований представлены в таблице 35.

Таблица 35 – Результаты определения устойчивости выделенных бактериофагов к трихлорметану

№ п/п	Бактериофаги <i>Citrobacter</i>	Обработка 10 мин	Обработка 20 мин	Обработка 30 мин	Обработка 40 мин
		% выживаемости фага	% выживаемости фага	% выживаемости фага	% выживаемости фага
1.	СІТ-1	не более 60%	не более 40%	не более 10%	-
2.	СІТ-2	не более 60%	не более 40%	не более 10%	-
3.	СІТ-3	100	100	100	100
4.	СІТ-4	не более 60%	не более 40%	не более 10%	-

Выделенные фаги бактерий рода *Citrobacter* не обладали устойчивостью к трихлорметану СІТ-1, СІТ-2 и СІТ-4 их активность падала уже через 10 минут на 40%, через 20 минут на 60% и 30 минут названных фагов сохранялись не более 10% негативные колонии и через 40 минут наблюдали полную инактивацию фагов. Фаг СІТ-3 на протяжении всего опыта сохранял свою активность на постоянном уровне. Фаг СІТ-3 на протяжении всего опыта сохранял свою активность на постоянном уровне.

При изучении спектра литического действия бактериофагов СІТ-1, СІТ-2, СІТ-3 и СІТ-4 была установлена 100 % специфичность на трех культурах. С целью получения объективного результата нами была использована коллекция бактерий рода *Citrobacter* из Всероссийского научно-исследовательского института ветеринарной санитарии, гигиены и экологии - филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный центр - Всероссийский научно-исследовательский институт экспериментальной ветеринарии имени К.И. Скрябина и Я.Р. Коваленко Российской академии наук» в количестве 30 штаммов. Был определен спектр литического действия бактериофагов на расширенной коллекции цитробактерных штаммов. Результаты исследований представлены в таблице 36, из которой видно, что выделенные и селекционированные нами в рамках Проекта бактериофаги не могут быть использованы в дальнейшей работе, так как их спектр литического действия

не поднимается до границы в 20 %.

Таблица 36 - Изучение спектра литического действия бактериофагов рода *Citrobacter*

№	Название культуры	Наличие лизиса на газоне культуры при нанесении фага			
		CIT-1	CIT-2	CIT-3	CIT-4
1.	<i>Citrobacter freundii</i> № 1	+	+	+	+
2.	<i>Citrobacter freundii</i> № 4	+	+	+	+
3.	<i>Citrobacter freundii</i> № 9	+	+	+	+
4.	<i>Citrobacter freundii</i> 1	-	-	-	-
5.	<i>Citrobacter freundii</i> 2	-	-	-	-
6.	<i>Citrobacter freundii</i> 3	-	-	-	-
7.	<i>Citrobacter freundii</i> 4	-	-	-	-
8.	<i>Citrobacter freundii</i> 5	-	-	+	-
9.	<i>Citrobacter freundii</i> 6	-	-	-	-
10.	<i>Citrobacter freundii</i> 7	-	-	-	-
11.	<i>Citrobacter freundii</i> 8	-	-	-	-
12.	<i>Citrobacter freundii</i> 9	-	+	-	-
13.	<i>Citrobacter freundii</i> 10	-	-	-	-
14.	<i>Citrobacter diversus</i> 1	-	-	-	-
15.	<i>Citrobacter freundii</i> 11	-	-	-	+
16.	<i>Citrobacter freundii</i> 12	-	-	-	-
17.	<i>Citrobacter freundii</i> 13	-	-	-	+
18.	<i>Citrobacter freundii</i> 14	-	-	-	-
19.	<i>Citrobacter freundii</i> 15	-	-	-	-
20.	<i>Citrobacter freundii</i> 16	-	-	-	-
21.	<i>Citrobacter freundii</i> 17	-	-	-	-
22.	<i>Citrobacter freundii</i> 18	-	-	-	-
23.	<i>Citrobacter freundii</i> 19	-	-	-	-
24.	<i>Citrobacter freundii</i> 20	-	-	-	-
25.	<i>Citrobacter freundii</i> 21	-	-	-	-
26.	<i>Citrobacter freundii</i> 22	-	-	+	-
27.	<i>Citrobacter freundii</i> 23	-	-	-	-
28.	<i>Citrobacter freundii</i> 24	-	-	-	-
29.	<i>Citrobacter diversus</i> 2	-	-	-	-
30.	<i>Citrobacter diversus</i> 3	-	-	-	-
	Процент лизиса	10,0	14,7	16,6	16,6

Выделенные и селекционированные фаги бактерий рода *Citrobacter* обладали выраженной специфичностью к штаммам не лизировали представителей родов *Morganella*, *Escherichia*, *Salmonella*, *Proteus*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Yersinia* были устойчивы к нагреванию до 71<sup>0</sup>С в течение 30 минут. Не обладали устойчивостью к трихлорметану CIT-1, CIT-2 и CIT-4 их активность падала уже через 10 минут на 40%, через 20 минут на



60% и 30 минут названных фагов сохранялись не более 10% негативные колонии и через 40 минут наблюдали полную инактивацию фагов. Фаг СІТ-3 на протяжении всего опыта сохранял свою активность на постоянном уровне.

### **3. БАКТЕРИОФАГИ *YERSINIA ENTEROCOLITICA***

#### **3.1 ВЫДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИЙ ВИДА *Y. ENTEROCOLITICA* И ИЗУЧЕНИЕ ИХ БИОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ**

Выделение бактерий вида *Y. enterocolitica* производилось нами для применения в последующем полученных штаммов в качестве индикаторных бактериальных культур при изучении биологических свойств гомологичных бактериофагов.

Первичные посева осуществляли прямым методом на среды Эндо, и агар с бромтимоловым синим (БТС), инкубировали при температуре 28 °С в течении 24 - 48 часов. Дополнительно в связи с тем, что метод прямого посева редко приносит положительный результат, а недостатком классического метода холодого обогащения является его длительность (15 суток), мы использовали метод «холодового удара». Для этого пробирки с исследуемым материалом на 18 часов помещали в морозильную камеру при -18°С. После оттаивания материал также засевали на среды Эндо, и агар с бромтимоловым синим.

На агаре Эндо вырастали мелкие, округлые, росинчатые бесцветные колонии (рисунок 20). На вторые сутки колонии увеличивались в диаметре, и приобретали розовый оттенок. На среде с бромтимоловым синим, вырастали круглые, гладкие матовые колонии голубого цвета (рисунок 18), в диаметре до 2 мм, а через 48 часов роста колонии приобретали голубовато-зеленые оттенки. На рисунках 17, 19 изображен рост бактериальных штаммов *Ye* 1-3 и *Ye*-3 на среде Плоскирева и средах Симонса и Клиглера.

По истечении времени культивирования характерные для иерсиний указанные колонии засевали в МПБ. Культуры микроорганизмов инкубировали при 22 °С 12-18 часов.



Рисунок 17 - Бактериальная культура - Ye-3 на среде Плоскирева



Рисунок 18 - Бактериальная культура - Ye-3 на среде Левина

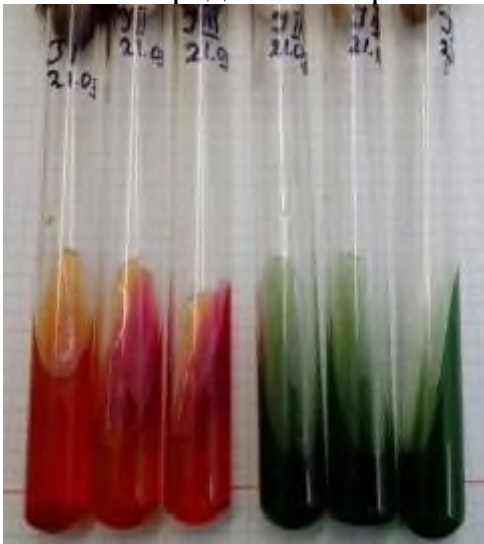


Рисунок 19 - Бактериальная культура Ye 1-3 на средах Симонса и Клиглера

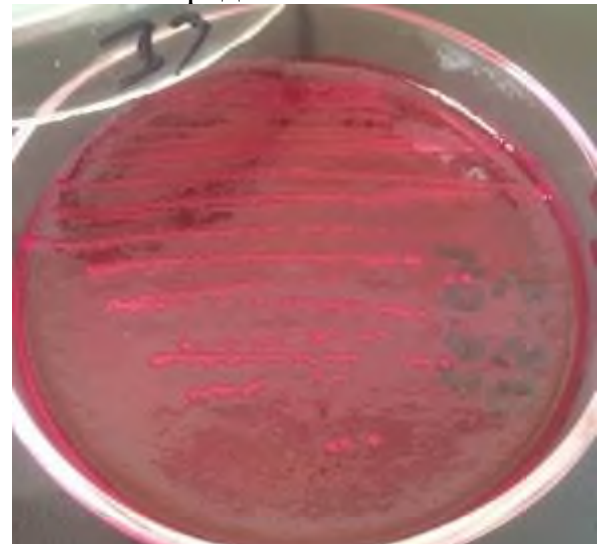


Рисунок 20 - Бактериальная культура Ye-3 на среде Эндо

Морфологию клеток иерсиний определяли микроскопией мазков, окрашенных по Грамму (рисунок 21-23). Мазки готовили из 18-24 часовых бульонных и агаровых культур выращенных при комнатной температуре.

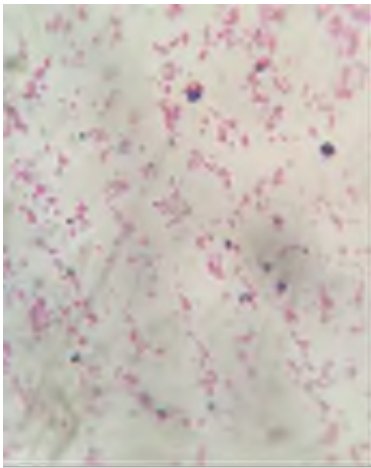


Рисунок 21 -  
Микроскопия  
окрашенного по Грамму  
мазка выделенного  
штамма Ye – 1

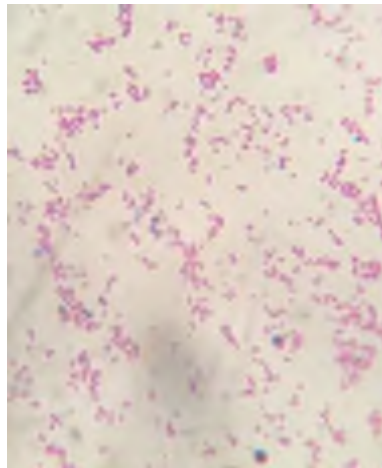


Рисунок 22 -  
Микроскопия  
окрашенного по Грамму  
мазка выделенного  
штамма Ye – 2

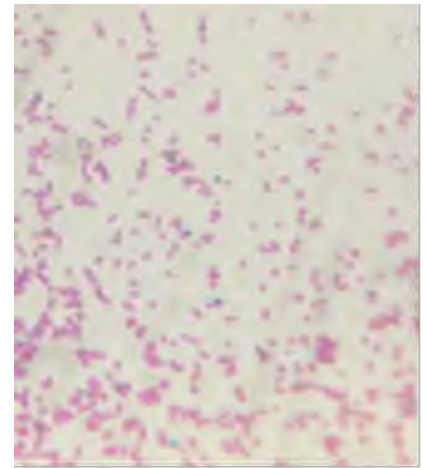


Рисунок 23 -  
Микроскопия  
окрашенного по Грамму  
мазка выделенного  
штамма Ye – 3

Видовую принадлежность чистых культур устанавливали, опираясь на морфологические, культуральные и биохимические свойства.

Биохимические свойства культур определяли при температуре 28°C в течении 48 часов на средах Гисса, а также на средах с мочевиной, серно-кислым железом, агаре Симмонса, МПЖ, среде с фенилаланином. В качестве дополнительных тестов ставили реакции с метилротом, тесты Фогеса-Проскауера, тест на подвижность, наличие орнитиндекарбосилазы и ферментации инозита при 26 и 37°C.

Бактерии вида *Y. enterocolitica* на окрашенных мазках были представлены небольшими грамотрицательными палочками, подвижными при 22-28°C и неподвижными при 37°C.

Данные бактерии не образовывали сероводорода, ферментировали, без образования газа, глюкозу и сахарозу, не ферментировали лактозу, рамнозу, раффинозу и салицин, не гидролизировали эскулин, оксидазоотрицательные, продуцировали нитратредуктазу и уреазу, при отсутствии фенилаланиндезаминазы и пиразинамидазы.

Нами было исследовано более 30 проб и выделено 3 штамма бактерий *Y. enterocolitica*.

Выделенные нами культуры рода *Y. enterocolitica* в дальнейшем будут использованы в качестве индикаторных культур при выделении бактериофагов из объектов окружающей среды.

### **3.2 ВЫДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИОФАГОВ *Y. ENTEROCOLITICA* И ПОДБОР ПАРАМЕТРОВ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ**

Цель работы – выделение фагов активных в отношении *Y. enterocolitica*, которые могут быть использованы в перспективе для конструирования терапевтического биопрепарата.

Задачи:

- изучить способность индикаторных штаммов продуцировать свободный фаг;
- изучить способность индикаторных штаммов *Y. enterocolitica* выделять профаг под воздействием индукции;
- выделить иерсиниозные бактериофаги;
- подобрать способы освобождения фагов от индикаторной культуры и параметры культивирования выделенных иерсиниозных бактериофагов.

При работе с индикаторными культурами первым шагом является проверка штаммов их на способность к лизогении, как к спонтанной (без индуцирующего агента) так в присутствии физических и химических индуцирующих факторов.

Для начала использовали методику, для выделения бактериофагов из бактерий вида *Y. enterocolitica* без воздействия на них индуцирующего фактора. В результате проведенных экспериментов свободного фага из культур бактерий вида *Y. enterocolitica* выявлено не было (таблица 37).

Далее на исследуемые культуры, воздействовали индуцирующим фактором. В качестве индуцирующих агентов использовали ультрафиолетовые лучи (УФ-лучи) и митомицин С.

Источником УФ-лучей служила ртутно-кварцевая лампа, дающая не менее 90 % излучаемой энергии, с длиной волны 254 нм. На суточные культуры *Y. enterocolitica* разведенные в фосфатном буфере в отношении 1:100 воздействовали УФ-лучами от 20 до 50 секунд с интервалами в 10 секунд. Облученные взвеси культур термостатировали, после чего смешивали со индикаторными штаммами в отношении 1:200, выдерживали в термостате в течение 18-20 часов при 28°C, после чего фильтровали через бактериальные фильтры с диаметром пор 0,2 мкм. Полученный фильтрат исследовали на наличие фага культурах *Y. enterocolitica* методом Отто. В наших опытах установлено, что воздействию ультрафиолетовых лучей на бактерии *Y. enterocolitica* не приводило к появлению зон лизиса (таблица 37).

В качестве химического агента воздействия использовали митомицин С в дозе 0,5 мкг/мл. Исследуемые штаммы засеивали в пробирки со стерильным МПБ, с содержанием 0,5 мкг/мл митомицина С. После инкубации пробирок в течение 6 ч при 28 °С содержимое пробирок центрифугировали (5000 об./мин) и фильтровали через бактериальные фильтры с диаметром пор 0,2 мкм. Суспензии индикаторных штаммов *Y. enterocolitica* наносили в объеме 0,5 мл на поверхность питательного агара в чашках Петри и втирали досуха шпателем. Чашки делили на 4 сектора, на которые наносили по 20 мкл содержимого пробирок. После инкубации чашек в течение 24 ч при 28 °С зон лизиса на бактериальном газоне обнаружено нами не было, что свидетельствует об отрицательном результате (таблица 37).

Анализируя полученные данные, можно утверждать, что мы не обнаружили явления выхода свободного фага и перехода профага в свободный фаг у имеющихся штаммов бактерий по данным схемам.

Таблица 37 - Исследование культур *Y. enterocolitica* на наличие профага с использованием индуцирующего фактора и без него

№ пп	Штаммы <i>Y. enterocolitica</i>	Наличие негативных колоний или лизиса					
		Воздействие УФ-лучей				Воздействие митомицином С	Выделение свободного фага
		20 сек	30 сек	40 сек	50 сек		
1	<i>Y. enterocolitica</i> <i>Ye – 1</i>	-	-	-	-	-	-
2	<i>Y. enterocolitica</i> <i>Ye – 2</i>	-	-	-	-	-	-
3	<i>Y. enterocolitica</i> <i>Ye – 3</i>	-	-	-	-	-	-

Далее наши исследования были направлены на выделение бактериофагов *Y. enterocolitica* из объектов внешней среды.

Жидкие пробы (бытовые сточные воды, воду открытых водоемов) фильтровали через бумажный фильтр для освобождения от механических примесей в случае необходимости. В 1,0 литровую колбу, содержащую стерильный, МПБ в количестве 0,5 литра, вносили 50,0 мл фильтрата либо навеску 50,0 г, в случаях исследования фекалий животных и проб почвы с выгульных площадок для животных и по 1,0 мл, индикаторных штаммов бактерий. Колбу инкубировали в термостате в течении 24 часов при 37°C. После этого содержимое колбы разливали в пробирки, центрифугировали при 3000 об/мин в течении 30 минут, шприцом отбирали надосадочную жидкость и фильтровали с помощью бактериального фильтра в стерильную пробирку. Фильтраты исследовали по методу Отто. Чашки помещали в термостат на 18-20 часов при 37°C. Наличие негативных колоний или зон лизиса на газоне роста индикаторной культуры свидетельствует о присутствии в исследуемом материале бактериофага (рисунок 24).

При исследовании 30 проб объектов внешней среды удалось по указанной схеме выделить 5 изолятов фагов *Y. enterocolitica*.

Селекцию бактериофагов и повышение их литической активности проводили пассированием фага на индикаторной культуре по методике, описанной и использованной И.М. Габриловичем и С.Н. Золотухиным.

С зоны – изолированной негативной колонии бактериологической петлей брали материал и вносили в пробирку с 4,5 мл МПБ, туда же вносили 0,5 мл 16-18 часовой индикаторной культуры. В качестве контроля использовали стерильным МБП куда вносили 0,5 мл индикаторной культуры.



Рисунок 24 - Негативные колонии фага в зоне «стекающей капли».

Обе пробирки термостатировали при 37 °С. Время культивирования подбирали визуально в диапазоне от 4 до 7 часов с интервалом 30 минут. Ориентиром завершения пассажа было наличие роста (помутнение среды) в контрольной пробирке. Результаты исследований представлены в таблице 38. Таблица 38 – Подбор оптимального времени пассирования ирсиниозных фагов на индикаторной культуре.

№ пп	Фаг	Время культивирования, ч						
		4,0	4,5	5,0	5,5	6,0	6,5	7,0
1	Ye2-f1	-	-	-	-	+	+	+
2	Ye3-f2	-	-	-	-	+	+	+
3	Ye2-f3	-	-	-	-	+	+	+
4	Ye1-f4	-	-	-	-	+	+	+
5	Ye2-f5	-	-	-	-	+	+	+

Таким образом, 6 часов достаточно для культивирования выделенных фагов на индикаторных культурах *Y. enterocolitica*.

Следующим этапом работы служил подбор оптимального способа освобождения фаголизата от клеток индикаторной культуры.

Стандартно для этих целей применяют прогревание, обработку трихлорметаном или фильтрацию через бактериальные фильтры.

Для установления чувствительности или устойчивости фагов к воздействию трихлорметана и оценке возможности применения этого метода для инактивации бактериальных клеток обрабатывали фаголизат хлороформом в соотношении 10:1 при постоянном помешивании в течение 5 – 40 минут с 5 минутным интервалом. После чего устанавливали активность исследуемых фагов методом Отто. Наличие зон лизиса свидетельствовало об устойчивости фагов к воздействию хлороформа. Результаты представлены в таблице 39.

Таблица 39 - Устойчивость бактериофагов бактерий *Y. enterocolitica* к воздействию трихлорметана

№ пп	Фаголизат	Временной интервал воздействия трихлорметана в концентрации 1:10, минут							
		5	10	15	20	25	30	35	40
1.	Ye2-f1	+	+	+	+	+	+	+	+
2.	Ye3-f2	+	+	+	+	+	+	+	+
3.	Ye2-f3	+	+	+	+	+	+	+	+
4.	Ye1-f4	+	+	+	+	+	+	+	+
5.	Ye2-f5	+	+	+	+	+	+	+	+
	<b>Культура</b>								
1.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 1	-	-	-	-	-	-	-	-
2.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2	-	-	-	-	-	-	-	-
3.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 3	-	-	-	-	-	-	-	-

В результате эксперимента установлено, что индикаторные культуры бактерий *Y. enterocolitica* не выдерживали воздействие трихлорметана даже при минимальной временной экспозиции, в то время как все 5 исследуемых фагов проявили выраженную устойчивость к воздействию хлороформа в



течение 40 минут, что позволяет использовать данный способ для очистки ирсиниозных бактериофагов от индикаторных культур.

Следующим способом очистки фаголизата является его прогревание в течении фиксированного времени (30 минут), которое приводит к уничтожению бактерий и не влияет на литическую активность фагов.

Определение температурной устойчивости ирсиниозных фагов проводили по следующей схеме: 11 пробирок с фагом в разведении 1:10 с МПБ прогревали на водяной бане в течение 30 минут при температуре в интервале от 56 до 80 °С с шагом 2 – 3 °С. После прогревания активность бактериофага определяли по методу Отто на индикаторных культурах.

В результате исследований было установлено (табл. 40), что прогревание индикаторных культур в течение 30 минут при температуре 58 °С ведет к их полной инактивации, однако бактериофаги Ye3-f2, Ye2-f5 и Ye2-f3 так же не обладают термостабильностью и погибают при воздействии температуры выше 60°С. В то время как тридцатиминутное воздействие на бактериофаги Ye2-f1 и Ye1-f4 даже температурой 70 °С оставляет их жизнеспособными.

Таблица 40 - Температурная устойчивость бактериофагов бактерий *Y. enterocolitica*

№ пп	Фаголизат	Воздействие температуры, °С								
		56	58	60	63	65	68	70	75	80
1.	Ye2-f1	+	+	+	+	+	+	+	-	-
2.	Ye3-f2	+	+	-	-	-	-	-	-	-
3.	Ye2-f3	+	+	+	-	-	-	-	-	-
4.	Ye1-f4	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5.	Ye2-f5	+	+	-	-	-	-	-	-	-
	<b>Культура</b>									
1.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 1	+	-	-	-	-	-	-	-	-
2.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2	+	-	-	-	-	-	-	-	-
3.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 3	+	-	-	-	-	-	-	-	-

В связи с полученными данными и отсутствием универсальной составляющей для всех выделенных ирсиниозных бактериофагов по показателю устойчивости к воздействию температуры, мы не можем рекомендовать этот способ как оптимальный. Воздействие на фаголизаты трихлорметаном является эффективным способом очистки его от индикаторной культуры, однако время обработки и время подготовки к ней складывается в существенные временные затраты, поэтому в последующей работе для очистки фаголизатов мы использовали бактериальные фильтры с диаметром пор 0,2 мкм.

При установлении технологических параметров культивирования ирсиниозных фагов с индикаторной культурой обращали внимание на время (оптимальное время пассажа 6 часов) и температуру (оптимальная температура  $36\pm 1$  °С) культивирования. Шестикратное пассирование фагов на индикаторной культуре при применении определенных параметров соотношения культуры и фага (табл. 41) в 4,5 мл стерильного МПБ, позволило нам получить достаточное количество фаголизата для исследований.

Таблица 41 – Подбор оптимального соотношения выделенных фагов и индикаторных культур и технологические параметры их культивирования

№ пп	Фаг	Технологические параметры культивирования		Оптимальное соотношение выделенного бактериофага и $18\pm 2$ часовой индикаторной культуры при концентрации микробных клеток равной не ниже $n \times 10^6$ (КОЕ/мл)
		временной интервал, ч	температурный режим, °С	
1.	Ye2-f1	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,5 мл
2.	Ye3-f2	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл
3.	Ye2-f3	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 1,0 мл
4.	Ye1-f4	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,5 мл
5.	Ye2-f5	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,5 мл

Очищенные фаголизаты хранили в условиях бытового холодильника при температуре 2-4 °С.

В результате исследований 30 проб объектов внешней среды удалось выделить 5 изолятов фагов активных в отношении бактерий *Y. enterocolitica*. Объектами выделения были сточные воды свиноводческих ферм и животноводческих комплексов, сточные воды канализации и фекалии животных.

Селекцию бактериофагов проводили пассированием изолированных негативных колоний на МПА с периодическим отивкой их на МПБ. Оптимальное соотношение культивирования фаг/культура от 1:1 до 1:5 для разных фагов, время пассажа – 6 часов при температуре 36±1 °С. Для очистки фагов от бактериальных клеток применяли различные методы (обработка трихлорметаном, прогревание, фильтрация), но оптимальным посчитали фильтрацию через бактериальные фильтры с диаметром пор 0,2 мкм.

### **3.3 ИЗУЧЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ БАКТЕРИОФАГОВ БАКТЕРИЙ ВИДА *Y. ENTEROCOLITICA***

Цель исследований – изучение биологических свойств ирсиниозных бактериофагов

Задачи:

1. изучить морфологию негативных колоний выделенных ирсиниозных бактериофагов;
2. определить литическую активность бактериофагов в отношении бактерий *Y. enterocolitica*;
3. изучить диапазон литического действия выделенных бактериофагов бактерий вида *Y. enterocolitica*;
4. определить специфичность действия ирсиниозных бактериофагов;
5. изучить изменения титра литической активности фагов в отношении *Y. enterocolitica* при хранении.

### **Морфология негативных колоний**

Морфологию негативных колоний фагов изучали, при посевах фагов методом агаровых слоев. В пробирку с расплавленным 0,7% МПА вносили 1мл фага в разведении  $10^9$  и 0,5 мл индикаторной суточной бульонной культуры. Содержимое пробирки тщательно перемешивали и выливали на поверхность 1,5% МПА. После застывания агара чашки помещали в термостат. Учет производился спустя сутки после инкубации при температуре  $37^{\circ}\text{C}$ . Негативные колонии, образуемые изучаемым бактериофагами имеют различную морфологию. Результаты представлены, а таблице 42 и на рисунках 25-29.

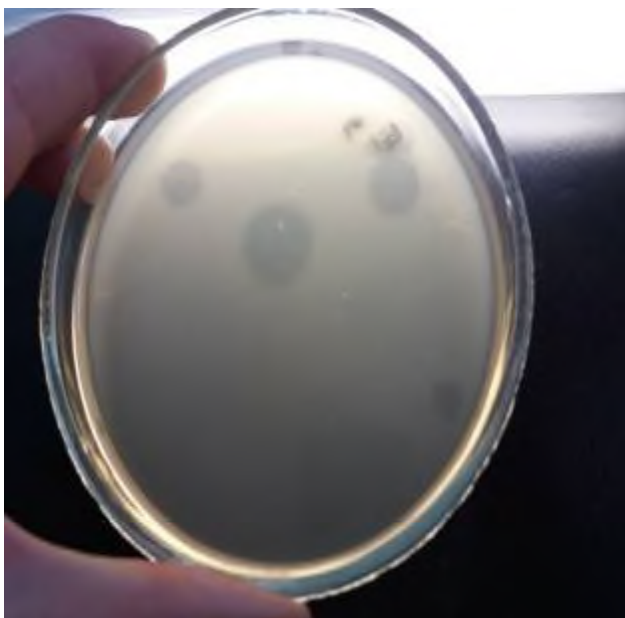


Рисунок 25 – Морфология негативных колоний ирсиниозного фага - Ye2-f5

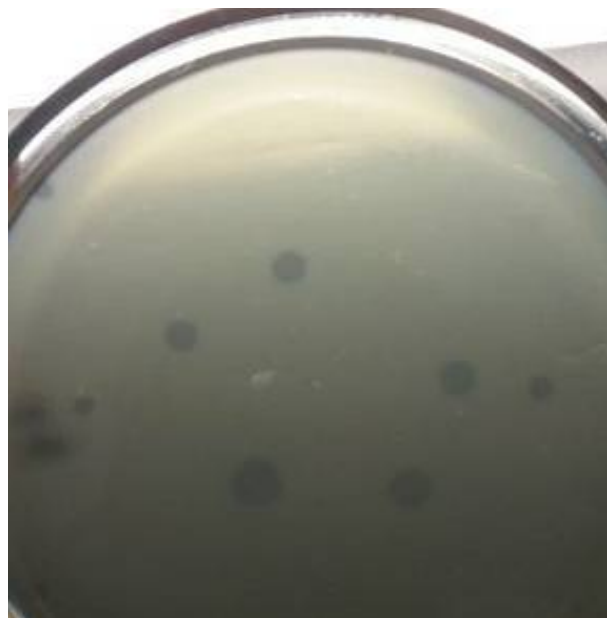


Рисунок 26 – Морфология негативных колоний ирсиниозного фага Ye3-f2



Рисунок 27 – Морфология негативных колоний ирсиниозного фага Yе1-f4

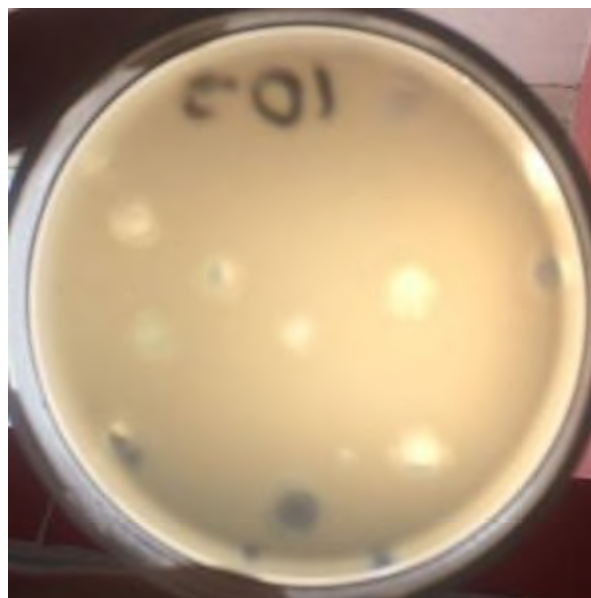


Рисунок 28 – Морфология негативных колоний ирсиниозного фага Yе2-f3



Рисунок 29 – Морфология негативных колоний ирсиниозного фага Yе2-f1

Таблица 42 - Описание морфологии негативных колоний фагов *Y. enterocolitica*

№ фага	Колонии фага	Индикаторная культура
F1	Колонии диаметром 0,7-0,8, с прозрачным центром и с широкой зоной неполного лизиса	Yе-2
F2	Колонии диаметром 1,0-1,5, прозрачные, без зоны неполного лизиса	Yе-3
F3	Колонии диаметром 0,5-0,7, прозрачные, с узкой зоной неполного лизиса	Yе-2

<b>F4</b>	Колонии диаметром 0,2-0,3, прозрачные, без зоны неполного лизиса	Ye-1
<b>F5</b>	Колонии диаметром 0,9-1,0 с прозрачным центром диаметром и узкой зоной неполного лизиса	Ye-2

### ***Определение литической активности ирсиниозных фагов***

Литическая активность бактериофага оценивается по его способности вызывать лизис бактериальной культуры в жидких или на плотных питательных средах, выражается это максимальным разведением, в котором испытуемый бактериофаг проявил своё литическое действие.

Культуры бактерий вида *Y. enterocolitica* для определения литической активности бактериофагов, выращивали на стандартном мясопептонном бульоне в течение 18-20 часов. Литическую активность селекционированных бактериофагов определяли по методу Аппельмана и Грация. Результаты исследования литической активности выделенных фагов представлены в таблице 43. Активность исследуемых бактериофагов варьировала от  $1,9 \pm 0,1 \times 10^5$  до  $1,5 \pm 0,1 \times 10^{10}$  БОЕ в 1 мл.

Таблица 43 - Литическая активность бактериофагов *Y. enterocolitica*

<b>№ пп</b>	<b>Название фага</b>	<b>Активность по Аппельману</b>	<b>Активность по Грация, корпускул в 1 мл</b>
<b>1</b>	Ye2-f1	$10^{-3}$	$2,1 \pm 0,1 \times 10^7$
<b>2</b>	Ye3-f2	$10^{-6}$	$1,5 \pm 0,1 \times 10^{10}$
<b>3</b>	Ye2-f3	$10^{-4}$	$1,7 \pm 0,1 \times 10^7$
<b>4</b>	Ye1-f4	$10^{-3}$	$2,8 \pm 0,1 \times 10^6$
<b>5</b>	Ye2-f5	$10^{-5}$	$1,9 \pm 0,1 \times 10^5$

Для повышения исходной литической активности выделенных ирсиниозных фагов мы использовали метод многократного пассирования фага с индикаторной культурой на плотной питательной среде. Этот метод отличается от методов селекции тем, что фаг засеивается с культурой в максимальной концентрации (1,0 мл фага : 1,0 мл культуры) для получения тотального лизиса бактериального газона, смывается небольшим объемом

жидкости (до 5,0 мл), после чего фаголизат очищается и манипуляции повторяются по вышеописанной схеме.

Таким образом, удалось повысить исходную литическую активность некоторых исследуемых фагов в среднем на 1-2 порядка. Результаты представлены в таблице 44.

Таблица 44 - Литическая активность бактериофагов *Y. enterocolitica* после применения метода концентрации

№ пп	Название фага	Индикаторная культура	Активность по Аппельману	Активность по Грациа, корпускул в 1 мл
1	Ye2-f1	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2	10 <sup>-7</sup>	1,2±0,1×10 <sup>8</sup>
2	Ye3-f2	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 3	10 <sup>-9</sup>	1,5±0,1×10 <sup>10</sup>
3	Ye2-f3	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2	10 <sup>-8</sup>	3,8±0,1×10 <sup>9</sup>
4	Ye1-f4	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 1	10 <sup>-6</sup>	2,8±0,1×10 <sup>8</sup>
5	Ye2-f5	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2	10 <sup>-6</sup>	1,9±0,1×10 <sup>7</sup>

#### ***Диапазон литического действия исследуемых фагов Y. enterocolitica***

Диапазон литического действия – это одна их характерных особенностей штаммов фага. Для изучения спектра литической активности селекционированных фагов мы использовали 34 референс и полевых штаммов *Y. enterocolitica* из музея кафедры микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ВСЭ ФГБОУ ВО Ульяновского ГАУ и 3 штамма *Y. enterocolitica* выделенные нами самостоятельно в ходе исследований из объектов внешней среды.

Определение этого показателя проводили методом нанесения фага на газон бактериальной культуры по методу Отто. На поверхность МПА в чашках Петри пипеткой наносили 1 мл суточной бульонной культуры исследуемых микроорганизмов. Затем равномерно распределяли по поверхности среды. Чашки ставили в термостат для подсушивания на 15-20 минут. На поверхность засеянной среды пипеткой наносили 1 каплю фага и наклоняли, чтобы капли стекли, а затем инкубировали при температуре 37°C,

оценку результатов проводили через 18-20 часов. Результаты представлены в таблице 45 и на рисунке 30.



Рисунок 30 – Положительный результат при исследовании спектра литической активности ирсинеозного фага Ye2-f3 на культуре *Yersinia enterocolitica* 45 УГСХА. Метод Отто.

Таблица 45 – Изучение спектра литического действия ирсиниозных бактериофагов

№ пп	Название культуры	Наличие лизиса на газоне культуры при нанесении фага				
		Ye2-f1	Ye3-f2	Ye2-f3	Ye1-f4	Ye2-f5
1.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 9	-	+	+	+	
2.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 09	-	+	+	+	
3.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 9H	-	+	+	+	
4.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 03	+	-	+	-	
5.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 8	+	+	+	-	
6.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 8S	+	+	+	-	
7.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 8R	+	+	+	-	+
8.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 630	+	-	+	-	
9.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 631	+	-	+	-	
10.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 631R	+	-	+	-	
11.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 0527	-	-	+	+	+



12.	<i>Yersinia enterocolitica</i> O 24R	+	+	+	+	+
13.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 1 УГСХА	+	-	+	-	
14.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 2 УГСХА	+	+	+	-	
15.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 3 УГСХА	-	-	+	+	+
16.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 5 УГСХА	-	+	+	-	
17.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 6 УГСХА	+	-	+	-	
18.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 12 УГСХА	-	-	+	+	+
19.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 14 УГСХА	+	+	-	-	
20.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 18 УГСХА	+	+	+	+	+
21.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 22 УГСХА	+	-	+	-	
22.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 27 УГСХА	-	+	+	-	+
23.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 28 УГСХА	+	+	+	-	+
24.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 34 УГСХА	-	-	+	-	
25.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 35 УГСХА	+	+	+	-	
26.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 36 УГСХА	+	-	+	-	+
27.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 41 УГСХА	-	-	-	+	
28.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 44 УГСХА	+	+	+	-	+
29.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 45 УГСХА	+	-	+	-	
30.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 47 УГСХА	+	+	+	-	
31.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 58 УГСХА	-	-	+	-	+
32.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 59 УГСХА	+	+	+	+	+
33.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 62 УГСХА	+	+	+	-	
34.	<i>Yersinia enterocolitica</i> 63 УГСХА	-	-	-	+	
35.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 1	+	+	+	+	+
36.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2	+	+	+	-	+
37.	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 3	-	+	+	-	
<b>Количество лизируемых культур</b>		<b>24</b>	<b>21</b>	<b>34</b>	<b>12</b>	<b>14</b>
<b>Процент лизиса</b>		<b>64,8</b>	<b>56,7</b>	<b>91,9</b>	<b>32,4</b>	<b>37,8</b>

Примечание: «+» - положительный результат

«-» - отрицательный результат

Бактериофаги активные в отношении *Y. enterocolitica*, обладает спектром действия от 32,4% до 91,9%. Совокупный процент лизиса всех 5 фагов составляет 100%.

### ***Специфичность действия ирсиниозных бактериофагов***

Видовая специфичность фагов используется в практике для дифференциации бактерий. Эта способность фагов определяется, прежде всего, их сродством к рецепторам лизируемых бактерий.

Определение видовой специфичности изучаемого бактериофага проводили на агаровых средах путём нанесения фага на газон гетерологичных культур по методу Отто.

При исследовании специфичности изучаемых фагов использовали следующие виды и роды бактерий: *Yersinia pseudotuberculosis*, *Providencia spp.*, *Escherichia spp.*, *Citrobacter spp.*, *Enterobacter spp.*, *Klebsiella spp.*, *Salmonella spp.*, *Proteus spp.*, *Pseudomonas spp.*

Установлено, что изучаемые ирсиниозные бактериофаги не лизировали ни одну из испытуемых 56 культур бактерий других родов и видов. На основании полученных результатов можно сделать вывод, что исследуемые фаги являются специфичными к бактериям вида *Y. enterocolitica* и не активны в отношении других видов бактерий. Результаты представлены в таблице 46.

Таблица 46 – Результаты изучения специфичности ирсиниозных фагов

№ пп	Род бактерий	Кол-во штаммов	Бактериофаги				
			Ye2-f1	Ye3-f2	Ye2-f3	Ye1-f4	Ye2-f5
			Количество лизируемых штаммов				
1	<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	2	-	-	-	-	-
2	<i>Providencia spp.</i>	2	-	-	-	-	-
3	<i>Escherichia spp.</i>	8	-	-	-	-	-
4	<i>Citrobacter spp.</i>	3	-	-	-	-	-
5	<i>Enterobacter spp.</i>	6	-	-	-	-	-
6	<i>Klebsiella spp.</i>	8	-	-	-	-	-
7	<i>Salmonella spp.</i>	4	-	-	-	-	-
8	<i>Proteus spp.</i>	20	-	-	-	-	-
9	<i>Pseudomonas spp.</i>	3	-	-	-	-	-
10	<i>Y. enterocolitica</i>	37	24	21	34	12	14

Примечание: "+" - лизис культуры; "-" - отсутствие лизиса.

### ***Изменение литической активности при хранении***

В процессе изучения биологических свойств ирсиниозных бактериофагов, нами были исследованы изменения их литической активности при хранении. Для этого закрытые в стерильные флаконы без добавления консерванта бактериофаги хранили в условиях бытового

холодильника (2-4 °С). Учет результатов проводили в течении 32 месяцев с интервалом 3 месяца. Результаты исследований представлены в таблице 47.

Таблица 47 – Изменение литической активности ирсиниозных бактериофагов при хранении

№ пп	Фаг	Литическая активность, БОЕ /мл (по Грациа)		
		перед закупориванием	через 1 месяц	через 3 месяца
1	Ye2-f1	$1,2 \pm 0,1 \times 10^8$	$1,0 \pm 0,1 \times 10^8$	$1,0 \pm 0,1 \times 10^8$
2	Ye3-f2	$1,5 \pm 0,1 \times 10^{10}$	$1,5 \pm 0,1 \times 10^{10}$	$1,2 \pm 0,1 \times 10^{10}$
3	Ye2-f3	$3,8 \pm 0,1 \times 10^9$	$3,6 \pm 0,1 \times 10^9$	$3,5 \pm 0,1 \times 10^9$
4	Ye1-f4	$2,8 \pm 0,1 \times 10^8$	$2,8 \pm 0,1 \times 10^8$	$2,7 \pm 0,1 \times 10^8$
5	Ye2-f5	$1,9 \pm 0,1 \times 10^7$	$1,6 \pm 0,1 \times 10^7$	$1,5 \pm 0,1 \times 10^7$
	Фаг	Литическая активность, БОЕ /мл (по Грациа)		
		через 6 месяцев	через 9 месяца	через 12 месяцев
6	Ye2-f1	$0,9 \pm 0,1 \times 10^8$	$0,6 \pm 0,1 \times 10^8$	$0,6 \pm 0,1 \times 10^8$
7	Ye3-f2	$1,1 \pm 0,1 \times 10^{10}$	$0,8 \pm 0,1 \times 10^{10}$	$0,7 \pm 0,1 \times 10^{10}$
8	Ye2-f3	$3,2 \pm 0,1 \times 10^9$	$2,8 \pm 0,1 \times 10^9$	$1,9 \pm 0,1 \times 10^9$
9	Ye1-f4	$2,5 \pm 0,1 \times 10^8$	$2,3 \pm 0,1 \times 10^8$	$1,7 \pm 0,1 \times 10^8$
10	Ye2-f5	$1,3 \pm 0,1 \times 10^7$	$1,2 \pm 0,1 \times 10^7$	$1,0 \pm 0,1 \times 10^7$
	Фаг	Литическая активность, БОЕ /мл (по Грациа)		
		через 15 месяцев	через 18 месяцев	через 21 месяца
11	Ye2-f1	$8,4 \pm 0,1 \times 10^7$	$6,9 \pm 0,1 \times 10^7$	$5,7 \pm 0,1 \times 10^7$
12	Ye3-f2	$7,1 \pm 0,1 \times 10^9$	$6,7 \pm 0,1 \times 10^9$	$5,4 \pm 0,1 \times 10^9$
13	Ye2-f3	$1,2 \pm 0,1 \times 10^9$	$8,6 \pm 0,1 \times 10^8$	$6,1 \pm 0,1 \times 10^8$
14	Ye1-f4	$1,5 \pm 0,1 \times 10^8$	$0,9 \pm 0,1 \times 10^8$	$6,3 \pm 0,1 \times 10^7$
15	Ye2-f5	$8,1 \pm 0,1 \times 10^6$	$7,0 \pm 0,1 \times 10^6$	$3,2 \pm 0,1 \times 10^6$
	Фаг	Литическая активность, БОЕ /мл (по Грациа)		
		через 24 месяца	через 28 месяцев	через 32 месяцев
16	Ye2-f1	$4,5 \pm 0,1 \times 10^7$	$5,3 \pm 0,1 \times 10^6$	$1,2 \pm 0,1 \times 10^6$
17	Ye3-f2	$3,2 \pm 0,1 \times 10^9$	$8,8 \pm 0,1 \times 10^8$	$4,7 \pm 0,1 \times 10^8$
18	Ye2-f3	$4,1 \pm 0,1 \times 10^8$	$2,2 \pm 0,1 \times 10^8$	$7,8 \pm 0,1 \times 10^7$
19	Ye1-f4	$4,6 \pm 0,1 \times 10^7$	$2,3 \pm 0,1 \times 10^7$	$1,3 \pm 0,1 \times 10^7$
20	Ye2-f5	$3,0 \pm 0,1 \times 10^6$	$2,6 \pm 0,1 \times 10^6$	$2,1 \pm 0,1 \times 10^6$

Установлено, что в течение 32 месяцев показатели литической активности исследуемых бактериофагов снижались в среднем на 1-2 порядка. Последующее 3-5 кратное пассирование бактериофагов с индикаторными культурами на плотной питательной среде позволяло восстановить исходный титр фага, который был установлен при закупоривании в стерильные флаконы.

В результате проведенных исследований была создана коллекция из 5 вирулентных бактериофагов активных в отношении бактерий вида *Y.*

*enterocolitica*, выделенных из объектов внешней среды. Бактериофаги охарактеризованы нами по биологическим свойствам, на основании результатов этих исследований для дальнейшей работы, как наиболее перспективные для конструирования терапевтического биопрепарата нами были отобраны фаги – Ye2-f1, Ye3-f2 и Ye2-f3.

### **3.4 ИССЛЕДОВАНИЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ВЫДЕЛЕННЫХ БАКТЕРИОФАГОВ С ИНДИКАТОРНЫМИ КУЛЬТУРАМИ *Y.* *ENTEROCOLITICA***

Адсорбцию выделенных и отобранных для дальнейших исследований ирсиниозных бактериофагов изучали при взаимодействии их с культурами клеток-хозяев по М. Адамсу. Этот метод, основан на исследовании количества корпускул неадсорбированного фага в смеси фаг-бактерия. В качестве бактериальных клеток-хозяев использовали индикаторные культуры бактерий *Y. enterocolitica*. Адсорбцию отобранных фагов Ye2-f1, Ye3-f2 и Ye2-f3 изучали на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 2 и *Y. enterocolitica* Ye – 3.

Бактериальные культуры в фазе экспоненциального роста смешивали с бактериофагом и инкубировали в термостате при 37°C. Образцы (100 мкл) отбирали через 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 минут и переносили в пробирку со стерильным бульоном. Фаголизат очищали фильтрованием и титровали для определения неадсорбированных или обратимо адсорбированных фагов через разные временные интервалы. Количественно адсорбцию выражали константой скорости адсорбции (k), измеряемой в мл/мин:

$$K = 2,3/(B \times t) \times \log(P_0/P) \quad (1)$$

где  $P_0$  – титр фага, определенный при времени 0;

$P$  – титр фага, неадсорбированного на поверхности бактериальной клетки за время  $t$ ;

$B$  – титр бактерий в начальный момент в 1 мл,

$t$  – время в минутах.

Время адсорбции для фага устанавливали в зависимости от процента максимальной адсорбции для конкретной смеси (фаг+клетка хозяина).

Установлено, что изучаемые бактериофаги имели разные значения константы скорости адсорбции.

Таким образом фаг Ye2-f1 за 6 минут адсорбировался на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 2 в количестве 70,3%, константа скорости адсорбции  $K=4,04 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$  (табл. 48). Бактериофаг Ye3-f2 за 8 минут адсорбировался на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 3 в количестве 83,2%, константа скорости адсорбции  $K=4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$  (табл. 48). Фаг Ye2-f3 за 7 минут адсорбировался на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 2 в количестве 87,7%, константа скорости адсорбции  $6,1 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$  (табл. 48).

Таблица 48 - Результаты опыта по изучению скорости адсорбции отобранных ирсиниозных бактериофагов на клетках индикаторных культур

Фаг	Время адсорбции максимального количества фага (мин)	Количество фага до адсорбции (по показателю бляшкообразующих единиц) $M \pm m$	Количество неадсорбированного фага (по показателю бляшкообразующих единиц) $M \pm m$	Процент адсорбции (%)
Ye2-f1	5	89,4±5,0	34,4±2,0	63,3
	6		26,6±1,5	70,3
	Константа скорости адсорбции $K=4,04 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$			
Ye3-f2	5	79,0±8,5	68,4±3,2	25,6
	6		38,9±1,5	51,6
	7		22,7±2,5	71,5
	8		13,4±1,5	83,2
	Константа скорости адсорбции $K=4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$			
Ye2-f3	5	85,1±1,8	64,5±3,2	10,2
	6		55,9±2,3	33,4
	7		10,0±1,0	87,7
	Константа скорости адсорбции $K=6,1 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$			

Для того чтобы определить длительность латентного периода и урожайность фагов применяли способ изучения одиночного цикла размножения фага без применения антифаговой сыворотки. В основу этого

метода положена способность эмбихина избирательно инактивировать бактериофаги без повреждения бактерий. В предварительном опыте параллельного титрования эмбихина на исследуемых фагах Ye2-f1, Ye3-f2 и Ye2-f3 соответствующих индикаторных штаммах *Y. enterocolitica* Ye – 2 и *Y. enterocolitica* Ye – 3 устанавливали рабочую дозу препарата, - то его количество, которое в 0,9 мл физиологического раствора способно за 5 минут при 37° инактивировать 90-95 % фага при исходной его концентрации  $3-5 \times 10^7$  частиц в 1 мл. В то же время препарат в рабочей дозе в аналогичных условиях не должен оказывать антибактериального действия при контакте с  $4 \times 10^8$  бактерий (табл. 49). Экспериментально установлено, что рабочая доза эмбихина была равна 7 γ, т.е. среднему из двух последних эффективных доз.

Таблица 49 – Определение рабочей дозы эмбихина

	Доза эмбихина в 0,9 мл физраствора				
	50 γ	25 γ	10 γ	5 γ	Контроль
Бактериофаг Ye2-f1 и <i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2					
Количество бактерий при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	219	298	384	408	522
Количество негативных колоний фага при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	0	0	13	164	1699
Бактериофаг Ye3-f2 и <i>Y. enterocolitica</i> Ye – 3					
Количество бактерий при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	301	372	433	490	587
Количество негативных колоний фага при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	0	0	9	157	1802
Бактериофаг Ye2-f3 и <i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2					
Количество бактерий при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	348	419	543	605	663
Количество негативных колоний фага при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	0	0	4	134	1771

После определения рабочей дозы проводили основной опыт. Для этого к 0,9 мл бактериальной культуры, выращенные в мясопептонном бульоне и находящиеся в логарифмической фазе роста добавляли соответствующего бактериофага 0,1 мл, смесь инкубировали в термостате в течение 5 минут, а

затем 0,1 мл переносили в 0,9 мл физиологического раствора с рабочей дозой эмбихина, предварительно прогретого в водяной бане при  $36\pm 1$  °С.

После 5-минутной инкубации смеси при  $36\pm 1$  °С опыт продолжали по методу Эллиса и Дельбрюка.

Затем из этой пробирки брали 0,1 см<sup>3</sup> жидкости, которую вносили к 9,9 см<sup>3</sup> бульона. Из четвертой пробирки брали 0,1 см<sup>3</sup> жидкости и вносили в 9,9 см<sup>3</sup> бульона (пятая пробирка). Получая такие разведения, стремились создать постоянную и наименьшую концентрацию частиц фага в четвертой пробирке и свести ее на нет в пятой с целью возможности подсчета колоний фага по окончании латентного периода.

Из 4 и 5 пробирок приготовленными разведениями через каждые 1-2 минуты брали по 0,1 см<sup>3</sup> жидкости и засеивали в две бактериологические чашки по методу агаровых слоев. Подсчет негативных колоний проводили после 16-18 часового инкубирования чашек при  $36\pm 1$  °С. Результаты исследований отражены в таблицах 50-52.

Таблица 50 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага Ye2-f1

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	72,6±3,1	
17	66,7±7,1	
18	70,0±4,6	
19	189,3±4,9	11,3±0,6
20	Полосы лизиса	87,0±7,2
21	Лизис	89,0±7,2
22		95,0±6,0
24		70,3±6,8
25		88,0±2,7
26		94,0±4,6
28		83,0±12,5
30		160,0±9,5
32		164,3±11,2
36		172,0±21,66
39		177,3±18,88
41		162,0±8,6

50		176,7±11,6
60		161,7±7,4

Таблица 51 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага Уе3-f2

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	112,0±21,8	
20	106,0±5,5	
25	120,0±19,1	
30	119,0±1,0	
35	112,0±21,3	
40	117,3±12,9	
45	211,7±28,4	11,6±11,5
50	533,3±81,4	40,3±2,0
55	Зона лизиса	47,0±7,9
60	Полоса лизиса	64,3±64,3
65	Лизис	83,0±2,0
70		83,3±3,7
75		80,7±7,6
78		83,0±10,6

Таблица 52 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага Уе2-f3

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	120,7±3,2	
17	119,0±2,0	
19	119,7±3,1	
22	120,3±5,0	
25	120,0±3,0	
28	117,7±6,5	
30	119,7±7,3	
35	120,0±6,1	
38	120,0±2,6	
40	516,0±10,8	19,3±1,2
42	844,8±33,7	23,3±1,5
45		27,3±1,1
49		60,3±7,8



55		73,3±2,8
60		65,3±5,5
65		75,7±7,0
68		76,3±2,5
70		70,6±13,5
75		99,6±13,3
78		73,3±9,7

Латентный период внутриклеточного развития фага Ye2-f1 на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 2 равен 19 минутам (табл. 50). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 18 минуту опыта равно 67,77, а при высеве с 32 по 60 минуту из пятой пробирки – 167,04. Средняя урожайность бактериофага Ye2-f1 равна  $16704:69,77=239,4$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Y. enterocolitica* Ye – 2.

Латентный период внутриклеточного развития фага Ye3-f2 на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 3 равен 44-45 минутам (табл. 51). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 40 минуту опыта равно 116,38, а при высеве с 50 по 78 минуту из пятой пробирки – 84,23. Средняя урожайность бактериофага Ye3-f2 равна  $8423:116,38=72$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Y. enterocolitica* Ye – 3.

Латентный период внутриклеточного развития фага Ye2-f3 на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 2 равен 39-40 минутам (табл. 52). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 38 минуту опыта равно 119,59, а при высеве с 49 по 78 минуту из пятой пробирки – 74,32. Средняя урожайность бактериофага Ye2-f3 равна  $7432:119,59=62,14$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Y. enterocolitica* Ye – 2.

Таким образом, отобранные нами бактериофаги активные в отношении бактерий вида *Y. enterocolitica* – Ye2-f1, Ye3-f2 и Ye2-f3 наиболее перспективные для конструирования терапевтического биопрепарата были

изучены по биологическим свойствам, а также изучено взаимодействие выделенных фагов с индикаторными культурами в разрезе скорости адсорбции фагов на индикаторных культурах и их урожайности.

#### **4. БАКТЕРИОФАГИ РОДА *ENTEROBACTER***

##### **4.1 ВЫДЕЛЕНИЕ И ИЗУЧЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ БАКТЕРИЙ РОДА *ENTEROBACTER***

Всего было исследовано 50 проб объектов внешней среды и патологического материала: бытовые сточные воды, сточные воды животноводческих хозяйств, фекалии, смывы и патологический материал от больных и павших животных, полученные нами из животноводческих и птицеводческих хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям.

Посев материала производили на среды Эндо, Левина и Плоскирева, инкубировали при температуре 37 °С в течении 18 - 24 часов. Выросшие характерные для энтеробактера колонии в чашках на среде Эндо: красные с металлическим блеском или без него, малиновые или розоватые и бесцветные с розовым или бежевым оттенком; на агаре Плоскирёва: выпуклые розовые колонии с тёмным центром или без него, с желтоватым оттенком; на среде Левина темно-фиолетовые, пересевали в МПБ (рис. 31-32). Культуры микроорганизмов инкубировали при 37 °С 18 часов (до появления выраженного помутнения среды).

Суточные бульонные культуры, полученные после пересева колоний с указанных сред, микроскопировали. При наличии в мазках окрашенных по Граму мелких грамтрицательных палочек с закруглёнными концами, не образующих спор и капсул, располагающихся одиночно и попарно, подвергали дальнейшему изучению с целью родовой и видовой идентификации.

Всего из проб взятых из окружающей среды и патологического материала нами было выделено 11 штаммов бактерий, колонии которых по тинкториальным и культуральным свойствам напоминали колонии бактерий рода *Enterobacter*.

Видовую принадлежность культур устанавливали на основе определения результатов в основных и дополнительных тестах. В качестве основных тестов ставили реакцию с индикатором метиленовым красным и реакцию Фогес-Проскауэра, а также определяли рост на среде Симмонса и подвижность микроорганизмов. На этом этапе происходило отсеивание штаммов родов *Citrobacter*, *Escherichia*, *Morganella*, *Proteus*, *Providencia*, *Salmonella*, *Yersinia*, *Edwardsiella*, *Klebsiella*.



Рисунок 31 – Рост бактерий рода *Enterobacter* на среде Эндо

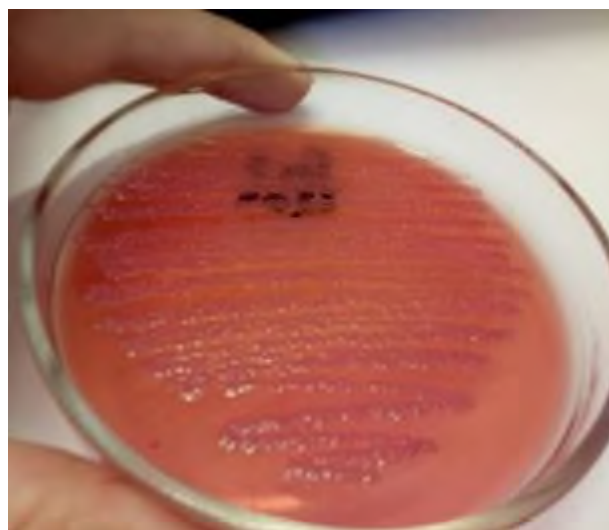


Рисунок 32 – Рост бактерий рода *Enterobacter* на среде Плоскирева

При получении соответствующих результатов ферментативные свойства культур изучали на наборе сред с углеводами, куда входят среды с глюкозой, лактозой, сахарозой, раффинозой, глицеролом а также па средах с мочевиной, на бульоне Хоттингера с реактивом Ковача, МПЖ, среде с фенилаланином. Этот набор тестов позволяет идентифицировать бактерии рода *Enterobacter* до вида.

Всего из 50 проб взятых из окружающей среды и патологического материала нами было выделено 11 штаммов бактерий, колонии которых по тинкториальным и культуральным свойствам напоминали колонии бактерий рода *Enterobacter*, при дальнейших исследованиях было установлено, что всего 6 изолятов принадлежали к роду *Enterobacter*: 1 штамм принадлежал к виду *Enterobacter cloacae*, 5 штаммов к виду *Enterobacter dissolvens*. Результаты изучения биохимических свойств бактерий рода *Enterobacter* представлены в таблице 53.

Таблица 53 - Биохимическая дифференциация видов рода *Enterobacter*

Тест	<i>E. cloacae</i> контроль	<i>E. dissolvens</i>	<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter</i>
Образование индола	-	-	-	-	-	-	-	-
Проба с метиленовым красным	-	-	-	-	-	-	-	-
Р-я Фогеса-Проскауэра	+	+	+	+	+	+	+	+
Среда Симонса	+	+	+	+	+	+	+	+
Образование сероводорода	-	-	-	-	-	-	-	-
Гидролиз мочевины	-	+	-	+	+	+	+	+
Фенилаланиндезаминаза	-	-	-	-	-	-	-	-
Лизиндекорбоксилаза	-	-	-	-	-	-	-	-
Аргининдегидролаза	+	+	+	+	+	+	+	+
Орнитиндекарбоксилаза	+	+	+	+	+	+	+	+
Подвижность	+	+	+	+	+	+	+	+
Гидролиз желатины	-	-	-	-	-	-	-	-
Использование малоната	+	+	+	+	+	+	+	+
Образование газа из Д-глюкозы	+	+	+	+	+	+	+	+
Образование кислоты из Д-адонитола	-	-	-	-	-	-	-	-
Глицерола	+	-	+	-	-	-	-	-
Дульцитола	-	-	-	-	-	-	-	-
Мио-инозитола	-	+	-	+	+	+	+	+
Лактозы	+	+	+	+	+	+	+	+
Мелибиозы	+	+	+	+	+	+	+	+
Метил-Д-гликозида	+	+	+	+	+	+	+	+
Рафинозы	+	+	+	+	+	+	+	+
Салицина	+	+	+	+	+	+	+	+
Сахарозы	+	+	+	+	+	+	+	+
Д-сорбитола	+	+	+	+	+	+	+	+
Рамнозы	+	+	+	+	+	+	+	+
Использов. Ацетата	+	+	+	+	+	+	+	+

Выделенные нами культуры рода *Enterobacter* в дальнейшем будут использованы в качестве индикаторных культур при выделении бактериофагов из объектов окружающей среды. Также выделенные культуры будут проверены на свойство лизогении – способность выделять свободный фаг или выделять профаг при воздействии на культуры индуцирующего фактора.

#### **4.2 ВЫДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИОФАГОВ РОДА *ENTEROBACTER* И ПОДБОР ПАРАМЕТРОВ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ**

Цель работы – выделение фагов, специфичных в отношении бактерий рода *Enterobacter*, из объектов внешней среды и патологического материала, которые могут быть использованы в дальнейшем для конструирования терапевтического биопрепарата.

Задачи:

- Изучить способность индикаторных штаммов выделять свободный фаг;
- Изучить способность индикаторных штаммов выделять профаг под воздействием индуцирующих факторов;
- Выделить бактериофаги активные в отношении бактерий рода *Enterobacter* объектов из окружающей среды и патологического материала;
- Подобрать способы очистки бактериофагов от индикаторной культуры и оптимальные параметры культивирования выделенных бактериофагов.

Первым этапом при работе с индикаторными культурами является проверка их на наличие профага. В связи с этим мы использовали методики для обнаружения выхода свободного фага, а также методы выделения профага под воздействием индуцирующих факторов.

Полученные нами результаты по выявлению свободного фага в серии стоп-тестов свидетельствуют, что культуры *Enterobacter* без воздействия на них индуцирующего фактора не проявили лизогенных свойств (табл. 54).

Во второй серии опытов на культуры *Enterobacter* воздействовали индуцирующим фактором (Лурия, Дарнелл, 1970). Определить наличие профага в бактериальной культуре можно путем воздействия на клетку химических или физических факторов, разрушающих фагову ДНК и последующий лизис бактериальной клетки с выходом вирусных частиц.

В качестве химического фактора воздействия использовали митомицин С в дозе 0,5 мкг/мл. Исследуемые штаммы засеивали в пробирки с питательным бульоном, содержащим 0,5 мкг/мл митомицина С. После инкубации пробирок в течение 4–6 ч при 37 °С содержимое пробирок очищали от остатков бактериальных клеток путем центрифугирования (5000 об./мин) и последующего фильтрования через бактериальные фильтры с диаметром пор 0,22 мкм. Суспензии индикаторных бактериальных штаммов наносили в объеме 0,5 мл на поверхность питательного агара в чашках Петри и втирали досуха шпателем. Чашки делили на 3 сектора, на которые наносили по 20 мкл содержимого пробирок. После инкубации чашек в течение 18 ч при 37 °С зон лизиса на бактериальном газоне нами обнаружено не было, что свидетельствует об отрицательном результате (табл. 54).

В качестве физического фактора воздействия использовали ультрафиолетовые лучи (УФ-лучи), источником которых служила ртутно-кварцевая лампа, дающая не менее 90 % излучаемой энергии в виде УФ-лучей с длиной волны 254 нм. На суточные культуры разведенные в фосфатном буфере в отношении 1:100 воздействовали УФ-лучами от 20 до 50 секунд с интервалами в 10 секунд. Облученные взвеси культур выдерживали в термостате, после чего смешивали со штаммами перmissive хозяина в отношении 1:200, выдерживали в термостате в течение суток при 37°С, после чего фильтровали через бактериальные фильтры. Полученный фильтрат исследовали на наличие фага на имеющихся культурах *Enterobacter* методом Отто. В наших опытах установлено, что воздействию ультрафиолетовых лучей на бактерии рода *Enterobacter* не приводили к образованию негативных колоний или появлению зон лизиса (табл. 54).

Таблица 54 - Исследование культур рода *Enterobacter* на наличие профага с использованием индуцирующего фактора и без него

№ пп	Штаммы <i>Enterobacter</i>	Наличие негативных колоний или лизиса					
		Воздействие УФ-лучей				Воздействие митомицином С	Выделение свободного фага
		20 сек	30 сек	40 сек	50 сек		
1	<i>E.cloacae 1</i>	-	-	-	-	-	-
2	<i>E.dissolvens 1</i>	-	-	-	-	-	-
3	<i>E.dissolvens 2</i>	-	-	-	-	-	-
4	<i>E.dissolvens 3</i>	-	-	-	-	-	-
5	<i>E.dissolvens 4</i>	-	-	-	-	-	-
6	<i>E.dissolvens 5</i>	-	-	-	-	-	-

Анализируя полученные данные, можно утверждать, что мы не обнаружили явления лизогении у исследуемых культур с помощью вышеуказанных методов.

Дальнейшие исследования были направлены на выделение бактериофагов *Enterobacter* из объектов внешней среды. Материалом для выделения являлись бытовые сточные воды, сточные воды животноводческих хозяйств, фекалии, смывы и патологический материал от больных и павших животных, полученные нами из животноводческих и птицеводческих хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям.

Полученные пробы смешивали с мясопептонным бульоном в соотношении 1:10, для этого в литровую колбу, содержащую стерильный, МПБ в количестве 0,5 литра, вносили 50,0 мл фильтрата либо навеску 50,0 г, после чего колбу выдерживали в термостате при 37°C в течении 24-48 часов. После термостатирования делали посеvy на среды Эндо, Плоскирева, Левина для выделение культур бактерий рода *Enterobacter*. Далее в колбу добавляли по 1,0 мл, индикаторных штаммов бактерий. Колбу инкубировали еще в течение суток. После этого содержимое колбы разливали в пробирки,

центрифугировали при 3000 об/мин в течении 30 минут, шприцом отбирали надосадочную жидкость и фильтровали с помощью бактериальных фильтров в стерильную пробирку. Фильтраты исследовали по методу Отто. Чашки помещали в термостат на 18-20 часов при 37°C. Наличие негативных колоний или зон лизиса на газоне роста индикаторной культуры свидетельствует о присутствии в исследуемом материале бактериофага (рис. 33).

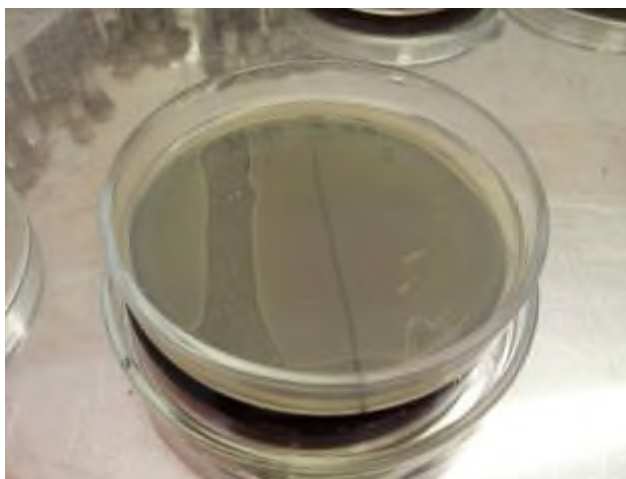


Рисунок 33 - Зона лизиса на месте «стекающей капли».

В результате исследований 50 проб объектов внешней среды удалось по указанной схеме выделить 7 изолятов фагов активных в отношении бактерий рода *Enterobacter*, которым были присвоены названия, отраженные в таблице 55.

Таблица 55 – Наименования выделенных бактериофагов

№ пп	Фаг	Индикаторная культура	Объект выделения бактериофага
1	E1	<i>E. cloacae</i> 1	Сточные воды свиноводческой фермы 3
2	E2	<i>E. dissolvens</i> 3	Сточные воды канализации 4
3	E3	<i>E. dissolvens</i> 3	Фекалии поросят 8
4	E4	<i>E. dissolvens</i> 1	Сточные воды канализации 1
5	E5	<i>E. dissolvens</i> 3	Фекалии животных ЛПХ 3
6	E6	<i>E. dissolvens</i> 3	Сточные воды животноводческого комплекса
7	E7	<i>E. cloacae</i> 1	Фекалии телят 3

Селекцию бактериофагов и повышение их литической активности проводили пассированием фага на индикаторной культуре с периодической



отвивкой типичных негативных колоний по методике, описанной и использованной И.М. Габриловичем и С.Н. Золотухиным.

С зоны лизиса бактериологической петлей брали материал и вносили его в пробирку с 4,5 мл стерильного МПБ, туда же вносили 0,2 мл 16-18 часовой индикаторной культуры. В качестве контроля использовали стерильным МБП куда вносили 0,2 мл индикаторной культуры. Обе пробирки ставили в термостат при 37 °С. Время культивирования подбирали визуально в диапазоне от 3 до 7 часов с интервалом 30 минут. Ориентиром завершения пассажа было наличие роста (помутнение среды) в контрольной пробирке. Результаты исследований представлены в таблице 56.

Таблица 56 – Подбор оптимального времени пассирования фага на индикаторной культуре.

№ пп	Фаг	Время культивирования, ч								
		3,0	3,5	4,0	4,5	5,0	5,5	6,0	6,5	7,0
1	E1	3,0	3,5	4,0	4,5	5,0	5,5	6,0	6,5	7,0
2	E2	-	-	-	-	-	-	+	+	+
3	E3	-	-	-	-	-	-	+	+	+
4	E4	-	-	-	-	-	-	+	+	+
5	E5	-	-	-	-	-	-	+	+	+
6	E6	-	-	-	-	-	-	+	+	+
7	E7	-	-	-	-	-	-	+	+	+

Таким образом, 6 часов достаточно для культивирования выделенных нами фагов на индикаторных культурах бактерий рода *Enterobacter*.

Далее наша работа была направлена на подбор способа очистки бактериофагов от индикаторной культуры.

Обычно, для инактивации индикаторной культуры в пассаже применяют обработку фаголизата трихлорметаном, прогреванием или фильтрацией через бактериальные фильтры.

Часто бактериофаги более устойчивы к воздействию хлороформа, чем клетки микроорганизмов, поэтому данный химический агент является средством для освобождения фаголизата от жизнеспособных бактерий

(Ревенко, 1978). Кроме того, степень устойчивости бактериофагов к воздействию хлороформа имеет таксономическое значение.

Для определения чувствительности фагов к воздействию трихлорметана обрабатывали фаголизат трихлорметаном в соотношении 10:1 при постоянном помешивании в течение 5 – 40 минут с 5 минутным интервалом. После чего определяли активность исследуемых фагов методом Отто. Наличие зон лизиса свидетельствовало об устойчивости фагов к воздействию трихлорметана. Результаты представлены в таблице 57.

Таблица 57 - Устойчивость бактериофагов бактерий рода *Enterobacter* к воздействию трихлорметана

№ пп	Фаголизат	Временной интервал воздействия трихлорметана в концентрации 1:10, минут							
		5	10	15	20	25	30	35	40
2.	E1	+	+	+	+	+	+	+	+
2.	E2	+	+	+	+	+	+	+	+
3.	E3	+	+	+	+	+	+	+	+
4.	E4	+	+	+	+	+	+	+	+
5.	E5	+	+	+	+	+	+	+	+
6.	E6	+	+	+	+	+	+	+	+
7.	E7	+	+	+	+	+	+	+	+
	<b>Культура</b>								
1.	<i>E. cloacae</i> 1	+	+	+	-	-	-	-	-
2.	<i>E. dissolvens</i> 3	+	+	-	-	-	-	-	-
3.	<i>E. dissolvens</i> 1	+	+	-	-	-	-	-	-

В результате опыта установлено, что индикаторные культуры бактерий рода *Enterobacter* не выдерживали воздействие трихлорметана более 15 минут, в то время как все 7 исследуемых фагов проявили выраженную устойчивость к воздействию трихлорметана в течение 40 минут, что позволяет использовать данный способ для очистки энтеробактерных бактериофагов от индикаторной культуры.

Другим способом очистки фаголизата является его прогревание в течение 30 минут, которая приводит к инактивации бактерий и не изменяет литическую активность бактериофагов.

Определение температурной устойчивости бактериофага проводили по следующей методике: 11 пробирок с фагом в разведении 1:10 с МПБ прогревали на водяной бане в течение 30 минут при температуре в интервале от 60 до 90 °С с шагом 2 – 3 °С. После прогревания активность бактериофага определяли по методу Отто на индикаторных культурах.

В результате исследований было установлено (табл. 58), что прогревание индикаторных культур в течение 30 минут при температуре 60 °С ведет к их полной инактивации, в то время как тридцатиминутное воздействие на бактериофаги даже температурой 80 °С оставляет их жизнеспособными.

Таблица 58 - Температурная устойчивость бактериофагов бактерий рода *Enterobacter*

№ пп	Фаголизат	Воздействие температуры, °С								
		60	62	65	64	68	70	75	80	85
1.	E1	+	+	+	+	+	+	+	+	-
2.	E2	+	+	+	+	+	+	+	+	-
3.	E3	+	+	+	+	+	+	+	+	-
4.	E4	+	+	+	+	+	+	+	+	-
5.	E5	+	+	+	+	+	+	+	+	-
6.	E6	+	+	+	+	+	+	+	+	-
7.	E7	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	<b>Культура</b>									
1.	<i>E. cloacae 1</i>	+	-	-	-	-	-	-	-	-
2.	<i>E. dissolvens 3</i>	+	-	-	-	-	-	-	-	-
3.	<i>E. dissolvens 1</i>	+	-	-	-	-	-	-	-	-

Температурная обработка как и воздействие на фаголизаты трихлорметаном являются эффективными способами очистки фаголизата энтеробактерных фагов, однако время обработки и время подготовки к ней складывается в существенные временные затраты, в связи с эти в последующей работе для очистки фаголизатов мы использовали бактериальные фильтры с диаметром пор 0,2 мкм.

При подборе технологических параметров культивирования фагов с индикаторной культурой установлено, что шестикратное их пассирование с применением следующих параметров: соотношение культуры и фага (табл. 59) в 4,5 мл стерильного МПБ, культивирование в течение определенного времени (табл. 59) при  $(36\pm 1)^{\circ}\text{C}$ , позволило нам получить достаточное количество фаголизата для исследований.

Таблица 59 – Подбор оптимального соотношения выделенных фагов и индикаторных культур и технологические параметры их культивирования

№ пп	Фаг	Технологические параметры культивирования		Оптимальное соотношение выделенного бактериофага и $18\pm 2$ часовой индикаторной культуры при концентрации микробных клеток равной не ниже $n \times 10^6$ (КОЕ/мл)
		временной интервал, ч	температурный режим, $^{\circ}\text{C}$	
1.	E1	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл
2.	E2	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл
3.	E3	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл
4.	E4	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл
5.	E5	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл
6.	E6	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл
7.	E7	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл

Очищенные фаголизаты хранились в условиях бытового холодильника при температуре  $2-4^{\circ}\text{C}$ .

В результате исследований 50 проб объектов внешней среды удалось выделить 7 изолятов фагов активных в отношении бактерий рода *Enterobacter*. Объектами выделения были сточные воды свиноводческих ферм и животноводческих комплексов, сточные воды канализации и фекалии животных.

Селекцию бактериофагов проводили пассированием изолированных негативных колоний на МПА с периодическим перевиванием на МПБ. Оптимальное соотношение культивирования фаг/культура 1:1, время пассажа – 6 часов при температуре  $36\pm 1^{\circ}\text{C}$ . Для очистки фагов от бактериальных

клеток применяли различные методы (обработка трихлорметаном, прогревание, фильтрация), но оптимальным мы посчитали фильтрацию через бактериальные фильтры с диаметром пор 0,2 мкм.

#### **4.3 ИЗУЧЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ БАКТЕРИОФАГОВ БАКТЕРИЙ РОДА *ENTEROBACTER***

Цель исследований – изучение биологических свойств бактериофагов бактерий рода *Enterobacter*.

Задачи:

1. Определить литическую активность бактериофагов активных в отношении бактерий рода *Enterobacter*;
2. Изучить морфологию негативных колоний бактериофагов бактерий рода *Enterobacter*;
3. Изучить спектр литического действия выделенных бактериофагов бактерий рода *Enterobacter*;
4. Определить специфичность действия энтеробактерных бактериофагов;
5. Изучить изменения титра литической активности энтеробактерных фагов при хранении.

##### ***Определение литической активности.***

Литическую активность бактериофага оценивают по его способности вызывать лизис бактериальной культуры и выражают это тем максимальным разведением, в котором испытуемый фаг проявил свое литическое действие. Более точным методом оценки активности бактериофага является определение количества активных корпускул фага в единице объема.

Бактериофаг по отношению к одной и той же культуре, но при разных условиях может проявлять неодинаковую литическую активность. Поэтому активность фага определяется в конкретных стандартных условиях.

Индикаторные культуры *E. cloacae* 1, *E. dissolvens* 1, *E. dissolvens* 3 выращивали на стандартном мясопептонном бульоне (рН 7,4 – 7,6) при

температуре 37 °С 18 часов. Литическую активность селекционированных фагов определяли по методам Аппельмана и Грациа. Результаты исследования литической активности выделенных фагов представлены в таблице 60. Активность исследуемых бактериофагов варьировала от  $1,2 \pm 0,2 \times 10^7$  до  $1,8 \pm 0,2 \times 10^{10}$  БОЕ в 1 мл.

Таблица 60 - Литическая активность энтеробактерных бактериофагов

№ пп	Фаг	Индикаторная культура	Активность по Аппельману	Активность по Грациа, БОЕ/в 1 мл
1	E1	<i>E.cloacae 1</i>	$10^{-8}$	$7,4 \pm 0,2 \times 10^8$
2	E2	<i>E. dissolvens 3</i>	$10^{-6}$	$1,2 \pm 0,2 \times 10^7$
3	E3	<i>E. dissolvens 3</i>	$10^{-7}$	$1,6 \pm 0,2 \times 10^8$
4	E4	<i>E. dissolvens 1</i>	$10^{-9}$	$3 \pm 0,2 \times 10^9$
5	E5	<i>E. dissolvens 3</i>	$10^{-7}$	$3 \pm 0,2 \times 10^8$
6	E6	<i>E. dissolvens 3</i>	$10^{-9}$	$2,8 \pm 0,2 \times 10^9$
7	E7	<i>E.cloacae 1</i>	$10^{-10}$	$1,8 \pm 0,2 \times 10^{10}$

### ***Морфология негативной колонии.***

Для определения морфологии негативной колонии мы высевали фаг на чашки методом агаровых слоев. Для формирования газона на поверхности агара использовали индикаторный штамм *Enterobacter*, на который был выделен фаг. Посевы культивировали в термостате при температуре 37°С. Изучение морфологии негативных колоний проводили через 24 часа (рис. 34-35).

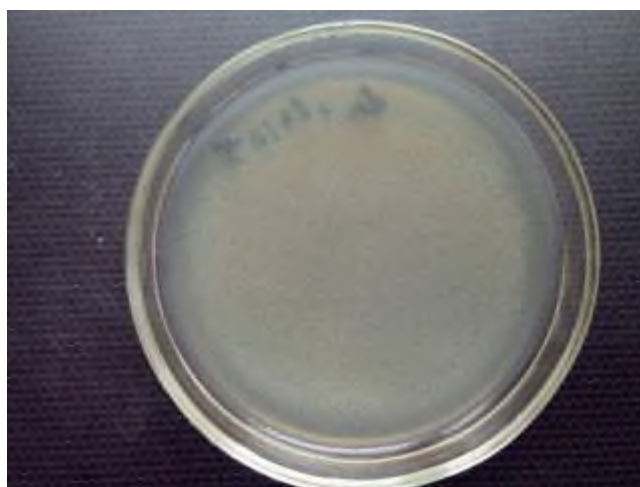


Рисунок 34 – Негативные колонии фага E-3



Рисунок 35 – Негативные колонии фага E-4

Негативные колонии, образуемые бактериофагами, по наличию зоны неполного лизиса, вторичного роста и величине колоний мы разделили на два типа. К первому относятся негативные колонии округлые, прозрачные без зоны неполного лизиса, диаметром до 1 мм. Негативные колонии первого типа формируют фаги E1, E3, E6. Колонии второго типа круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, имеют диаметр до 3-4 мм. Колонии второго типа образуются фагами E2, E4, E5, E7. Результаты представлены в таблице 61.

Таблица 61 – Морфология негативных колоний энтеробактерных бактериофагов

№ пп	Фаг	Морфология негативных колоний
1	E1	округлые, прозрачные без зоны неполного лизиса, d до 0,1
2	E2	круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, d = 0,4±0,1
3	E3	округлые, прозрачные без зоны неполного лизиса, d до 0,1
4	E4	круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, d = 0,4±0,1
5	E5	круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, d = 0,4±0,1
6	E6	округлые, прозрачные без зоны неполного лизиса, d до 0,1
7	E7	круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, d = 0,4±0,1

### ***Спектр литической активности бактериофагов бактерий рода *Enterobacter****

К основным биологическим свойствам бактериофага, имеющим важное практическое и теоретическое значение, относится диапазон литической активности – это спектр лизиса гомологичных фагу бактерий. Определение спектра литической активности проводили методом нанесения капель бактериофага на газон изучаемой культуры – метод Отто.

Для этого на поверхность МПА в чашках Петри наносили 1,0 мл 18-20-ти часовой исследуемой культуры. Бактериальную культуру раскатывали равномерно по поверхности среды для получения газона. Для подсушивания ставили в термостат на 20 минут. На дне чашек карандашом отмечали одинаковые сектора (по 2 и более секторов на каждой чашке). На

поверхность подсушенной среды наносили капли исследуемых бактериофагов и наклоняли чашки, чтобы капли стекли. Каждый сектор используется для одного фага. В качестве контроля наносили каплю стерильного МПБ. Результаты представлены в таблице 62 и на рисунке 36.



Рисунок 36 - Изучение спектра литической активности выделенных бактериофагов

Таблица 62 – Результаты исследования спектра литической активности выделенных бактериофагов

№ пп	Штаммы <i>Enterobacter</i>	Бактериофаги бактерий рода <i>Enterobacter</i>						
		E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7
1.	<i>E.cloacae</i> №10005	+				+	+	+
2.	<i>E.cloacae</i> №1487	+			+			+
3.	<i>E.dissolvens</i> №2601		+		+		+	+
4.	<i>E.dissolvens</i> №802		+		+		+	+
5.	<i>E.dissolvens</i> №1906			+		+	+	
6.	<i>E.dissolvens</i> №212		+	+	+			
7.	<i>E.dissolvens</i> №505		+		+	+	+	+
8.	<i>E.dissolvens</i> №418				+	+		+
9.	<i>E.dissolvens</i> №420		+		+			+
10.	<i>E.dissolvens</i> №520		+		+	+		
11.	<i>E.cloacae</i> №112	+				+	+	+
12.	<i>E.cloacae</i> №205	+	+		+	+		+



13.	<i>E.cloacae</i> №201	+			+		+	+
14.	<i>E.cloacae</i> №88	+			+	+		
15.	<i>E.cloacae</i> №116	+	+			+		+
16.	<i>E.cloacae</i> 1	+					+	+
17.	<i>E.dissolvens</i> 1				+	+		+
18.	<i>E.dissolvens</i> 2				+	+	+	+
19.	<i>E.dissolvens</i> 3		+	+	+	+	+	+
20.	<i>E.dissolvens</i> 4		+	+	+	+	+	+
21.	<i>E.dissolvens</i> 5		+		+		+	+
22.	Количество штаммов, чувствительных к фагу	8	11	4	16	13	12	17
23.	% лизируемых штаммов	<b>38</b>	<b>52</b>	<b>19</b>	<b>76</b>	<b>62</b>	<b>57</b>	<b>81</b>

Исследования показали, что изучаемые фаги характеризуются различным спектром литической активности. Бактериофаг Е1 и Е3 являются видоспецифичными. Наибольшим диапазоном лизиса изучаемых культур обладают бактериофаги Е4 и Е7, который составляет более 76% и 81% соответственно. Суммарный лизис двух этих бактериофагов составляет более 95%.

### ***Специфичность действия исследуемых бактериофагов***

Необходимым условием для применения фагов в диагностических и терапевтических целях является отсутствие литического действия в отношении гетерологичных бактерий (специфичность). В качестве гетерологичных культур использовали 90 штаммов бактерии родов *Klebsiella*, *Citrobacter*, *Escherihia*, *Proteus*, *Yersinia*, *Salmonella*, *Pseudomonas*, *Streptococcus*, *Rhodococcus*, *Listeria*, полученные из музея кафедры микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ВСЭ Ульяновского ГАУ.

Определение специфичности исследуемых бактериофагов проводили нанесением капли на газон гетерологичных культур. Установлено, что данные фаги не вызывали лизис ни одной из испытываемых культур других родов бактерий. Результаты представлены в таблице 63.

Таблица 63 – Специфичность энтеробактерных бактериофагов

№ пп	Род	Кол-во исследуемых	Фаг E1	Фаг E2	Фаг E3	Фаг E4	Фаг E5	Фаг E6	Фаг E7
1	<i>Klebsiella</i>	2	-	-	-	-	-	-	-
2	<i>Citrobacter</i>	6	-	-	-	-	-	-	-
3	<i>Escherihia</i>	12	-	-	-	-	-	-	-
4	<i>Proteus</i>	6	-	-	-	-	-	-	-
5	<i>Yersinia</i>	34	-	-	-	-	-	-	-
6	<i>Salmonella</i>	2	-	-	-	-	-	-	-
7	<i>Listeria</i>	19	-	-	-	-	-	-	-
8	<i>Pseudomonas</i>	4	-	-	-	-	-	-	-
9	<i>Rhodococcus</i>	1	-	-	-	-	-	-	-
10	<i>Staphylococcus</i>	4	-	-	-	-	-	-	-
11	<b><i>Enterobacter</i></b>	<b>21</b>	<b>+</b>	<b>+</b>	<b>+</b>	<b>+</b>	<b>+</b>	<b>+</b>	<b>+</b>

Примечание: "+" - лизис культуры; "-" - отсутствие лизиса.

На основании полученных результатов (табл. 63) можно сделать вывод, что исследуемые бактериофаги являются специфичными по отношению к бактериям рода *Enterobacter* и не активны к представителям других родов бактерий.

#### ***Изменение литической активности при хранении***

Для изучения изменения литической активности энтеробактерных бактериофагов при хранении, закрытые в стерильные флаконы фаголизаты без добавления консерванта хранили в условиях бытового холодильника (2-4 °С). Исследование изменения активности фагов проводили в течение 32 месяцев с интервалом в 3 месяца методом агаровых слоев по А. Грациа. Результаты исследований представлены в таблице 64.

Таблица 64 – Изменение литической активности энтеробактерных бактериофагов при хранении

№ пп	Фаг	Литическая активность, БОЕ /мл (по Грациа)			
		перед закупориванием	через 3 месяца	через 6 месяцев	через 9 месяцев
1	E1	7,4±0,2 x 10 <sup>8</sup>	7,2±0,2 x 10 <sup>8</sup>	7,1±0,2 x 10 <sup>8</sup>	6,6±0,2 x 10 <sup>8</sup>

2	E2	$1,2 \pm 0,2 \times 10^7$	$1,2 \pm 0,2 \times 10^7$	$1,2 \pm 0,2 \times 10^7$	$7,2 \pm 0,2 \times 10^6$
3	E3	$1,6 \pm 0,2 \times 10^8$	$1,2 \pm 0,2 \times 10^8$	$1,2 \pm 0,2 \times 10^8$	$8,5 \pm 0,2 \times 10^7$
4	E4	$3 \pm 0,2 \times 10^9$	$2,4 \pm 0,2 \times 10^9$	$2,4 \pm 0,2 \times 10^9$	$1,3 \pm 0,2 \times 10^9$
5	E5	$3 \pm 0,2 \times 10^8$	$2,7 \pm 0,2 \times 10^8$	$2,6 \pm 0,2 \times 10^8$	$1,8 \pm 0,2 \times 10^8$
6	E6	$2,8 \pm 0,2 \times 10^9$	$2,3 \pm 0,2 \times 10^9$	$2,2 \pm 0,2 \times 10^9$	$2,2 \pm 0,2 \times 10^9$
7	E7	$1,8 \pm 0,2 \times 10^{10}$	$1,6 \pm 0,2 \times 10^{10}$	$1,5 \pm 0,2 \times 10^{10}$	$1,1 \pm 0,2 \times 10^{10}$
	Фаг	Литическая активность, БОЕ /мл (по Грациа)			
		через 12 месяцев	через 15 месяца	через 18 месяцев	через 21 месяц
8	E1	$6,3 \pm 0,2 \times 10^8$	$5,9 \pm 0,2 \times 10^8$	$3,2 \pm 0,2 \times 10^8$	$5,1 \pm 0,2 \times 10^7$
9	E2	$6,9 \pm 0,2 \times 10^6$	$4,2 \pm 0,2 \times 10^6$	$2,1 \pm 0,2 \times 10^6$	$0,8 \pm 0,2 \times 10^6$
10	E3	$8,0 \pm 0,2 \times 10^7$	$6,4 \pm 0,2 \times 10^7$	$3,2 \pm 0,2 \times 10^7$	$7,1 \pm 0,2 \times 10^6$
11	E4	$0,7 \pm 0,2 \times 10^9$	$6,3 \pm 0,2 \times 10^8$	$4,3 \pm 0,2 \times 10^8$	$1,6 \pm 0,2 \times 10^8$
12	E5	$0,6 \pm 0,2 \times 10^8$	$6,9 \pm 0,2 \times 10^7$	$2,8 \pm 0,2 \times 10^7$	$1,3 \pm 0,2 \times 10^7$
13	E6	$1,9 \pm 0,2 \times 10^9$	$1,3 \pm 0,2 \times 10^9$	$8,1 \pm 0,2 \times 10^8$	$3,5 \pm 0,2 \times 10^8$
14	E7	$0,9 \pm 0,2 \times 10^{10}$	$6,8 \pm 0,2 \times 10^9$	$5,3 \pm 0,2 \times 10^9$	$8,3 \pm 0,2 \times 10^8$
	Фаг	Литическая активность, БОЕ /мл (по Грациа)			
		через 24 месяца	через 28 месяцев	через 32 месяцев	
15	E1	$3,6 \pm 0,2 \times 10^7$	$1,1 \pm 0,2 \times 10^7$	$5,4 \pm 0,2 \times 10^6$	
16	E2	$8,2 \pm 0,2 \times 10^5$	$6,1 \pm 0,2 \times 10^5$	$2,1 \pm 0,2 \times 10^5$	
17	E3	$5,5 \pm 0,2 \times 10^6$	$4,2 \pm 0,2 \times 10^6$	$1,3 \pm 0,2 \times 10^6$	
18	E4	$6,3 \pm 0,2 \times 10^7$	$3,3 \pm 0,2 \times 10^7$	$2,2 \pm 0,2 \times 10^7$	
19	E5	$7,1 \pm 0,2 \times 10^6$	$5,7 \pm 0,2 \times 10^6$	$1,4 \pm 0,2 \times 10^6$	
20	E6	$1,2 \pm 0,2 \times 10^8$	$5,4 \pm 0,2 \times 10^8$	$1,3 \pm 0,2 \times 10^8$	
21	E7	$6,9 \pm 0,2 \times 10^8$	$6,2 \pm 0,2 \times 10^8$	$1,5 \pm 0,2 \times 10^8$	

Установлено, что в течение 32 месяцев показатели литической активности исследуемых бактериофагов снижались в среднем на 2 порядка. Последующее 2-3 кратное пассирование бактериофагов на индикаторных культурах позволяло восстановить исходный титр фага, который был установлен при укупоривании в стерильные флаконы.

В результате проведенных исследований была создана коллекция из 7 вирулентных бактериофагов активных по отношению к бактериям рода *Enterobacter*, выделенных из объектов внешней среды (сточные воды, фекалии). Бактериофаги охарактеризованы по биологическим свойствам, на основании которых, для дальнейших исследований нами были отобраны наиболее перспективные для конструирования терапевтического биопрепарата фаги – E4, E6, E7.

#### 4.4 ИССЛЕДОВАНИЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ВЫДЕЛЕННЫХ БАКТЕРИОФАГОВ С ИНДИКАТОРНЫМИ КУЛЬТУРАМИ ЭНТЕРОБАКТЕРОВ

Адсорбцию выделенных и отобранных для дальнейших исследований энтеробактерных бактериофагов изучали при взаимодействии их с культурами клеток-хозяев по М. Адамсу. Это общепринятый метод основанный на исследовании количества корпускул неадсорбированного фага в смеси бактерия-фаг. В качестве бактериальных клеток-хозяев использовали индикаторные культуры бактерий рода *Enterobacter*. Адсорбцию отобранных фагов Е4, Е6, Е7 изучали на клетках *E. dissolvens 1*, *E. dissolvens 3*, *E. cloacae 1* соответственно.

Бактериальные культуры в фазе экспоненциального роста смешивали с бактериофагом (множественность инфицирования (МОИ) = 0,001) и инкубировали при 37°C. Образцы (100 мкл) отбирали через 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 минут и переносили в пробирку со стерильным бульоном. Фаголизат очищали фильтрованием и титровали для определения неадсорбированных или обратимо адсорбированных фагов через разные временные интервалы. Количественно адсорбцию выражали константой скорости адсорбции (k), измеряемой в мл/мин.

Время адсорбции для фага устанавливали в зависимости от процента максимальной адсорбции для конкретной смеси (фаг+клетка хозяина).

В результате проведенных исследований было установлено, что изучаемые бактериофаги имели разные показатели скорости адсорбции.

В результате проведенных исследований было установлено, фаг Е4 за 6 минут адсорбировался на клетках *E. dissolvens 1* в количестве 83,4%, константа скорости адсорбции  $K = 4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$  (табл. 65). Бактериофаг Е6 за 7 минут адсорбировался на клетках *E. dissolvens 3* в количестве 79,9%, константа скорости адсорбции  $5,8 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$  (табл. 65). Фаг Е7 за 7 минут адсорбировался на клетках *E. cloacae 1* в количестве 81,6%, константа

скорости адсорбции  $4,8 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$  (табл. 65).

Таблица 65 - Результаты опыта по изучению скорости адсорбции селекционированных бактериофагов на клетках индикаторных культур

Фаг	Время адсорбции максимального количества фага (мин)	Количество фага до адсорбции (по показателю бляшкообразующие единицы) $M \pm m$	Количество неадсорбированного фага (по показателю бляшкообразующие единицы) $M \pm m$	Процент адсорбции (%)
E4	5	$118,0 \pm 10,5$	$46,3 \pm 3,2$	62,3
	6		$22,3 \pm 2,3$	83,4
	Константа скорости адсорбции $K = 4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$			
E6	5	$136,0 \pm 12,1$	$71,2 \pm 1,0$	48,2
	6		$51,1 \pm 2,5$	62,9
	7		$27,9 \pm 2,1$	79,9
Константа скорости адсорбции $K = 5,8 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$				
E7	5	$98,0 \pm 6,5$	$51,5 \pm 2,1$	46,6
	6		$33,3 \pm 2,4$	65,8
	7		$18,2 \pm 1,5$	81,6
Константа скорости адсорбции $K = 4,8 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$				

Для определения длительности латентного периода и урожайности фага использовали способ изучения одиночного цикла размножения фага без применения антифаговой сыворотки. В основу метода положено свойство эмбихина избирательно инактивировать различные фаги без повреждения бактерий. В предварительном опыте параллельного титрования эмбихина на исследуемых фагах E4, E6 и E7 и соответствующих индикаторных штаммах *E. dissolvens* 1, *E. dissolvens* 3, *E. cloacae* 1 устанавливается рабочая доза препарата, т.е. то его количество, которое в 0,9 мл физиологического раствора способно за 5 минут при  $37^\circ$  инактивировать 90-95 % фага при исходной его концентрации  $3-5 \times 10^7$  частиц в 1 мл. Установлено, что препарат в рабочей дозе в аналогичных условиях не должен оказывать антибактериального действия при контакте с  $4 \times 10^8$  бактерий (табл. 66). В экспериментах определено, что рабочая доза эмбихина была равна 7  $\gamma$ , т.е. среднему из двух последних эффективных доз.

Таблица 66 – Определение рабочей дозы эмбихина

	Доза эмбихина в 0,9 мл физраствора
--	------------------------------------

	50 y	25 y	10 y	5 y	Контроль
Бактериофаг E4 и <i>E. dissolvens</i> 1					
Количество бактерий при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	398	423	508	544	582
Количество негативных колоний фага при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	0	0	12	187	1822
Бактериофаг E6 за 7 и <i>E. dissolvens</i> 3					
Количество бактерий при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	421	445	513	590	618
Количество негативных колоний фага при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	0	0	10	162	1743
Бактериофаг E7 и <i>E. cloacae</i> 1					
Количество бактерий при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	332	388	464	519	603
Количество негативных колоний фага при высеве 0,1 мл из соответствующего разведения	0	0	9	177	1908

После определения рабочей дозы проводили основной опыт. Бактериальные культуры, выращенные в мясопептонном бульоне и находящиеся в логарифмической фазе роста. К 0,9 мл такой культуры, предварительно адаптированной, добавляли соответствующего бактериофага 0,1 мл, смесь инкубировали в термостате в течение 5 минут, а затем 0,1 мл переносили в 0,9 мл физиологического раствора с рабочей дозой эмбихина, предварительно прогретого в водяной бане при  $36 \pm 1$  °C. После 5-минутной инкубации смеси при  $36 \pm 1$  °C опыт продолжали по методу Эллиса и Дельбрюка.

Затем из этой пробирки брали 0,1 см<sup>3</sup> жидкости, которую вносили к 9,9 см<sup>3</sup> бульона. Из четвертой пробирки брали 0,1 см<sup>3</sup> жидкости и вносили в 9,9 см<sup>3</sup> бульона (пятая пробирка). Получая указанные разведения, мы стремились создать постоянную и наименьшую концентрацию частиц фага в четвертой пробирке и свести ее на нет в пятой с целью возможности подсчета колоний фага по окончании латентного периода. Из 4 и 5 пробирок приготовленными разведениями через каждые 1-2 минуты брали по 0,1 см<sup>3</sup> жидкости и засевали

в две бактериологические чашки по методу агаровых слоев. Подсчет негативных колоний проводили после 16-18 часового инкубирования чашки при  $36\pm 1$  °С. Результаты исследований отражены в таблицах 67-69.

Таблица 67 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага Е4

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	90,3±9,0	
17	96,7±9,2	
19	102,3±13,0	
20	123,6±11,4	33,7±1,5
22	217,4±9,8	62,0±9,2
24	418,3±11,0	98,0±6,2
26	Лизис	112,7±9,1
28		114,3±8,5
30		117,7±14,0
32		121,0±15,4
36		116,3±11,3
40		119,0±14,2
50		124,3±15,2
60		137,0±23,6

Таблица 68 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага Е6

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	57,0±4,2	
17	59,3±4,8	
19	63,5±6,3	
20	71,3±8,1	
21	64,0±6,5	
22	62,3±4,8	
23	65,7±9,8	
24	78,3±9,2	
25	204,7±14,7	96,0±4,7
26	337,0±21,6	62,6±5,2
28	Лизис	82,7±4,2
32		81,0±9,8
34		89,7±7,3
36		88,3±5,7
40		92,3±6,4

50		79,3±5,3
60		85,3±6,2

Таблица 69 - Изучение латентного периода и урожайности бактериофага E7

Время начала опыта	Число негативных колоний фага при высеве из 4-ой пробирки M±m	Число негативных колоний фага при высеве из 5-ой пробирки M±m
15	14,3±4,9	
17	16,6±4,7	
19	17,3±3,5	
20	18,7±8,1	
21	20,0±8,5	
23	18,0±2,0	
25	118,7±11,6	3,0±1,0
28	346,0±9,5	13,±2,6
30	Зоны лизиса	21,5±6,5
35	Лизис	16,7±1,5
40		16,0±2,0
50		17,3±1,5
60		17,7±5,8

Латентный период внутриклеточного развития фага E4 на клетках *E. dissolvens* 1 равен 19-20 минутам (табл. 67). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 20 минуту опыта равно 103,2, а при высеве с 26 по 60 минуту из пятой пробирки – 120,3. Средняя урожайность бактериофага E4 равна  $11390:103,2=110,4$  вирусных частиц на одну микробную клетку *E. dissolvens* 1.

Латентный период внутриклеточного развития фага E6 на клетках *E. dissolvens* 3 равен 24-25 минутам (табл. 68). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 24 минуту опыта равно 65,2, а при высеве с 28 по 60 минуту из пятой пробирки – 85,5. Средняя урожайность бактериофага E6 равна  $8123:65,2=124,6$  вирусных частиц на одну микробную клетку *E. dissolvens* 3.

Латентный период внутриклеточного развития фага E7 на клетках *E. cloacae* 1 равен 24-25 минутам (табл. 69). Среднее количество негативных колоний на чашках при высеве из 4-ой пробирки с 15 по 23 минуту опыта



равно 17,5, а при высеве с 30 по 60 минуту из пятой пробирки – 17,7. Средняя урожайность бактериофага Е7 равна  $1774:17,5=101,4$  вирусных частиц на одну микробную клетку *E.cloacae 1*.

Таким образом, отобранные нами бактериофаги активные в отношении бактерий рода *Enterobacter* – Е4, Е6, Е7, наиболее перспективные для конструирования терапевтического биопрепарата были изучены по биологическим свойствам, а также изучено взаимодействие выделенных фагов с индикаторными культурами в разрезе скорости адсорбции фагов на индикаторных культурах и их урожайности.

## **5. ИССЛЕДОВАНИЕ ОПТИМАЛЬНОЙ МЕТОДИКИ ВЫДЕЛЕНИЯ ФАГОВЫХ ГЕНОМОВ, ИСХОДЯ ИЗ КРИТЕРИЕВ ТРУДОЕМКОСТИ, ЭФФЕКТИВНОСТИ И ОТСУТСТВИЕ ДЕГРАДАЦИИ ПРИ ИССЛЕДОВАНИИ И ХРАНЕНИИ НУКЛЕИНОВЫХ КИСЛОТ**

После дифференциации полученных бактериофаговых штаммов были проведены исследования по определению оптимальной методики выделения и очистки бактериальной ДНК.

Одним из важных этапов в практике проведения ПЦР является подготовка ДНК [111]. Для этого были использовано несколько различных технологий очистки нуклеиновых кислот от ферментов, белков, ионов, которые могут существенно усложнить прохождение реакции, а в некоторых случаях и вовсе ингибировать действие ДНК-полимеразы. В данном проекте нами были использованы методы экстракции с использованием сорбента и фенольно-хлороформная экстракция ДНК.

Используя вышеперечисленные методики, было проведено экстрагирование нуклеиновых кислот исследуемых бактериофагов. Далее после получения раствора нуклеиновых кислот (НК) в трис-ЭДТА буфере, было проведено спектрофотометрическое измерение оптической плотности каждой пробы при 260 нм, 280 нм и 230 нм с использованием спектрофотометра Nanodrop 2000/2000c (ThermoFisher). При этом были использованы расчеты  $A_{260}/A_{230}$ , позволяющие вычесть примеси, не относящиеся к поглощению светового потока нуклеиновыми кислотами. Для определения чистоты НК использовались расчеты  $A_{260}/A_{280}$ , при этом образцы считались с содержанием достаточно чистой для использования в молекулярно-генетических исследованиях НК при коэффициенте не менее 1,8. Результаты представлены в таблицах 70-71. Примеры графиков спектра поглощения – на рисунках 37-38.

Таблица 70 – Расчет коэффициента чистоты НК с использованием методики фенольно-хлороформной экстракции.

Sample ID	Nucleic Acid Conc.	Unit	A260	A280	260/280	260/230
<i>Proteus phage (Pr 4-УГСХА)</i>	239	ng/μl	4,78	0,506	1,87	0,83
<i>Yersinia phage (Ye3-f2)</i>	242,7	ng/μl	4,854	0,511	1,91	0,85
<i>Enterobacter phage (E7)</i>	620,3	ng/μl	12,406	0,508	1,89	0,84
<i>Citrobacter phage (CIT-3)</i>	207,4	ng/μl	4,149	0,164	1,95	0,55

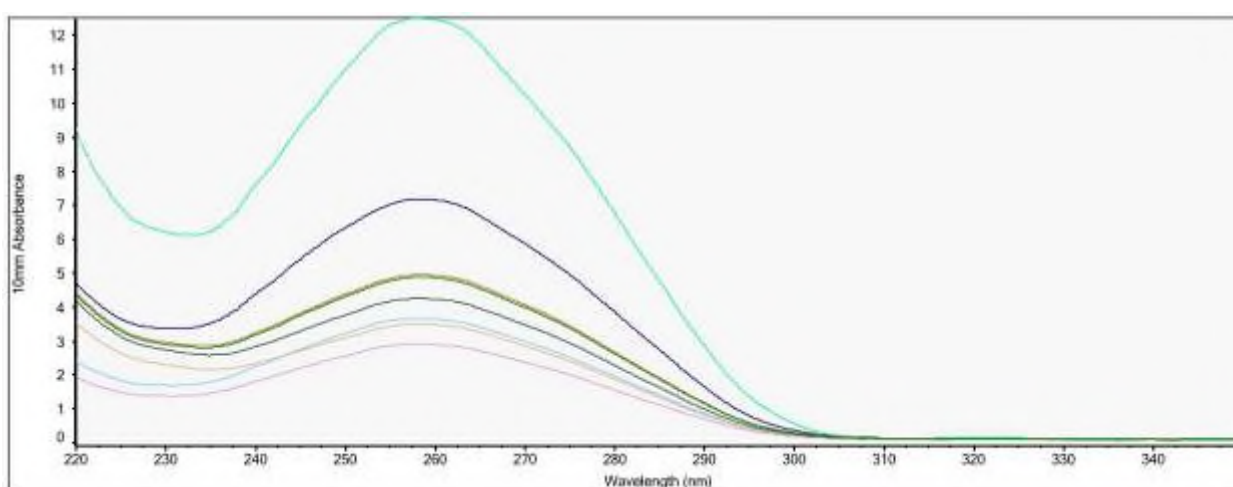


Рисунок 37 - Графики спектра поглощения препаратов НК, полученных с использованием методики фенольно-хлороформной экстракции.

Таблица 71 – Расчет коэффициента чистоты НК с использованием сорбентной методики с применением гуанидинтиоционата.

Sample ID	Nucleic Acid Conc.	Unit	A260	A280	260/280	260/230
<i>Proteus phage (Pr 4-УГСХА)</i>	47,4	ng/μl	0,948	2,555	1,87	1,7
<i>Yersinia phage (Ye3-f2)</i>	48,7	ng/μl	0,973	2,594	1,87	1,69
<i>Enterobacter phage (E7)</i>	48	ng/μl	0,96	6,734	1,84	2,02
<i>Citrobacter phage (CIT-3)</i>	16	ng/μl	0,32	2,206	1,88	1,56

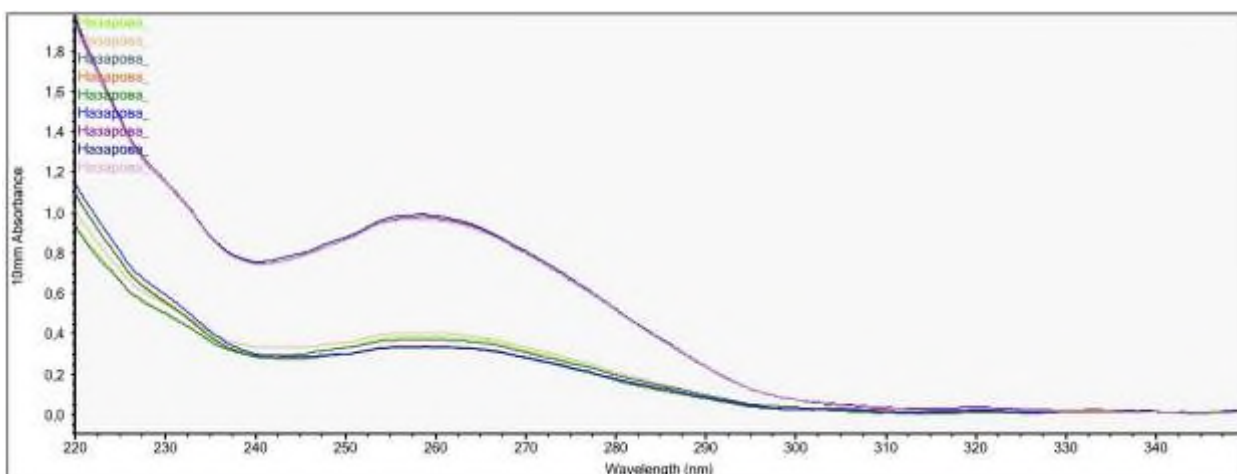


Рисунок 38 - Графики спектра поглощения препаратов НК, полученных с использованием сорбентной методики с применением гуанидинтиоционата.

В результате проведенных исследований и расчетов коэффициента чистоты НК в растворе трис-ЭДТА было сделано заключение, что использование фенольно-хлороформной экстракции приводит к наилучшему выходу матричной НК, а это отвечает целям эксперимента.

Определена оптимальная методика выделения фаговых геномов, исходя из критериев трудоемкости, эффективности и отсутствие деградации при исследовании и хранении нуклеиновых кислот

## 6. СЕКВЕНИРОВАНИЕ БАКТЕРИОФАГОВ

Следующим этапом работы с выделенными и селектированными штаммами бактериофагов явилась их молекулярно-генетическая характеристика, включающая в себя определение размера фагового генома, проверку наличия или отсутствия в составе ДНК генов, кодирующих токсины, интегразы, репрессоры транскрипции и других нежелательных локусов. Изучение данных характеристик позволяет подтвердить оригинальность и вирулентную природу отобранных бактериофагов.

Для получения полноразмерных нуклеотидных последовательностей геномов бактериофагов использовали полногеномное секвенирование ДНК

бактериофагов второго поколения (Ion Torrent, Thermo Fisher Scientific, США). Каждый штамм бактериофага был секвенирован трижды. Данные каждого раунда секвенирования были проанализированы методами биоинформатики. Фильтрация качества прочтений (ридов) позволила собрать геномы бактериофагов с высокой достоверностью. Собранные геномы сравнивали с известными ДНК бактериофагов, депонированных в GenBank NCBI для определения кодирующих областей геномов.

В результате проведенных исследований были составлены карты линейных ДНК выделенных и селектированных бактериофагов. В соответствии с известными аналогами были определены продукты экспрессии их генов. Качественный состав протеинов бактериофагов соответствует таковому у аннотированных аналогов, имеет четкие гомологии нуклеотидного и аминокислотного наборов. В структуре протеинов наблюдается закономерность, присущая данным вирусным частицам – наличие структурных и неструктурных компонентов. Также выявлены продукты генов, не имеющие четко определенных функциональных характеристик, так называемые гипотетические белки, имеющие аналогии в аннотированных геномах бактериофагов, активных в отношении изучаемых видов бактерий.

### **Proteus phage**

Нами были получены биоинформационные данные сиквенса Proteus phage (Pr 4- УГСХА):

- 1) Длина цепи - 44 580 п.н.
- 2) G/C-состав – 39,21%
- 3) Молекулярный вес – 13712 кДа
- 4) Молярный коэффициент – 484 409 600 I/mol
- 5) Температура плавления – 80,96 °C
- 6)  $\mu\text{g}/\text{OD}_{260}$  – 28,31
- 7) A – 29,2%

- 8) C – 22,6%
- 9) G – 16,6%
- 10) T – 31,6%

Карта сиквенса Proteus phage (*Pr 4 - УГСА*) представлена на рисунке

40.

CTTGCCACACATGCCCTCAGAAGCCTCAGAGCCACCTGTGCCCTCCTTGTGTAACACTAAGGTAATCGTAGGCTAG  
CCTAAGAAAAGCCGTGCCAGCCCTCCTCCCTAGGAATTGCCCGAGCCACCCTATGGGGACATTCGCGAAGGGCGAA  
GGGCGAGAGAGCTGACACACGCTATACCAAAAAATTTGACTTTGGTTATTTCTTGACCAATACCTTGGTCATAACTTTGT  
GACCACCTTGTATTACACTAAGAGCAAACCTAAGTCTGCCCTTGTGTTTCTCTGTATTCTTTATTCGATGCACACTTAA  
TAGATGATGTTTATAAAGCCTTCCATGTAGTAGCTAGAGGGCTTTTATAATAAACAACATTTGTAGCCGCTGCACCTTTA  
ATCATCCAATAGTGGTGGTACCACCGAAAATGATTAGATGTTCTCTAATACTGGTCTCCACCATAAGGGTGGTCTTG  
TATATTACCGGATATAGTATGAGGTATAAAGAAGACACCATCACATTTAATTTGATCTAATGATGTTAAGTCTTCCGGTA  
CAGGTATGGAAGACCAATTAGCTTGAAGCCTACCCCAACCTGTATCATTCACACCATTACTGTATAAGGTGCGAGTACAA  
GAATAGTGTCTGTATGTGCAAGCAATTCAGCCTACGATCTGCCCTTGTACAAACCAAGATACTGGTGATATATAGA  
GGAAGGTGTGCAAAAAGTTAAGCCCTAAATTAGTATTAGTCTTTCAATATTAATAGTGAACATACTACTACTAGGCA  
TAGCATTAACAACCTCAAGTGCAGTAGGTTATCAGACAAAACCTAGAGAACCTCAAGTTGTGATGTCTTACGCCACGT  
AAAGCTAAACCTTGTCTTGTATTGCCCTATACGAAGAAGCTGTAACCTACATCTTCATTCTGCGTATCTAATAAGGT  
GTTATTAACAAAACATTATACCTCCACATCTACATAGAACATGTTATGGTCTGACAAAATGACTACCCTTACCTCCTAGTAT  
TTCTACCATACCATCTCTGTTATTTAACCACGAACCAATATCCTATCAATCTCACCACCCCACTGATTTATTTCA  
CGATAGTAAAACCGTAATCTTGAATTCAGATAATGCAGATGCGTCTCTTACATTGAAGTCACCAAGAAGTACTACTTTA  
TCGCCACCAATTTCTTGATTTTCAAGCTAATAATTCAGCAAGCATTGTAGTTGTCCTTGCAGGGTCAGTGTAAAGTGTG  
ATTATAAACTACTATACCATTAGGTAGTTTCTCTCTAATGTAACCACGCTTCCAGACATCTAATGAAGTAGGTTGAGTAT  
CACTGTATAATAACTGCTTTTCACTAGGTTTGAACCTGGTAAGTGCATGTTACCAATATAATCACCTAACTTTGCA  
TCATCAGTACATAACCAAGATTGATATTTAAGTGGATTAACAGTAAAGTAACCCCAAGTAATAGCGGGATTCATATAGC  
TTCCTGAAAACCGAAGTAATCCCTCTTACATCTAAGAATGTTTCTGTAATTGCATAGTCTTATCAGGTGATTGCCTGT  
CATCACCAACCAAGTCTTAGTTGAGTATTCAGTCCATAAGTCCCAAGTAACAAAGCGAACAGAGTTACTTTCTTCTCT  
TGTATAGCAATGGAATATACAGGAGGTGATTGATTAACATTAACCTATTGTGTTAAGATAATCTATCTTAGAATGTTAGG  
GTTTAGTGTGTTAATACTTATCTAATGTAATGATAAGTGTTTACCTGTGTGTTAACCAGGAAGAACTAGGCGCT  
GTAACATATTTACTCATAAAGAAAGTTGAAATAAGAACGGCTAGCGCCGTTCTAGTAAAGTTTCTATGAATCCTCTAA  
ACCAAAATTACCTCGCTTAATTACACTAGGTGCAAAAAGATAATAATGGTGTATAAAGTGTGCCAGTTACAAAATGGTTAC  
CTATAAAGATAGCATTCTCACCATTATTACTGCGAAACCTTTGTGCAATTTTGCAGAGTACAACCTTGAATAAATTTA  
GAACCACCAACTGTAGTTGTTTCAACACCTACTGTGAACCTGCCAGTTCACCAAAAGATGTTAGTGTATTAATCTTACA  
AGAAGTAATCCAAAACCTGCTTCTTTGGAAAATACCATGAGACATCTTTGTTGTACTTTTATTACTCAAGTATAT  
TATCTACAATATCTCTGAGAAATCAACAAGTTCAATTGCAATAACGGAAGCTGTATTTAAGGAGGAAGTGAACCTATGA  
GTTATATCTCTAATAACAGTTTTAGTATTATTAACCTGCATTGGCATAACCTAAGGTTGCTCCTACATCCCAATTACC  
TTTTACAGAAAAGAGTACCTGACAATTTAGTACAATAAAATACGTAATCATAAAGACCTTGTACATTTCTTAATGGTATGC  
CGTTGATATTTAAATCTCACTCTATCTAATTTACAAATAGAGTTATTTGACCTAATAACCTTATTACTCAACAGGA  
GAACCTTTAACACAGAAATTAGATATAGACAGACCTATTAGTGGTTGTGTAATACTAGTGATGCCTGATATAAAGCTTC  
TCCATTATTACCCTTGCCTAACAATCTGTAGTGTATATTATGAAGTGGTACTCCTACAATGCCAATATAAAGCCAG  
AACTTAAACCATTACCATCTGACTCTTTTGTATATTGCTCTGGTATGTTATTATCATCAGAAATACAACGAATATAATGA  
ATACCTTCTGTATAAACCATCTGGTACACTTGAATAGTATGTTGCCATGATAGTTAAAACCATGTGTATAATTTCTACG  
AGCTACACAACTCTTATACAAAGATTACGAATAGCTATGTCTGTAATTTTGAAACCACTTACAGAGATGTGGTAGG  
ATTGATCTGTGCTTAGAAATGTATAACCACATCTCCTCTGCAACACACTTAGAAAATTTAACATTATACACACCATTTATA  
TCTAAAATCTCTGTTGATTAGATGCCAAAACCAAAACCTTTCCGCACCTAAAAGCATAACAGTTACTGTATAACAGAATC  
ACGTAATGAAGTAATCCATAAGCCATAAACACTACCTATAAATGTGACTTTATCACAATGTAAGTGTGTGACTTTGATGAG  
TAGAACCTACACGAATCTTGTATAAATATCTGGATATCTACACTATTTCATACATACCACCACTAAATTAATGTTA  
CCTAAGATAGAAATATTATCTTGTCTATATTAATAAGGAATCTGCTGTAATGGATAAATCTGATTTGAAAGTAACACC  
ATAACCTTTTAAAGTCTGACCTTGAATAGGTTATGGTTACCTTGAGTACATATATACCTTTTGGAATAAACAACCTC  
CACCTATACCAGCGCTTGAATTTGCTTTATCTATAGCAACCTTAGAGGAAACAACACTGTAGGGTCTGCACCAAAATCA  
ACAACATGGTTACAGAAAGGTATACCCATTAGTTCTTAAATATAGACTCTATTACTTGTATAAATAGTAAAACCATG  
TTTTATTTATCAGTAGTTGGTTAGTCAATGACATGATACCTCCTATTATTACCCAAACTCCCTATGAATGTTGGCGA  
ATAATAGGGCGGTCAAGAAACCGCAACTATCTTATCTTCTATAGTGGTCTTAAATAGGTAAGCCACTGATAGTATT  
GGTTACGTATGATTAGTAACTCTTTCTAGCTCAAGAATATACAAAACCTAAGTATGATAGCATCAGGTTTATCAAAGCATA  
CCTTGTGCTATTTCTGATAGCCTTATTCAGTGTGGTTTCACTGGCATTGGTTTGTCTGTGTCGCTAGGCTTTGACAC  
CCCAGAGTGAAGTAGAGAACCAACCGAGGATATCATTAATAATGTGACGTTGAGTTTGTGACTTCTTGTCTTCTCT  
TAATCTGTAAAGACTTAAGCAGGTCAATAAGACCTGCCAAGATGAGCAGTAGCTTATGCACAGGTAATCACTTCGCAAAT  
GATTTCCGTGACAGCCTGCTCACCACCAATCTCCATGCCAAGTGCCGTACCAAGAATAGCTAAGATAAGTGAACAGTAG  
CACCTACCCTTTCTGTTCTTAAAGATCTTCTCATGATTCTCCTTTCCACTCTTGTGCCATTTTGTGCTAGTACT  
CCACTCCTTGAAGTCAACCGCTTGAATGCTTGTGCAGCATACTACACACACTTCTAAACATCTAACCACGCCAACGA  
GCCTTATACCACGAACATCAATGTGAGTAAAACGGCTGCATAGCGCCCAATACCATACTTATCAGGATACTTTGTTTC  
TAAGTAATCAGCTACATCAGCAGGCTTACACCTTGCCTTTGATATCTGCTGCCCTACCAGTAAGATGCATAGAGTTAC  
GAGCACCACCTACATTTGGCATTATGCTTAAAGCAACAGTGCCTGATGTGATAATGATAGTGTGGCAAAGTGTTCACGT  
ACATCTGTGATTAAGTAACTCATAATCAACAGTGTGATACACAGCCACTTACACAGCCACTTACAACTACTTCTT  
AAAATAATGTTTAAACATTAATACTCCTTATGCGGGAACCTACGGCAATATCAGTGGCTAAGATACTCCAACCATCTTCTG  
GTAGGTTACCTTTAGCAATAGCGATAGTTAACTCTTCCGCTTCCATGAACCAACCATAGCACCAGTTGCTTACCAGAT  
AGGTGATACTGGTTCAGGTTCAGAGTCTTCTTCTAGTTAGTTCTTCTCTCCACTACAGGTACAACCAAGCGGTTGCGAGT  
GGTAGGTAAGTCTTTTACCTCGAAAGCTTACCTGTTACTGAACTGTGATATGCCATTGTTATCTCCTTATGCTGGGTT  
GATTTCCAGTGTCTTTTAAAGTAGACCTTATCTTGTGCTTACTACCAACAGCAACCTGTACACGTACTTCTAAT  
CTTTATTAGAAATTAAGAAAGCACCATTCTGTTTACCAGACTTTGTTGCATCATTAAATCACTTGCCTTTTTCTCTACA

TCAGCCTTTACCACAACCTGGAACCTGCTAAGTGAGATGATTTGGGTTGCTTCATACTGCGAGGGTGTATTATTGGTAAACCC  
TTTATTGCCATAATCATTACTCATTATATCTCCTATTATAATAGAATAATAAGAAGAAAGAAAGAATAAGGTCGGGACTG  
TAGTACCCTCCTCATAAGGTATACCTAGTTACCTAGGTCTACATAGGTATACATGACTACCTATAATAACCTGTATTA  
CCTTCTGCATCCTTCTATAGTGGTCTTAAATTAATAAGCCTTGAAATCCTTGAAGAAATTACATTTGACTTTTAGTG  
GAGAATAAGGTTCTTGCACATAAACTCGCTTCTGCATCGCCACTGAAACAGTTTGTACTTCTCCTGTAACCGTGGTCTTGT  
CCTGTGAAGAATCTCTACGTCTTCAGGCTCATGCATCCTTCCAGATAATCGCGCATCCTGCTTCTTACGGCCGTT  
TATACGATAAATCCTCGTACATAGTCTATCTGAGAAGTAAAGTTCCTTACAGCGCCATACAGAGCGTAAATCGGCTCAT  
GACGAAGGCAACCTTTCTCCATTGTGATATTAGACATCTGTGCAAAACAGACTATAACTCATACGTGTCTCAAGAGGATAA  
TGCTGTACGCTATCAATATCTTGCTTAATCATTTCTGTGTTGAATATGATTCTGTGTGACAGATTAATGGCTCAAGTGT  
ATCAATGATACGTACCTCTTTGACCATGTGCATAATCTTACCAATAGTACAGGCCACTCACGCTCAAAGTATGGCT  
TAATTACAGCGTCATATGCACCGTGACCCATGTTCTTCTCAATAAAAAACCTCACGTACACCTGCATTTCTTGGCTCCGCT  
ACAATGCGACTAAGAGGCTCTGAGCCATATCCGCCTTGAACACCAAAACACCTTTATATACGTAATGAATGTACCTAACAG  
GAATACAATTGCCACACCTGTCTCATCTCGTTCTTACCGCCACCAGCAGGGTCAATGTACATAATCTTACGTTGTACAC  
TACGCCACTCATAAGGACGCTGTACGGCGGATACAGGAAGTCTGTATGGCTTATTACCAAAGCGAGGTGCGTCTCCAATT  
AAGTTTATGAGTCATTACTCCACACAGGCATCTGGTAATTTGCTGTGCGGAATGACATCATGTTAAGCTGATTGAG  
TTTTAAAGGATATCTGTACAGCGTCCAGCAGTCTTGTGTTGAGCATAAACTGTAAGTGAAGTGTAGTAACTGATTTGAG  
TCTCCTTCTCAATAAGCTTCTCATCGTACATATCTCAGGGCAAGTAGGAGCACCTTGTGTTCCATCAATACCATAACCA  
TGACGTAAGCTAGGGTCTTCTGTACATATCCTGCTTAATCATAGGAGCTAGGAAGTACCATAACATGCTTCTTGTCTAA  
AGTAGGATAACGACAGCCATACCGAATTTGATAACCAGCAGGTAATTTGTTGATATAGAGTTAACACTTTGAG  
GTGTACTAGGTACAGTAATACCAAAATGGTTGATAGCTTAACTCTTTAGTTAAATCCTTAAACCAAAGCAGCACT  
GCTGCCGCTCTTGAGTCTGTAATGACTCTACGTCTGTGCTAAGATGATATCTGCACGAGCACCTTGCATACCAGATTC  
AATTGAGTAACATGCAACTGATGGTGATTTACTACCACGTAAGTATAGTGAATCTCAAAGCCTTTGATAGAAGCTT  
TGTCACCTGCATAGATGTACGGGAGCATAAACTCCAAGAAATCTAACCCACGGAATATTTTGATAACCCAACTGC  
TCTTCCAGCGTCTGGCTTGTGACACAATCATGATAGCTTAACTATGTTGTTTCATGAATGATACGGAATAACCCGATAG  
AGCTGCAATGGTAGTCTTAGCTTGACCACGCTGTGCTTACCATGCGATATTTGTTACCCTAAAATAAGAACTTAAGGA  
TATCAGCTGTACTCGATTAAAGTCAGGATTACCAAGTATTAATGTATTGATTACAACCTGAGCAAAAAGAAAGGCCCT  
GCAATTTGATACGGGAATGTTGTTGTAACATGCAGAGCTTCCCATCGAGCAAGAGCTTCCGCTTGTGACTCTTTG  
TCTATGCTTAAAGCTCTTAAACATCTGTAAGTTAATAACTTGGCTGAGAAAGTGCCTGATTGAGCCAAAGCTT  
AGATAAAGTACTCTTCTTGTGACAGCAGGAGTAGCAGTGATACCATTATCTAGCACCCATTTACACATAGCACCCA  
TATCTTTACCAGATACTAATGCAATCGCTGCATCAGGGTCTTCTTCAATTGCATCTAAAATCGTCTTTGCCCTTCG  
AATAAAGTAACTAGTATTGACTATGAAGGATAACCAACATCATCTTCTGATGCTGCATGTCTATTTATGCTCATGTCT  
CCTTCCATAACTTATCTTGTATATACCAATCTCAATCTGCAACACCGGTATAAATAAACGTTGCAATAAGTACCCAG  
TTATCCCAACTGACACCAAGGAAAGTACCACAGCACTAGAACAGGCGGTGACGCTTCCAGTGTCTACCCAGTT  
GTTAATCATATCACCTCCTTATGCTATCTTAAGTTTACCAGTCACTCTGCAAGCAGGATGTTGTTGTTGAAAAGTAA  
AGTACCCTCAACAACATATGCATCATCTGGTTGATACAAAACCTTACAGGTATACCTCAATAGAGAGGAACTAGTACCT  
ACATCTACTTTGGTCTGCCCTTCTTCTGCATCTATTTAAAGTAAACCCAAAGAGCTTTTGTCTGGTGAAGCAATACG  
ACCAATAAGTACGCTATACTTCAATCTCTTAAAGTAGTGGTTCAGATAGGATTATCTTATTACTGTATTACATGAC  
CTTTGAGTTTATGTTGAAACACACCATTTGATGAATACAATAACACTATCAAAGATATAAGGTTGAGCTATCTTA  
CCACCTTGTCTGGAAGTATAAACCCAAAGGAATAGTCTGTTGCAATACCAGATGTCATAGCTTCTTAAATCCATCA  
CAAGATATCTTGTCTGGTTTCAAGCTGTCTGAGTGTATCAACAGAAATCAAGCTGACCTTATTTACTCCATCTTT  
GGTCAGTTCATCTCTCAGGTTAAATAATCTTATTACCACCCAAACATCTGCTTTACAAAATAACCTATGATAA  
AAACCATCAAGTAACTCTTGTGAGATTTCTAATAGGTTGATAAAAAGAACCATTTAAGGATTTACATCTAACATG  
TCTATCAAACCTCTGCATAGTCTTTTCTTATCAACAACACGCTTATCCTTAGCATAGTACCTGCTGTTGGTGGC  
TAAAGGTAATCTGGTGTGTAACAGTTACCTCCCAACCTGAAATAGCGACCCAAATCATCTTCTTACGCTCAACT  
TACAGAGTACGTAAGTACCCCTGTCTGAGCCAGAGAAATCTAAAAGGAAAGGTCACCTTGTAGTACCATGCTG  
AGTAAAGGTATAACTCTCAATCTCCTCAATCAACACTGGCTTTAGTCACTTACGCTACGCAATTTGTTGAGG  
AGGAACAAGGCGTCAACCTTGTCTACTAATGCGGTGATAGATACATCATCACCACTGACATACTGGCAAATGCT  
GAGATACATCAACAGCATACCAATTAACCTGCACCAAGCAACCAAGTACCAAAAACCTTGTGAGCGGTAACCC  
CTAGGTGCATTATAAGTGAATCAGGAAGCAAAACCAATGTAGCTAGAGCATCACCAAGACCAAGCCATGCTACT  
TGGCATTTGTTAAATGACCAAAATGCCATGTTCTGCTCATCAAATCTCCTTGGAGAACTGTCTCTTACGGATCA  
CTATTGCTTGCATCTGCATCTGTGTAGCATAAGAAGCATAAGCTAATAAAGTACGCAAGCTAGGATTTGTGCTGC  
ATCTTACACCAGCAAAATCATGGATAAGCTGTTTCTCAATAGATACAATAGAGAATGATTTAAATGAGTAAGTGC  
GCCCACCATTTATTCACAGATACTTCAATACCAATGAAGTGCAGCTGTATCAATCTACCTGCCATACGTTGC  
CAACACCTAGTATTCTTAAAGTCTGGTTCATAGCATCAAAGTTCATCATACGAACTTGGCTTGCATTGTGAGG  
TAAGCAGGGTTATCATCAAAGTACGCTTAAAGTCTTTTATAACATCTGCCTTAAAGCCTACTTCTACTAGGTT  
AGGAAGTACACGTTACCTGATAGATGTTCTTTGAGTCTTTATTAATAGAACGAGTACTATCTTTCTGAGCCACCT  
GAATTGCCTTAAAGCCAGACAACCAAGTTAACACGGCTACCCATAGCAAGGCGTTATCAATAATAGCGGACAAT  
CCAAGATTAACGAGACTACCAAACTCATATGACGAATATCCAACAGTAAGCCAGTTATCTTACCAATATATCC  
AATTAAGTCTCCTCTTAAATTCAGGTTCAAGTAAATCTTACCTGAGCCGTACCACCTTACGCTCAGCAAGAGC  
GTAAGAAGCGTGTAGCTGGTATTGACTTAAAGGACAGTACCTAATCCCATCTTAGAAATAGCACGAGCCAATT  
TGAGCGAATCCATTTGACCTAAGCGTAACAGTGTAGTCAATTCACGTACACGCTTGTACCTTACGATGCCAGA  
AGGCTCAGCATCTATAGTGTACCATAGATTAATCGCACAGAATCTTAAAGCATATCAGCTCAGCAGTGTGTTG  
TAGCTTTGATACGAGCAACCAATTAACGACCGCAGCTTCTCCTGCATCTATTGCATTGTATACAGCTTGCCTT  
GGGAATCCCATAGAAGCCAGAGCAGCACCACTGCTGCCTTCTTAGTATAGTTCTCAACTATCTCACCTACGTTA  
AAGTAAATCTGTACCTCATAACATTGACTCAGCTTGTGATTGATACCCATACTTGTCTTACGACGATTAGAAAT  
ACTTGCCATCTCTTTAACTCTGTACTTCAATGAAGTTATCAATGATGTGGTCAAGTACTTTGCTTCTTCAAAAT  
TCAATAAGCTGAGCTTGTGTGCTGAGAGATTACACGGTCAAAGTCAACAGCTGATAAAGTGAATAGATGACG  
TAGTAATTTGACTCTAGCTAAGGCATCTGCTGCCTTCTTACCAAGACCATACTTACCTGTTTGAATAACCTT  
AAGCAATAACAGCTTCACTACTACCAAGTTTATGATAGCTTCTGTTACCCTTATACCATCGTAGATAACTGGC  
TCTTTAGCTGCCTTGATATCTTCAAAGCCAGCCTCACCAAGCTTGTACGAATATCAAGAGCTTTCTTCAATTT  
TAACCTCTGCTGCCATCTTAAACACCAGGTTATCATCTGGAATACCAGGCAATGGCTGTGATATCTGATTAT  
TGAAATCAGAGTTACAGCAGGATTAAGGAAGTCTATTTGCTCTCAAGTTATTATCTTGTGATGAAATGAGAAC  
TTGATCTGTTCTTCTCAGCAGAGCGGATTATGTTAGCATTGAGGTTAGAAAGATAAGAGCTGTCTTACCTTGA  
ACCACCTGTGCATTCTCTAGTAGACGTAAACCAAGACCAGGCAATACAGGGTCTTGAATTAAGAATAACGAG  
CAGAACCTAAACCGCAAGTTTACTGGCTTGACATAGAGTGCATAGCCTCACTTGTAGTTACATCAATAAGGCT  
ATTTTATCTGAGAGATCAAACCTGTTCACCTGTATCTGAAATCTTAAACACGAGCCGAGATAGTGTATCTTGT  
CTTAGGTTACTCTGATACCTTTGCTTCTTCTTACCTTACCTTATCTCTGCATGTTGCTGTTGGTGTCTTAGCT  
TGGATCTAATCTCCTTAAAGGCTTGTGAACTGCCTTGCATATCAACACGAGGTTGTTATCTAAACCTAATCT

TTTAATGTGGTTCCTTGGTTAAAGAAGTAAACCTTTTCAGTTCATCTTTAGCCTTATTGACATTCTCAGCAGCAGCAAG  
TTTGACCTTAACTCTCAAGTCTTGCTGTCATATCAGCAATAGGTTTCATCATACTTCTTGCTAAGATACGCTTCTGTA  
CATCTAGGTTAACTCGTCTCTCTTTATTCCTTGGAGCACCAACCTTAGCGGAAAGCTTCGGCTAGCTCATCTACCTTCGA  
CCTTGCATGGTAGCTACTTCTGTTCTAAGTTTCTTATCTCAGAACGTAAGCTAGCTTCTCTTTACCAGACATACGAAC  
ATTGGTATTGATTTAAAGTTATCAATATGTCTTACAACAGCATTGTGTTATCAAAATCACCAGCCTTATAGGATGCA  
CATCACGCATAGCCATACGCATCATCTCATAGCTTCTTACAGCTTATGATGCAGATACATAACACTCATCAGCA  
CCTTTAATCACTGTATCAAGCCCATCTACATCTGCTTATAGATGCATCAAAATGAGCCTTCATCTGACACCTTTAGCTCT  
TAGTCTTGAACAGCACCGATAGTACCGCCATGACAACACCAATCCAGCAGACATAAAGATATCATCTACATCTCTGT  
AGTAGTCACCTTGGTTAATTATAGCCTCTAATGCGGCATTCTCCACACCTGCAATGGTAGCCATCTTAGCTATGTTACCT  
ACTCTTTTCAGCTTGTATGACACAGCAACAGGAGCAGCTGCAATAGAGACACCCCAACCAACAGGGTCAAACAAGGCCG  
AGTCATTTGAGCACCAAAACCTTTCAAACCATTACGAGCTAGTATCTGATTTCTTTCTAAATCAGCTTGAGCATTAGCAA  
CTTTAAATTTGCAACTCAGCCTCAGATTGTACGCCTTCTAATATCTCTCTTGGATACATCAAAGCCATACTTCTTAGCTAGT  
TCATCTTTTGGTTCTTGGTTTACTACATAACCTTTCATCAGGCTCAAACCTCAGCTGACTTCTAATAAGGGCACGTTCCAT  
TGCTGGAATAGCCATTCTTCAAGTGCAGTCTCCATGACCTTATCATTAGCACGTTGTTCTTCTAACTTACGGTTAG  
CTTCTGCAACTTGAGAAAAGGTTAGGTTGTAGAAAACGCCTGTAGCACCAACCAAGATTGGTATTAACACTAGCCATG  
TTACCTCCTTAAAGTAATGTTATTCTATAAAGACTGTCCAACAGTGTGGACAACCTTGAGTATAACACTAGTTAATCTTAA  
TCTTACCCTCTGGTAGATGAATGTAGACTGCCTTCTTAGCAGAATAAACTTGTAGCCAGCCATCTTTATCTATACGA  
TTCAGATTACTGCAGTATATCATCTTTACCAATGCACGGCTAAACTTAACATACATAGAACCATCTTCTTAACTTC  
TACTTCTGTTATCTTAGGTAATCTTTACCATAGCCATGTTATAAGCACTTGTCTTCTTGGCCAAAAGGCCACCCTAC  
GTTTACCTCTGTAGTGAAGTGGTAAACATCTCTATAAACCCATCACCAAAAGTTTCCAGCTTGAAGTAGGCAAGAGCA  
CGAGGTGATTTACTGATACCACCTTTACCTAGGTTATATGTTAAATCCATGATACCCCTCTGCAGTGTAGGGTGCATCTC  
ATCAAATGGAACCTTCCAGTCAGATGTAGTAGGTATATGTTTCTTTAAGTCTGTCTAAGCAGTGCATTGCTCGCTCTG  
GTGTTAACTCAGAAGCCCATCTTCAAAGGAACCTTCTCATCACCATAAATGTAACCATTAGATTCTCTTGTGTT  
GTGATGAAGTGACCGTAGCCGACGGAATGACCATGTGCCATCTTTGTAAGGAGTGAATACACCCAGCAACTTATCAAGACC  
TACATTATCTCCATTCTCTGTCTTAGCTACATAGTTAATGAAGTCTGCGTTATTCTTCTTATATCCAACTCAAAGTTAG  
TAGGCAAACCTAGCCCTTCTTGAACCATCAGATACTAAGAAGTTAGAGATACCCATACGTGCTACTTCTTGGAGCAGTA  
GGTGTCTTAGCTTAAAGTGTAGTCTCCCTAGCCATAGCCCATAGCCAAAACGAGATAACTGCTGTCTCTCAAAGCTTT  
CTTAGCATTCTGCTCCTTAACTTTAGCATTGTAATCTTTGAAGAAAGTTGTGACTTGGATATAAAGAAAGGCA  
TAGCCTGTGTTAGTGGTATTTGAGCGGAGCCACCGGTATAACAAACATACCAGTTTCATATCCACATCATAGAATAGG  
TCTTCTCTTCAAGGCCACCAGATGCATCAAGTAGCTCTTGTGTACTTATCCATGTACAAACGTAAGCTCTTGTCTGT  
ATCTTCTGTATTGTACCTGTATCTATAGTGTCTCTAATCCACGGATATACCACGTACAAGTACACCTTGTATTGAA  
AGCCCTCTGCCATTGTGATATTTAGTCTTAAAGAAAGATTCTAAGTGACGTTTGTATTGTTATTATCTTACCTGCA  
ACTTTCTACACAGGACATTCATTGCATCATATAACATAATGTCACGTCGACATCACTGTTATACCTAGTGT  
TAACCAGCTACCACAGCTACACTATCAACAACGCTCTACTTCTTCACTTAACTCTTTATAACACTACCTGAAAGAT  
TCTTACTACGAGAAGCACGTTGAGCAAACCTCAATAGACTGAGCTGTGTTCATACCAATGCGAGTAGCGAAGTCAATGTT  
TCTACGAAGGCATCTTTCATCACCATGACTGCAGCTGTGCATCTTCTGGTATTGAATCTCTAGCCCTCATCAATGT  
CTGTAATGCTTCTGTTACTTCTAATCAATAGTGTATGACTAGCAGGACATCTGCATCAATGACTTACACAGCATTGGA  
TATTAGGGTCTTTGATTAACTGTTGACCTAATTTCTATAAAGCATTGCTCATAACGTCACCGGATAGCTTCTGCTTCT  
TCACCTTGGAGCAGTACGCGCAATCTCATCTTCTGCTAATTTAGTGTACACCCATAATAGCTTCTGCATAAGTCTT  
ACGGCTTTCTCTGAGATATCTGTAAATCCCAAAGGAGATGCACCAGTACCTCTCGCTAATAAGTCTTGTAGATTGCA  
TATCAGCATGTGTTTGTACTTTATCAAAATAGTGTATTTGATTCTACTATCAGACCAAGCAGTACCACAGCATTGTA  
TTATGATTTTCCATAATCTGTAGCATCTCAGACTTACTTAACTCTCTGCTCATAAGCTTTGATTGCTGAATCTTTCTT  
CTGGAATAATGTTACCTGATTCTGAGCCGCCATGTACGGTTAGCTGATATCTCAGCAGTCATGATTTACCATTGCGCT  
CATATAAGGAAACACCTTGTGCATCTTTAAGAGACTTAGTACCATAACTAAAGTACCATCAACATAGATGCACGCTCC  
ATTGCTATTTGTGAACCAACTCTCATATTTCAAGGTTAGTCAATGTGATGTAATAGCTTACGTTGAAGCTGATGTAG  
TGCCGCTCAATAGCTTACCAGACAAAACCTCAGTAAACATAATGATACGAGAGCGCATTGATCAGTACGCTTTGTG  
CTTCTCTTGTAACTTAGCACTTGTCTTGCAGAGAATATCTTAGGTTGTTGCTCCATGAAAGCATTAGTGACCATCTT  
ATTGATCAAGGTCACCTTGTAGCTCAGGATATTGCTTCCATAACTTATCTGTACACCATTACGTGAATCTACAACCTAG  
TTGCTCCATTCTCATCTGTACCTTGGAAACGCTTAGCTTCAACAGAGAGATAAGTTGTCTGTGAAACAACATCATTCT  
GTAATTTGACAAGCATATGAGCACGAGTACCACCAGGTTGACTTACATCAGATGGTAGTAACTTGCATACAGCAGCT  
TATTGTCTAACCTTATCATCTTCAACTGCCTGATTATATAATGTGCGGTGCCAACCTTAGCGAAGGCACCTGTGCACCTAA  
GAGGTACAGTACGAAAGAAGATTTACTACGGTCAAGACGAGGTTGACCAACTGTATTGTTGAGGTAGCAGAGCCACGAG  
TAACACCTTGTGGTTCAGCTGGTTGCAGGCTTGTACTCTTCTTCAATAGCCATATTACTCTTATTTAAGTTTAC  
CACCTTTAAGCATCTTACTTCTGCTGAGGTTACTCAGGTTACTGACTCAAAGTAAAGATTACTCAAGTTCACTTATGCA  
AATTGCAAAATAAGAGGTAGCTGCACCTTCCAAAGCCAGACACAAGAGAATAAATGCAGAAGGTTTGTAAAACCTGTTGCAT  
AGTCATTTGACCACCAGTTTGTATTGCCTTAGCTTGGTTGATAAAACCTTGTGTGTCTCTCATAGTTATCTATTAAC  
GTGCTTGGTTTCTTCCAGCTTGTCTGCTAAGTCACTAATCATAGATGAGATAGAAGCACCACAGTACCAGATGCACCT  
GCTAATAATCTACTTGTCTTGTGTGTAGTATGATTGATTCTGCATTATCTGCTCGTATGGCTTTTATTAGC  
AACTCGCTCAATAGCTAGTTGTCTATATTGCTCAGAGTGTAAATCATTTGTTGTTTCCATTGCTCCTTGTGCT  
CTGCTAAGGCTTCTGCCTCAGTGCCACCATCAAGGAAACTGGTAAGCCACCCAAAAGTGAGCCACCCATAGCCAAACAAA  
CCAGAGTTAGAGAAGCCAGCAGTACTGCCACCTAACCAACTCATTGCAGAAGACATAGCACCCTGCTACCAAGAGCCG  
AGTTGTTGCTCCTACAATTGCCATTAACCTCCGTTTACTAGGATTGTACGTACCTTCCCATCTATCTCTAAGCTG  
TAATGTATGAGGACCTTGGCAATAATGCGGTACACAAACATCTAATCTTTGCTCTCACAGGAACTTAAAGACACCAT  
CAGAAGGTTTCACATAACCAACAACGTTGTTTCTAGCACCCTTCTTATTAGAAGCAAGTGATATCTTACTTTGCCA  
CTACGAATATCTTAATAGACACTTGAATCAGGGTACAAATCAAGATTAAGGTGAACCAACCCAAACAGTAGGTACATC  
TATATAAGACACACGTTCTGATTATCTTTGATAAACTGGTGTAGGTTCAATCTCAACTGAGTACACATAACCAACAT  
ATGCCACGACATTCATTCTCATCTTCAATGTCAAACTTATGATAAATCTTCTTGTCTCTAGTCACTGTAATAAAG  
AAAGAGCCACCAACATAACCTTCTATGACCTTGAAGTAATACACACTCTAACATTGTGGCATTATCAACATCATAAGGTA  
TGGTGTATGATCCCATACATTAGCATGGTCAATTTAAAGTCAACCTTAACTTGTCTGTCTAATCTGACTCTATCTT  
GTAGTCTTCTGGCAGTGCATCTCCTAAGTCAAAAAGCTTCTAAGAAATAAACCAGTGTACCTCTTCCATCAGAGCATAC  
AATATTTCACTAGCAATAAGAATAAGGCTCTACTTTGTGTTAATCAGGGAACCCAAACGATGCAAGCAGATTTGACTCTT  
CTCGGTTCTTGCACAAACCAATCATAAGCATATAACAACCTTATCTTATCAGTAAATAACAAAGACACGATTTGAT  
TTGACTAGCAATCATGTGAGTATATTACCTTGAAGTAGTTGTTAATCATGGCTTGTGATAGGTTGTGCTTTCTGGTA  
TCACTGTATGAGTCTGTAAAACTCACGTATACCAGGTAAGCCCTTCACTTGTAGCAAAACATAACAGAAATCACCTGT  
AACTACTGGCTTAACTCTGTTGCTACTTCAAAGGTGGTAACAGGCTGTGACATTACATTACTTGTAGTGGTGTGT  
CACCTGCCATAGTGAATGAGATTTATCAGAAAACATAACTGTGTAACCATCAAGTGTACAGCATGTTTCAAGTTGAT  
ACTTCACTAGCATCTGAGAATGCATCAAAGGGTCAAGTGTCAATTTGAAGATACTACAGTGAATCGGAAGAAGTCAAAGAA  
GCGAGATGTACGTGATATACCGCTCTCTGCTGTTACACAGAATCTATTTGAACCATAAACATACCACCTAAAG



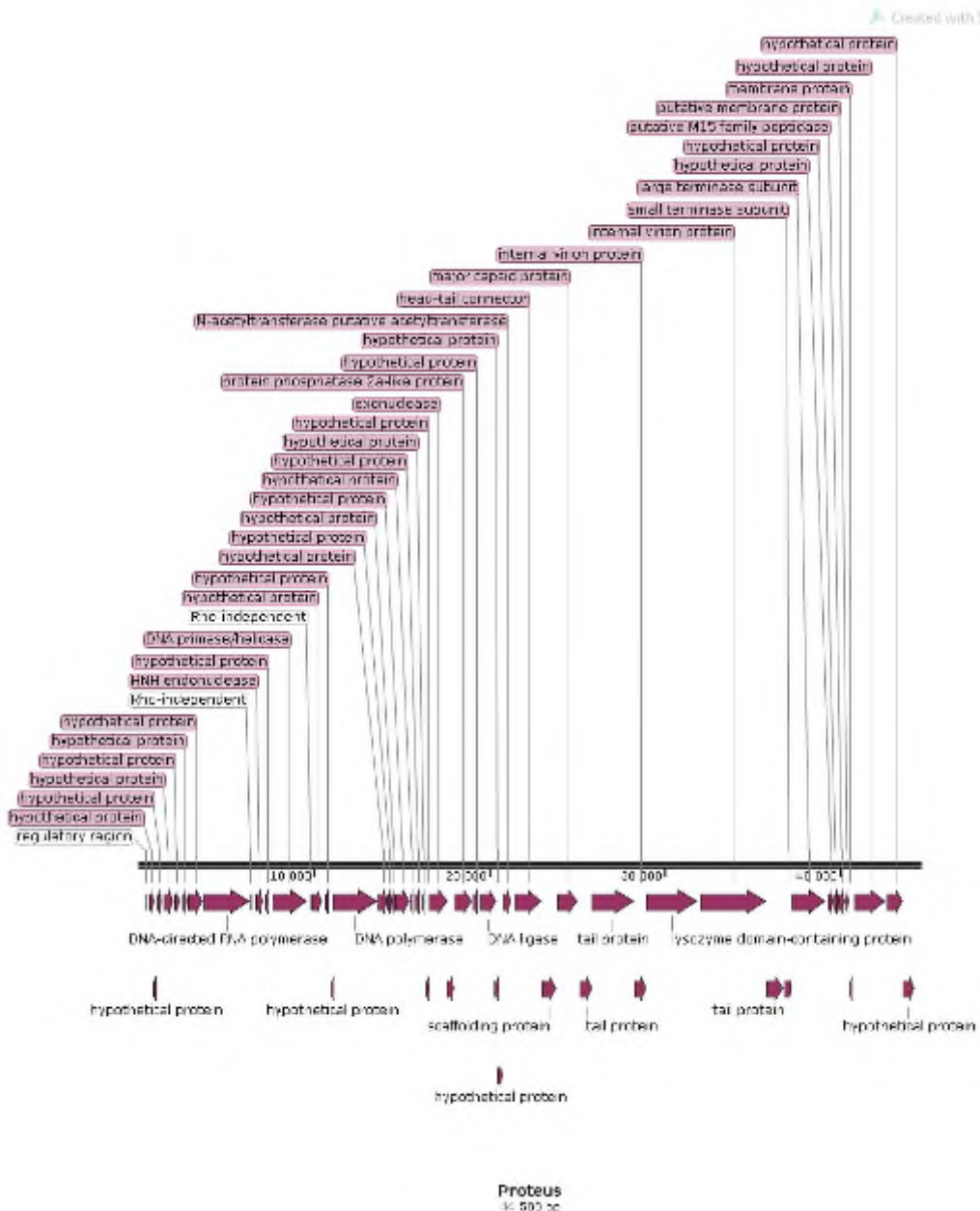








TCCTTATTAAGTTAAGTTAATTTACAGTGAGCCACACTAAGCGACTCACTAGGCTATTAACCTCATGCTTACATTATCCC  
AAGACCAAGTAAGCAGATTTGATTCTAGCCATTCTTCAAGGTCTTCTACATTGTCACCTATTGCTTACCAGCTTGCTCT  
GTTTCAAAGATAACTGATTAAGTCTTTCTTCTAAACTCCAATCATATCCTTCATGCCAATCAAAGCTAAACCAATCATC  
TTTTGTGTCTAACTCTTTCACACTACCATCATCATAATGTAGCTTAATGAGAGGTTGAAAATGTTAGATATAAGCATTCTT  
TGTCACGCTTGAATGTTCTTTGAGCACATCTTGTATATAGTGCCATTTACAGTGTTCACCTTCAATCAGGTATAGTGCA  
TTATCCATAGTGTTACCATCAGGATAATACATAGTACCATCAATGTTGATTCCATAATAAAGGGATAGTCACTAGGTTT  
TGAGTCCATGTTCTTTAAAGTATATATCTTTCTCAGCAGATAATAATTTAAAGTGTACATCAATACGATTAAACATAG  
TTAATTACCTTTAGTTGATTGATTGATAAGTTACAATCAGCCTACCTATGTAAGATAGGCTTGTCTAACCTATCACCTC  
ATTTCCATATTGTTAAAGAGCTTTACTTCATGTTGTTAAGTGTATTCTGTATGCCGTAGCTTGTCAAGTATTTATTTAAA  
ACATTTTAAATGGAATTACATCAAACTCAATGCCATTCTCCACAAGTAACTCCCGTAATGTCTGCTCTGAGTACATG  
CGTTCAATCTTAACATACATACATCTCTTGGTCACCGTTAAGGTTATATGTTTCGGCTTTCAGCTTCAACCAAGAAGATAA  
GAGTTTTAAAGGAAGCATAATCTGATAAGTATATCTCGTAGAACATTAGATAACCTCTGTAATAACATATTCGATATTATT  
AATTCCTATATCCTCAAGCATATCAAAGCAAGCTTGCTTGTGATAACACCTAGTGATAGTTACTTCAAACAAGTTTAAAC  
CTAATGATAAAGCGTTTCTCTTAGGTACTGCATTATGCAAACCACAAAGTAACTCATAGGTATTTCTATCAAATGTTGCT  
ATATGATGTTTATACATATACACCTCATCAAATATAATGAAGTCAACAACATCACCTGAGTAAGCCTTACGATAACTCA  
TGATTCTATCAGCACCTCTTAGGATTGCTTAGGTGTTCCATAACTCCCATGTTAGCAAGGTCTACTTTGGCTTGTTC  
CAAGCCTTCTTAATGTAACGCTTCTTAGCTTTCTTAGCTAACATGATAGCCTCAAAGGTTTCATATCTAGCACCGTAGCA  
CATTGCATATTTAGCAGTTTTACGCATCTTATTTAGTTTCATGTTATACCTCATTAAATTATATTAAGTAATTAACACTACG  
CATACATGAATACACCTAACCTATTGTTAAAGAGCAAGGTAGACGCTAGTCTCTCATATGCCTTACTAGCTGGTACT  
AAGGAAGTCATTCTCTACGTGTTACATAGTATAACACTAAGTAACTAAGTATAGCTTGCAACACTATTTAAATTACATTGTT  
TTCTATAGTGGTCTTTATGTCCAACATGTTGGACAAGGTAGTTACTAAGGTTACACTAAGTTAACTAAGTTATATCATG  
TAGGATAGTCTATGTTGGCATCAGTTAAGGTGTTCCCTCTGCATCTTATTATTTATTCTTTCTTTGCTTGCTTAG  
CAAGTACCTAATTGCATCTTACAAGCTTGTGTCTTACTAAGGTAACACTAAGTAACACTAAATACATCACTAAG  
GTTACACTATGTTGCTCTATGTAGTTTACTAAGGTAGTCACTAAGTAACTAAGTAACTAAGTAACTAAGTAACTAAGTAA  
GGTTACACTATGTAAGCCAAGGTAACACTAAGGTTGTTTACTAAGGTAAGACAAGGAAAGCAAACAACAGATTACAGTAAG  
GCAAAAGAAACAGATAGCCC



## Рисунок 40 - Карта сиквенса Proteus phage (Pr 4 - УГСХА)

### Enterobacter phage

Нами были получены биоинформационные данные сиквенса Enterobacter phage (E7):

- 1) Длина цепи – 36 030 п.н.
- 2) G/C-состав – 50,64%
- 3) Молекулярный вес – 11103 кДа
- 4) Молярный коэффициент – 382 137 600 I/mol
- 5) Температура плавления – 85,64 °C
- 6)  $\mu\text{g}/\text{OD}_{260}$  – 29,05
- 7) А – 23,1%
- 8) С – 27,0%
- 9) G – 23,7%
- 10) Т – 26,3%

Карта сиквенса Enterobacter phage (E7) отражена на рисунке 41.

```
TTATCAGGAGTGGTGTAGAAGGTGCGGTCAGCAGCCGGAACGTAGTTCTTGGTCAGAGATGCACGAGCGATGGTCAACTG
AGCAATAATCGCTTTACCCAGTCAACCCGGGTCAGTCAGGTCGCCAGTGGTCCGGCTTAACCAGAGTCAGTACGGTAGGCT
TACCGAGACCCCTCGATGTTCTCATTGGAGGCGTCCGGCAGGTTAACCCAGACCAGCCAGTTCAGCCAGTACAGCACCGTCA
GCCGCCATCGCCAGAGATTCACCCAACTGTGCGGTGTAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGT
GTAATCAGAAACGTCAGTCAGCAGGCCATCAATGTGGATTACCTTCTCGGTGTGTTGATATCCTTACGTTTGTTCAT
CGAGGTTCTCACCCGGTTTCAGGTAAGCAGCTTTGGTGCACCAATCACAGGGAAGTGTGCGGACTTACCGGAAGCAATA
GAGCGCAGCATGTGACGAGGCATTGTACCGGAGGTGCGAGCGAAAGCAGTCAGGACTTACCACCGAACACTTTCAGGAA
CAGCGCCAATTTGTCCGTCGCGGACTGACCCCTTACCCTGATTAGTACCAATTTGCTGTCCGCCTTGAATGTTAGCCATGT
TGAATCTCTTATGTTAATTTAAAGAAAAGTTGGTTACTACTTGAATCGAGTTGGTTCTCAATGTTTAACTACGGGAG
TGACCACAAAGTTCTGTGCTCAGGTGATTCAACCATTGTAGTCACTATGGTCTCTCCCTTATGTAGGGGTTAATTAGAA
ACTGGAGTCGATAACSTTCTGTCTACCATTTGACGGTAGGCAGCATCACTACGGTAACGCGGGTCACTCATAGCTTTAA
TCATCTCAGCCTGATTGTAAGCCCTCTTCTGACGAGTACAGGTTTAAACCGGAGTAGCACGCTTGGTAACACTACGG
TTTGGCGGCTTACCGAATTTCTCGTGAACCTCTCACCAGCCAGATTGATAATTTGCTTGAAGTTCGCAAGTCTCTGTT
CATCATGGCAGTCTCAAGGACTCAGCCGACGGGTTGTTGGTTCAGGTCGATGAGTTCGCTTAAAGCCTTCCACCTCA
TACCACCAGCAAAGGCAACTACCTGATTGACGTAAGTGTCTACAAGGGCTTCTGACCGGAGATGTAGGAGTCCACAAAAG
GCACGACTATAGCCAGCAGCTTCGAGTTCGCGCTAGGATTTCTCAGAGATACCATCGGCTTCATACTCTCGTAGATTTCG
GGTCACAGAGTCTGCGCTCAGTCCACGCTCAACGGCTGCTCGACCATCGCTGAAAGCCTTCTTCGTGCTGGCCCAACT
GCTCAGTCACTTACTGATTCTCCTCCGGGTATCACCAGCGGTTCAAACTCATCGGCTTCACTTCCGCTTCCACCTCA
GCGTTATCGCTACCAGTGTGCAACTCAGCTTCACTACCATCTTCACTGATACGAACCTGAATACGGCCCTCATCATCTCT
GCCCTCAGCGAACGGGTCTACACCGGATGCATATGGTTCATCGTTATGGGAACTCGGTTCTCGCTAAGTACGATTGCAT
CATCGCCATCAGGGCAGCAACATCGAGACTCAGCATATTCTGTTCGTGTTCAAGTGTACTTCCGGTCAATTACCGCG
TTGTTACACCCGAAGGACGCATAAACGCTCTGCATTAGATTAGCCATTGTTAAATCTCCTAAGTTGTTAAAGATAAAGGG
AAACCAAAGGACTCCAACSTTTAGTCATCGCTCATTTCAAAGATGAGGTCTCCCTTATGTAGGGGTTAATAGGTGGCGTC
TAGGCCAGCCTGTGCTGCTGCACCCTGCATAGCTTCTGGACTTGAGGTCGCTAGAGACCCACACCAGCACCACAGTGG
CGGCAGCGTTCTCGATACCTGTTTGGGCGCATCCTGCATCATCAGTGCTTCTGCTCGTCCGTCAGTAGGATACCA
GAAGTATCAATACCAATGGCGTTAGCAATGCGCAGCTTAATGACAGCAAGGTTAATGTCCGGGTCTCCCTGCATAGGAGC
CAGAGCAGCCSAAGCGGAGATACAGCGCTCAGCTTATCCAGGTCTTGACCAGCCCGATTCTTCCAGACCCGTAAGTGA
TAGTAGGCTCAACGGCTTCTTTCGGTAGCTCAGGAATCTGCGAGGTTGCTTGGAGTTGCTTCAAGAGCACACGAACCAGA
GGCAATTGCAGTCTTGGAGACAGAATCGAATAGACGCCACCAAGCGTATCTTCCAGTTCGACGCAACGATCGAATCTC
TTCGGCGGTCACACGTTACSTGTTTCGCTGTACCGCAGAGTTCACATAAAGGCATACGATAAACGCTGCTTCTATCTGGT
CACTCAAGCTTTCGCTACGGTAAAGTCAGTCTTGTGAGTAAAGTTCAGGAAAGTCAATATCTTCTCCAGACCCGTAAGC
AAGTCAACAGTCTGAGCCTTGGTTAATCGACGCGGTTGTGTAATACCAGCAGGGTTGACCAGACCGATGACSTTTCGCACT
AATCATGCTCATCTTAAACGATAGCCTTCTGGAGATTCTCAAGAGACSTTAAAGTCACTAAGTATCTTTCACAGTATGAGC
GACCGTAAGACTCGCCATCAATGCGAACCATGCGAACCAGGAAATGTAGGGCATAGCGTCAGTCCGATAAGTGGCATCAGAG
CCATCAATCAACCTTACTTCTCCTGACTTGAAGTAAAGTTCAGGACTTTCATCGAGATACACATGGGTATACAC
ATCGACCATTTCTGCTCATCTTCTTCTCGCCACCAGCTTCTTCTACCGCAGACCGAACGCTTCCGGGAGAGCACCAAAGG
STATCTGGTACGAGTGACAATCTGTAACACATTGCCGATGCGTCTCTTTGGACAACATAAGAAGACAATCGGTACAGC
TTCATCGGATTGTAGTACCTTCCGGTTCGGGTAAGTAAAGCAGGGCGTTACCAGCCAGGATTAAGTCTTGGAGGCACT
```













GCGATAGCCTGACCGTCCACCTCGTTAACGTGTGCTGGTGTGAAACCATCTGGTAGTTGCACAGCAGCACGCTCAGCCCC  
 GTTGAACCTGATTGAGAGTCTGCGCCCATACTGTCCACCACGAACGTTGATTAATGCATCGCCTTGGTCTTTAAAAACCCG  
 GAAGGTTGACCGATTGGTCATTACTCTGTACAACACCTTACGGTTGGTCACAAAGGTGTAGTCAGCCACCGTTACCATC  
 CGAAGGTCTCCCGTGGGTTAGCTGTGCGCACATAAGAGCGGTCTCCAGTACTTGGTACTCCTTACCCTCGAGGTCGAA  
 TACCTTAATGTCTTACCAGTGAACACCCTAAATACTGCTCGAACTCATACGGTTGATGAGGTGAACGTAAGGTTGCG  
 CACCCACATACCCAGCAGGGCCAAGGGTCTTAAGGTGAATCATCGGTGGGCGCTTCTGGAGACCCCTCGGACTCAGAAGAC  
 CAACCGTTAATCTGTACGCTACCTTGTTCAGCGAACCCGAGAATATCTGGCTGTTGACTGATACCACCCCTTGAGGTTTT  
 GATTGATTGGCTAATGAGAGCCATAGAGCCTCCTGTTATTAGCGGTTAAGTAGACCAGAGGTGAATGCGTCACCATCCA  
 GCATATTGTAGTTGCCGTAGTCTAGCTCGTACTCGAAGCACGCACGCCATGCTTCTCTTCTTCCGCAACACTCCG  
 TCTACCTCCGGCGCACCGAAGAAGCGGTTGTTGAACTGGCGTGAGGCCTTGGTGACGATGTAGTTACGGAAGCACTCAG  
 CATCTCATCGAACTCTCAGACGAATCAGGTTGACCTGAACACCAGAAGGAAATCTGTACGCTTCCGACAGCGGTCAT  
 AGATATAGCCACCACGGTTGATATATTGGGTCTGGCCGCTGGTTGCCATTACTGACAGATAGTCAGAGCTAAATGGAATC  
 ATACCAGAGAACGCATCCGGTAGAAGAGTCACACCTTCTCAATATTGAATGTCCATCCTCGTGATTGAATCTGTCCGTT  
 AATCTTATTGAGTACACGTCGAGCATTTCGCAACGTCAGCATTCGCATACCCTCAAGGGTGCATACTGGTGGCTCACCGA  
 TGGAAGCCAGAATGTCGTTGACGGTGTAGTCTTCTGCGGTCTCAATGTTTCATCTCATAAGAGCGCATGATGTTACCT  
 CCTGTTAGTGAGGGTTAAAGCAAAAAACCCCTCAGATACCCTACGAGGGCACCCAAGGGGTTCCGATATTATTGAGACTT  
 AAGTGCCTTGTACGAGCAGGTAATGGCGGCCCTTCTGTTGAGGCGTGAGAGCTACTTCGTCGGCTACCTTTGGGTCG  
 GCTCCACTTCACTCTCCGCGTTCATACTCAAAGGCGCTACCCTTAAGCCTTCGAAAGTCTTGGCAGCAGGATAGCCAG  
 CAGCTTCTGACGACGACCACCGTGACCCATCGCATATTTAGCGATAATCTGGTCAGCCTGATAGTACGACGAGCAGCG  
 CGTCCAGAGCCAAGTCTTTCAAGTTGACCGTACCAACCAGGATGCGGTCGTAAGGCGGCAACGTTATCCAGAGC  
 AACCTTAACGGTAGCGCTAGAAGTCGCCGGAAAGCGTGCTTCTGGTCAGCCGGGCGATCCTCACGGGTATCACCAGCGC  
 CACCAGCGGTCAAGTGCAGAACCTCAACCACTCGAAGCCCATCACGTTGCGGATAGTACCAGCGCTCAGGGTCGAGCAGT  
 GCCTGATAGTTGACGCGTTCGGCATCAGG

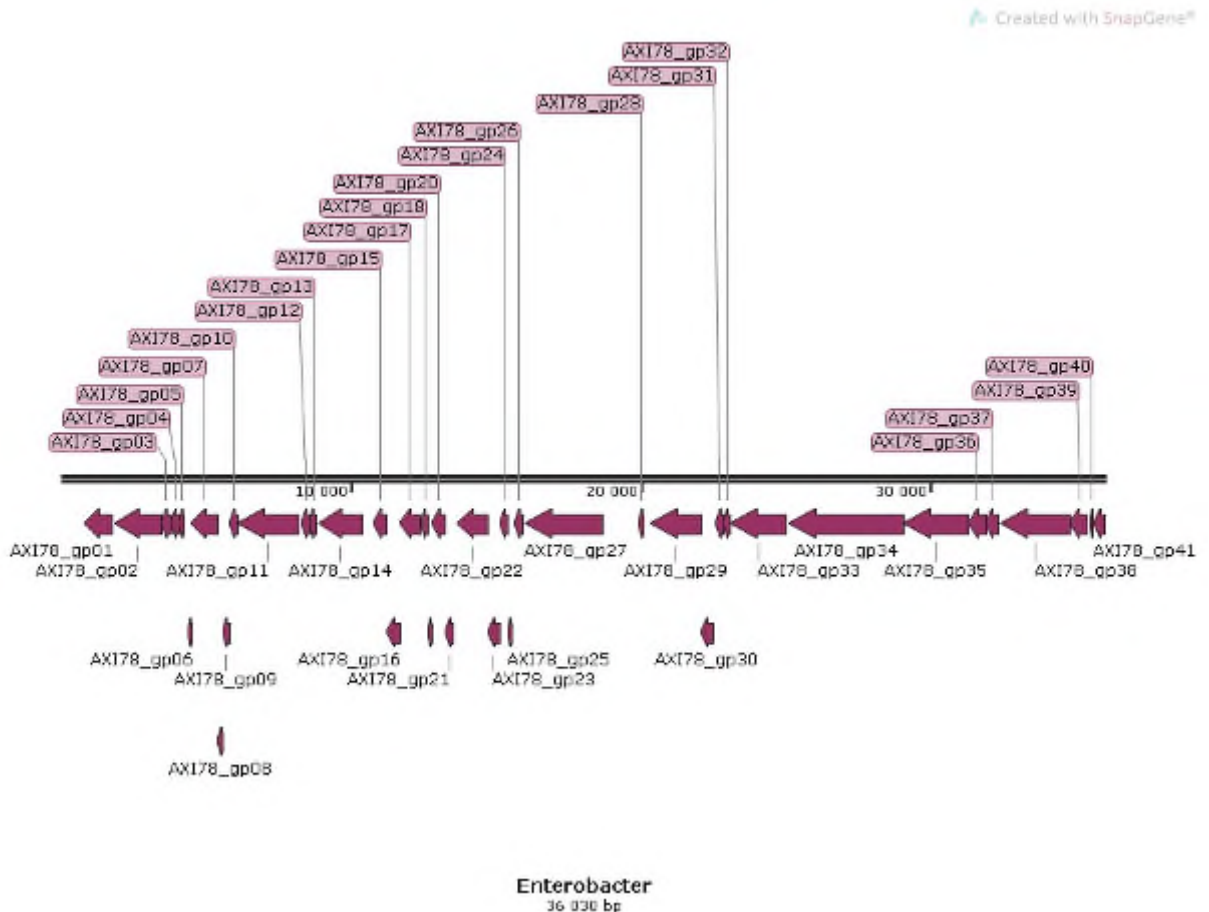


Рисунок 41 - Карта сиквенса Enterobacter phage (E7)

## Yersinia phage

Нами были получены биоинформационные данные сиквенса Yersinia phage (Ye3-f2):

- 1) Длина цепи – 39 210 п.н.
- 2) G/C-состав – 50,70%
- 3) Молекулярный вес – 12145 кДа
- 4) Молярный коэффициент – 429 405 100 I/mol
- 5) Температура плавления – 85,67 °С
- 6)  $\mu\text{g}/\text{OD}_{260}$  – 28,28
- 7) А – 26,1%
- 8) С – 23,7%
- 9) G – 27,0%
- 10) Т – 23,2%.

На рисунке 42 представлена карта сиквенса *Yersinia phage* (Ye3-f2).

TCTCACAGTTCAAGAACCCAAAGTACCCCCATAGCCCTCCTAAAGCCACSTAAAGCCAGCCCTACCCCTCTGGTTTAAACC  
 TTCGGTTAACCTTGGGTATCTCCTCAAGTGGCCTATAGGATAGCCTAAAGTGTTGCCTAAAGTCAATACSTAAAGTGATG  
 GCTGCCTATTGGAGACTTAAAGAGTGTCTAGTGTACCAGTTCGATAGTACATCTCTATGTGTCCCTATCTGTTAGCCAT  
 TCCTAAAGTAAACCSTAAAGCCATCACSTAAAGACCAGACSTAAAGCCACCACSTAAAGAGTGGCGCTATCTTAAAGACA  
 ACCAGACCGATAAGACCCATTGTTAACTGTAGTGTATGCCCTGTAGTTGTCTATGGTGTCTATCGTCAATTCAATTACCC  
 TCACTAAAGGGAATAAGGGATTAAATAAAAGATTAAATAATGGTTGACTTTAAGTTACSTTTAAGGCTATTATTCATC  
 TCGTCAACGGGACAACCGCCTTAAAGCCACTCCCTGAGATACCGGAGTCAACCGGATAAGTAGACAGCCTGATAAGTCAT  
 ACGAAAAACAGGCATTGACAACCGAAGGTAACAAGTAGTAAGATGTACCACATAACGTTAACCCCGCTCCGGTGTCTTC  
 TAGGTGACTTAAAGCGCACCCAGGCACATAAAGCGAAAACAAAATGGTTGACAACATGAAGTAAGCACGGTACGATGTACCA  
 CATTGAAAGACACCGAGTGTCTAGGTGAAAAAACCGCAGCATAGTGGATAGATGGCGAAAAGCACAAGCGACCACGATAAT  
 AAAGAGCTTGTGCACTTATAACGCAAGTGACGGCTAACACTGAAATAGCCTCGGCTCGACGAAACTGTAGCTAAAGTT  
 CTTTAAACAATCTGGATAATAGTCTTGTAGTGCAGAAATAGCGGATAACTCAAGGGTATCGCAAGGTGCCCTTTATGATAT  
 CCACTAACACTACACACAATGAGGTAACASAAATGGCTATGTCTAACATGACTTACAGCAACGTTTTTCGCCACGCTTAC  
 GAAATGTGAAACGAAAAACATTCTGTTATGATGATATCCGTGACACTGACGGTCTTGGTGTGCACTCCATGAGGCAGCCGA  
 TAGCGCGTTCGCACTTATACAGTGACATTTTCAGTGTAAATGGCAAGTATGGCATTGACCCGTAGTTTCGAAGATTCCG  
 GTCTTATGCCGGACACCAAGGACGTGACCTGTATTCTGCAAGCACGCATCTATGAGCAACTCACGATTGACCTTTGGGAA  
 AAAGCTGAGGACTTACTCAACGAATACCTTGAGGAAATCGAAGAGGAGGAAGAGGAAGTCAAGAGGACGAAGAGTAATG  
 GCTACCACGCAATATGGTCTGACCGCTCAAACCTGACTGTTCTACAGCGATATGGTGCCTGTGGCTTCGATTGGTGCCT  
 CGAATGGTACAACTTAAGGAACGTGACGAACACAACAAGGCAATCGCTTTAGAGGACGCTGAGTGATAGACTCAAGGTC  
 GCACTGTATGTGTGGCCTTTATGATTACACTTTTTTACTATGAAGGAATCACACCATGCGCTTAAATAAAGACACAGC  
 GGTAGCTATGCGGTCAGCAATCGAATCAAGAGCCGCACACAACGTGGGAGGGATTGCTGATGTTGCACGGGTTTATAAGG  
 AGAAAGGGCTTACATTCCGTAGATTATGTTGGGACTGTTATCATGCAGTGGGTTTTAAAGAGACTACAAGAAATCATCGCA  
 GAGCACAACACGGTGACAGTGTATCGGCGGGCACAATAACAGATATCAATGATTGCAATCGAAACTGCTCAAGGTTGC  
 ACTGAAAGACATAGTATTAGTAATTAACACTACAGGTCGTTAGCTGAGCGGCTGAAATGATAATTACTAAAACAACCT  
 GAGAGGATATAACCATGAAACGCTACGCCATCCTTATCCCGGCTGGTGTACTCAATGACCTGCTACGGGTACAACGAA  
 AGGGACGCTCGTGACGCTTTAGAGACCAACAAGGCTTCGGCAAGCGTTTACCTAATGGTACGCTGTATGGGAGGTGAC  
 TGTATGAGTAAACTTCTGGCAACATCTAAAATAGAAGGCAATGCACCGTAACACTGCGTGAGTATTACCACGGGTCAAT  
 GGGAAAGACACTACGTTGTGCGATACGGTAAACAGGTACACATTTGGGTAACCCGATTTTAGCACAAAGAGGATTATCAAG  
 CCTGTGTGATACACCAAGCAACATGTGCGGGCTGGAATGATTGATAACCGGATTTGCAATCACTGGGCAACAGACTTCAA  
 GTCTATCAAGTGTAAACTCAAGGTCGCTCCATACGAGTGGCCTTTATGATTAACATTACAGGAGAGCATGATATGTTCCG  
 AGAAGGTTGTGAACCTGGTCTATCGGGCCGATTATCGTCTTAATCATTATGAACAACCTCAGGGTATTTCTCATGATGGCAG  
 CACTAATCGCACTGGTCTATCTGTGCATCGCTATGACTTTATGCGAGACTTCAAGCGCGGTCTGGTAATACACAAGGCA  
 ACGCTGAGTTACTTTAAGTGGGGATTCACTCCACGGTTTTACGGTTCGTGAACGCAACCGGACGCTTTAAGGCCAACAAAGG  
 AGGAGTATTCTACATTGCTACGCACTAACTCAAAGCACGTAAGATTGCACTGTATGCGATGGCTTATGGTGCATCGAAA  
 CGCAAGGTCAAACGCATCTTAAACGAGACACCGCAAGATGACCGCACAGGCTGCAAGCGCTGTCAAATGGGCTGAATT  
 TACTCTTACTCTTACAGATAACAGGACACTGAACGATGACTTTACCGAAGCACAAGCCGCACTCGAAGCTATCCG  
 AAACCTACCGATTGAGCGCTGAACGAACGCCAGCCATCGTGGTGGCTTTGCGGCTGTATCGTGAACGCTGAGACTC  
 AAGACGGCGAACTGACGCAAGGCAAGGGCAATTGGGGTCTGGAGTCTATGGACTACTGGCAGACACTGGCTGAGCGTATG  
 CGTGATGTTGGTTTTATCAAGCTGGGCAACGGTCACTTTAGCGCAGCCTATGAACACGCACTGCTACCGGGTAAGGTCAT  
 CAAGGTAGGCTTAAAGAAAGAGGACTCAGGCGCTGCCTATGCTGCCTTCTGCCGTATGAATCAAGGTCGTGAGGGCATCC  
 CTACCGTGTACGATTCAGCGTCAACAGGCTGATACACGGTGTGACTTGGACTATCTGACACCGCTAAGCAAGCGATTG  
 TACGGTGAAAGCGATAAGATTGCCACCACTTCCACGCTGCAAGGGAAATCATTGAGGAGGATTGCTTCGATACCGCCGA  
 AGAGTACCCGATAAGCGAGGGCTTCAATTGAGACCTGCAAGGATATCCGCAAGTCTTCTTAGGCATCGCATATTTCGATT  
 GTCACAGCGGGAAACATGATGAAAGACCAGATGGGACGCCTGATTATCACAGACCCGGTATCATTCAGCGCAGACGACAAG  
 TTAAGCCGGGTGAGTTCCACTGTGACCCGGTGTACTACACGGTGTGAGATTGAGGCGCTGAGACCGCAGCAAGCGATTGA  
 CCGCTGTAAGGCACGCAAGGCACGCCGTGACCCTAACGGAACCTTTACAGGTAGCACGTAAGCACGCATCAAATGGCGCA  
 GAAAGGCCTTAAGCGCGAGAAGCGCAACGCTAAGGTACTCGTATGAGTACGCGATGGACGCAATCAGAATCGCAGGGAT





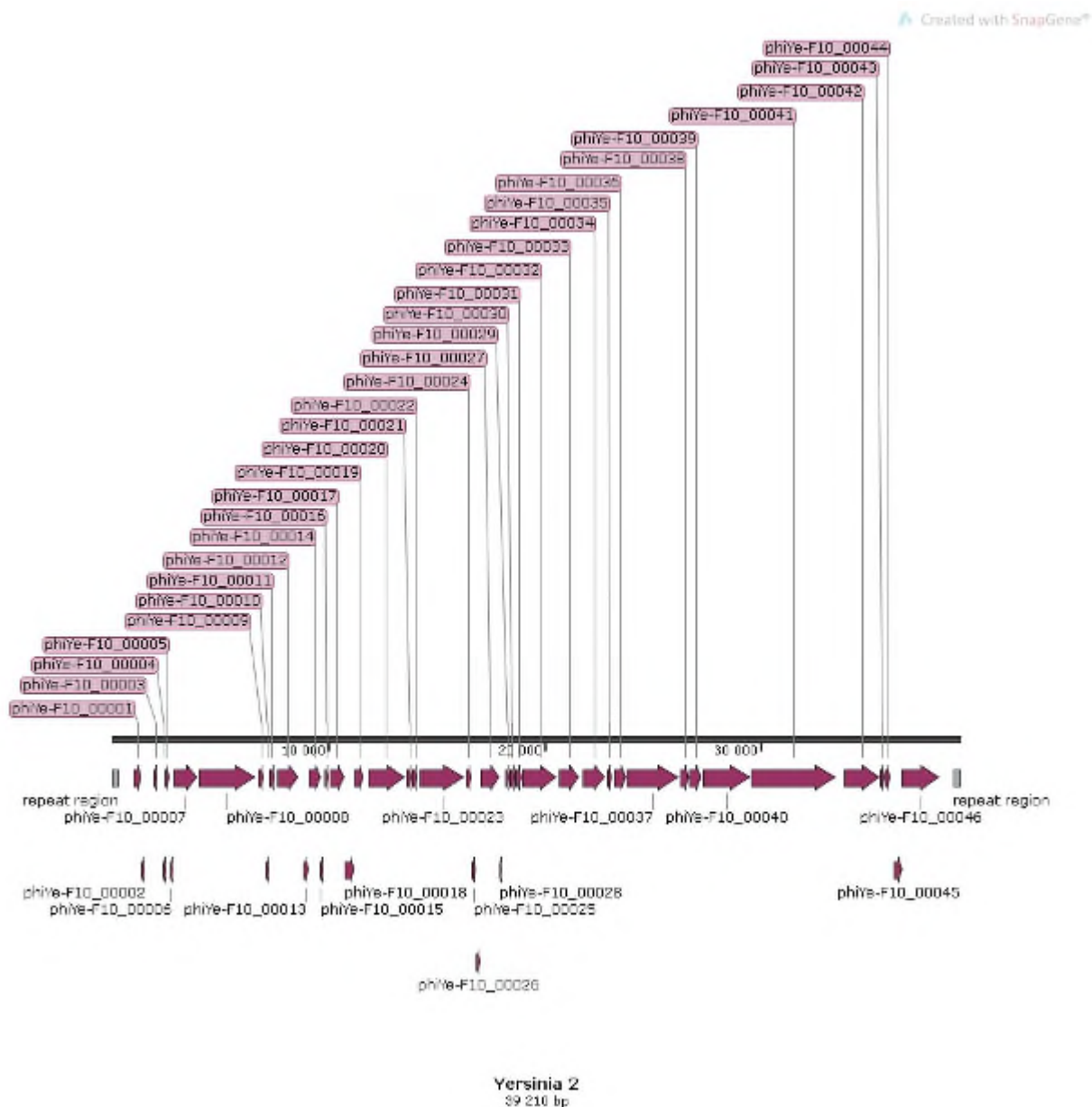








CACCTACAGGTTTCGTTTCAGGTGCCCGAATTGAGGGGAACAACAACATCGTAGGTCAGAACCTCTACGCAGGAATGGGAAG  
TACGATGCTTGAAGGTAACGGTAACTCTATCTGGTGGCCTCTGGGCGCAGTGGGGTAACTTATGGAGCGGCCCTACACAACA  
ACTACTCTTCGCCAAACCACCCAGCGGTGTTCAGTTATTTACCGCAAGGGGCGGTGATTATCTTGAAGGTAGGGTTGAT  
GGTAAATCCGTGGGGTCCGGTGGTTCGAATCTGACAGAAGGCTGAAAGAAGACATTAGGGTTGTTCGCTCTGCTGACGA  
CATGCTGAACATCATTCGGTCTGACATACCAGTGTCTACAAATATAAGGACGCATCTATAACAGATAACAGGGGTAGAA  
CAAACACCATTGAAGGTAAGCGGTACAGGGTGGCTTCATCACACAGGATTTAATACGCTTGTGGCCCCAGGGCTGTGGAC  
GTGATGTCAGATGGAATGCAGTCCCTGACCCGAACCAGATTATTGGCGGATTGATGTTACTTGTAAAGAACCTAGACGC  
TCGCGTTCAGGAGCTTGAATCTAACTTATGACAGACTAAGGAGGTGTTAAATGTTATCCTTCGACTTCAACAATGAGGT  
CGTTAAGGCTGCGCCTATTGTTGGCACAGGGGTGCTGATGGGGCGGCCGACTCTTTTGGGGGTATCGTTAAACGAAT  
GGTCTACGTTGACGCTATCGCCTACACAGTGGTTCAGATTGGTGCCAAGGTAGTCGATAAGATGATTGACTGGAAAACGT  
GCAAAACAAGGAGTAACTATGAGCGACAAGACTTTAATCAAGCTGCTGGAGATGCTAGACACGGAGATGGCACAGCGTAT  
GCTTGTGACCTCCAGAGCGAGGAACGCCGAACGCCGCAACTTTACAACGCAATCGGCAAACTGTAGACCGCCATAAGT  
TCCAAATCAGTAAGCTGACACCGGACGAGAATATCCTCGGTGGACTGGCGCAGGTCTGGAAGACTACAACAAAGTGGTC  
GGCCTAATGGTCTGACTGACGATGAGACTATCACGCTACAGTAAGTGACATACTCAAGTTCTCCACGCGGGAGCCTTT  
ATGGATGTTATTTGGTGCATCTATGTGAAAATCTGAAAATTTAGTGGGAGGTGTTATGCTAAAACCTTTACGCAGCGCACTC  
CCTTGGGTACTCGCCGGACACTCTTTATGGGTGGCTGGCACTTAGGGTCAACCCATGAGAGAGCAAACCTGGAAGGAGGT  
AATCCAAAATGAATACATTGCGAAAACAAAAGCAACCGCAGCAACTCAGGCAGAGGTGCTCGGGTATCCCGTGAAGTACC  
AAGAAGAGATTGCAGCCTTGAAGGACGACTGATAGGATGCTAATGACCTGCGTAGCAATAATAAGCGGCTGTCAGTC  
CGCATAAAACCTTACCAGGACTACCAGAAGATAACGGTAGATGCGAGTTAATGGTCGAGCCGAATACACGAGTCAGA  
TGTAAGCGTATTATCGGAATAACCCAAAGCTGATGCTACGTAAGAGCTTAAAGAGCGCTCCAGCGTACTATTAAGGAGATGAGA  
ATGAGCGACACCCAAAGCAACCGTAATGCGCTAATCATCGCGCAGCTTAAAGGGTGAAGTTCGTGGCCTTCCGTTCGTATT  
GTGGAAGGCTTGGCTCTCCCGCCGCGACTAAGTGTGAGATTGATATGGCCCGGTGCTGGCTAACGGAGACAACAAGA  
AGTTTTATCTACAGGCTTTCCGTGGTATCGGTAAGTCAATCATCACCTGTGCGTTCGTTGTGGACGTTATGGCGTGAC  
CCTCAGTTGAAGGATACTGATTGTCTCTGCAATCCAAAGAACGTCGGACGCTAACCTCCATCTTCATCAAGAAGCATTGA  
CCTGCTGCCCTTCTTGGCTGAGTTAAAGCCTCGCCCCGGTCAGCGTGAAGTCTGTGATTAGTTTCGATGTTGGCCCTGCCA  
AGCCTGACCACTCTCCGTCTGTGAAGTCCGGTGGTATCACTGGTCAAGTGAAGTGGTACTGCTGATTAGTTTCGATGTTGGCCCTGCCA  
GATGACGTTGAGATTCCGTTAAGTCCGCAACTCAAGGTGCCGTGAGAAGCTGTGGACTCTGGTGCAGGAATTTGCTGC  
GCTTCTGAAAACCGTGCCGACTTCTCGGTTATCTACCTTGGTACGCCCTCAAACCGAAATGACTTGTACAAGGAACCTCG  
AAGATAAACCGTGGGTACACCACAATCATCTGGCCTGCGCTCTATCCGCGTAGCCGTGAGGAAGACTTGTACTATGGCGAC  
CGTCTGGCCCCGATGCTCCGCGAAGAGTTCAACGATGGGTTCGAGATGCTCAAGGTCAACCGACTGACCCCGTGCCT  
CGATATGGAAGACCTCCGGGAGCGTGAGTTGGAATACGGTAAGGCTGGCTTCACTTTCAGTTCATGCTCAACCCGAACC  
TGATGATGCCGAGAAGTACCCCTACGCCTCCGTGACGCTATCGTGTGCGGTCTGGACTTCGAGAAAAGCCCAATGCAT  
TACCAGTGGCTTCCGAACCGTCAAGAATCGCAATGAAGAGCTTCCAAACGTTGGCCCTTAAAGGGCTTAAAGGGATGATGATTCATGCTA  
TCATTCTGTCAGCCAGAACACTGGACAGTACCAGCAACGCATCCTAGTGATTGACCCTAGTGGTCGCGGTAAGGACGAGA  
CTGGTTACGCAGTGTGTTACCCCTGAATGGCTACATCTATCTGATGGAAGCTGGCGGGTTCGGCGATGGTTATTCCGAT  
AAGACCCTTGAGTCCCTCGTAAGAAAGCGAAGCAGTGGAAAGGTTTCAAGACAGTGGTCTTCGAGAGTAACTTCGGGGATGG  
TATGTTTGGTAAGGATTCAGCCCTGTGCTCCTGAAACACCATGCAGCCGCTATGGAAGAGATTTCGTGCTCGTGGTATGA  
AGGAACACGCATTTGTGATACGCTGGAGCCTGTACTCTACGCACCCGCTTGTGATTTCGTGACGAGGTGATTTCGTGAG  
GACTACCAGACTGCCCCGTGACGCTGATGGCAAGCATGACGTTTCGCTATTCGCTGTTTACCAGTTGACCCGTATGGCTCG  
TGAGAAGGGCGCTGTGGACATGATGACCGACTTATGCGTTCAGATTGGGTGTAGAGTTCCTACGCTCTACGATGGAAC  
TGGACGCCGTTAAGGTTGAGGCTGAGGTGCTTGGAGCGTTCCTAGAGGAACACATGGAGCACCCAACTCCATTCGGCTGGT  
CACGTAGTTACCGCTATGGTTGACGGGATGGAACCTATTGGGAGGATGACGATGTGAATAGTAACAGGTTTACTGACTG  
GTAGTTATGCGTATTGAGTGCATAAGGAAGCATTGAGACCACGGATGGTCACTTAAAGAACTCCTTAAGAATCAATGAG  
TTTGAATTAACCTCACTAAAGGGAGAGAGGGGACTTAAAGCTACTATATAGGTTAGTCAATCAGGTTATGCAATGACC  
TTTATGCACTTAAAGTCTACCTCTATGATTGGTGATAATTATCATTGTATAATCACCTACCTTAGAGCAACTGAAAGGAG  
GTGGCTCAATGTTACGCTTGTGATTGCCCTGCTGCGTCATAGAGTCACTTGGCGATTCTTCTGGTACTTACTGCTGCC  
CTTGGGTACGCAGGCTTACTGACCACCTCGGTCAACTGGAAGTGGCCTTTTGTCTATACTCTCTTGTGGGGATTAAT  
TGTTGTTGATGACCGACAAGCGCTCTGAGGGATTTCGTAGGTATAGTTTCACTACACCAACTCATCCCTGTAGAGTACG  
CCTAAAGGTTATACCTAAAGATGCCCTGTAGTTCGTAATGGTCTTACAGGGTCTTCTGGTGTCTCCTAGCTATCCCTTCG  
GGATGCGCCTATGGTCTACCTATGGTGTGGTCTTACCTAAAGTGGGTTCCATAAGAGACCCCTTAAGAATTAACCAAA  
AAATCTGAATGGGTATCTCACAGTTCAAGAACCCAAAGTACCCCATAGCCCTCCTAAAGCCACCTAAAGCCAGCCCTAC  
CCCTCTGGTTAACTTCCGGTAACTTGGGTATCTCTCAAGTGGCTATAGGATAGCCTAAAGTGTGGCTAAAGTCA  
ATACCTAAAGTGTAGGCTGCCTATTGGAGACTTAAAGAGTGTCTAGTGTACCAGTTTCGATAGTACATCTCTATGTGTC  
CTATCTGTTA



**Рисунок 42** - Карта сиквенса Yersinia phage (Ye3-f2)

В результате проведенного секвенирования бактериофагов, активных в отношении Proteus, Enterobacter и Yersinia нами были получены биоинформационные данные нуклеотидных последовательностей и размеры фаговых геномов: Proteus phage Pr 4 - УГСХА (44 580 bp), Enterobacter phage E7 (36 030 bp) и Yersinia phage Ye3-f2 (39 210 bp). В дальнейшем эти данные будут использованы для анализа протеомов указанных бактериофагов.

## 7. ИССЛЕДОВАНИЕ ПРОФИЛОГРАММ СТРУКТУРНЫХ ПРОТЕОМОВ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ШТАММОВ

В целях подтверждения бактериальной принадлежности культур были проведены масс-спектрометрические исследования штаммов.

Геномная информация в микробной клетке переводится в более чем 2000 белков, значительное количество которых может быть изучено с использованием протеомики (Wasinger et al., 1995). По оценкам, для геномов, которые содержат менее 1000 генов, более 50% прогнозируемого протеома могут быть идентифицированы из генома. Аналогично, 30 и 10% прогнозируемого протеома могут быть идентифицированы из геномов, которые несут около 2500 и около 4000 генов соответственно (Jungblut и Necker, 2004). Таким образом, микробный геном, содержащий 600-7000 предсказанных генов, представляет собой среднюю сложную систему, где применение протеомики может обеспечить знание значительной части протеома микроба.

Характеристика и дифференциация микробного протеома развивались и прогрессировали с использованием методов разделения белка в геле. Разделение нативных клеточных белков в полиакриламидном геле (ПААГ) в сочетании с компьютерным анализом использовали в нескольких исследованиях для идентификации и классификации микроорганизмов (Vandamme et al., 1996). При выполнении в стандартизированных условиях эта методика была достаточно воспроизводимой. Однако профилирование белков в ПААГ не стало популярным среди микробиологов. Это может быть связано с:

- отсутствием обширных баз данных для идентификации неизвестных микроорганизмов;
- требованием высоко стандартизированных условий, включающих рост неизвестных микроорганизмов на идентичных средах,

стандартизированные электрофоретические условия, процедуры окрашивания и последующий анализ образцов;

- техника не являлась достаточно точной, для различия сильно похожих штаммов.

Двумерный гель-электрофорез (2-DE) также не стал популярным среди микробиологов, так как он был трудоемким практическим методом, даже после того, как появились готовые решения для его проведения и улучшенное программное обеспечение для анализа геля (Cash, 2009). Достоинства и недостатки других количественных протеомных подходов были рассмотрены в другом месте (Tiwari and Tiwari, 2014).

В последние годы в нескольких отчетах была продемонстрирована возможность использования масс-спектрометрии (MSF) для лазерной десорбционной ионизации (MALDI) - времени полета (TOF) для идентификации микроорганизмов [обзор см. Sauer and Kliem, 2010]. Обнаружение образцов массы белка стало удобным инструментом для быстрого анализа бактерий (Freiwald and Sauer, 2009). Метод анализирует профили белков, которые извлекаются из целых бактерий. Масс-спектрометр MALDI может эффективно обнаруживать многочисленные молекулы одновременно. Массовые образцы белка могут использоваться для идентификации бактерий в роде, видах и в некоторых случаях подвижных уровнях. Метод обнаружения массовых образцов подтвержден в нескольких исследованиях для различных грамотрицательных патогенов, передающихся через пищевые продукты (Dieckmann et al., 2008; Hazen et al., 2009; Alispahic et al., 2010; Stephan et al., 2010).

#### Идентификация бактериального штамма Prot2

В ходе выполнения масс-спектрометрии MALDI-TOF были получены следующие результаты, представленные в рисунке 43.

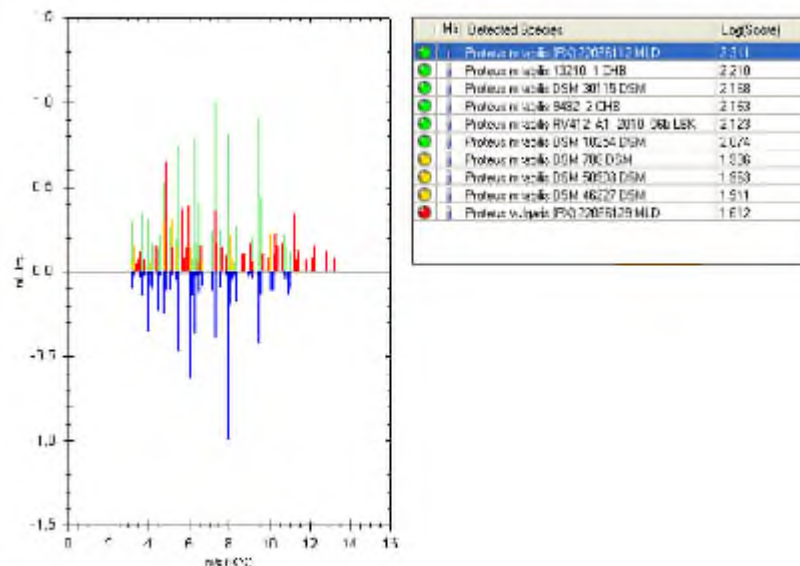


Рисунок 43 - Значения белковых спектров изолята Prot2 и его идентификация с использованием программного обеспечения MALDI Biotyper.

### Идентификация бактериального штамма Ye3

В ходе выполнения масс-спектрометрии MALDI-TOF были получены следующие результаты, представленные в рисунке 44.

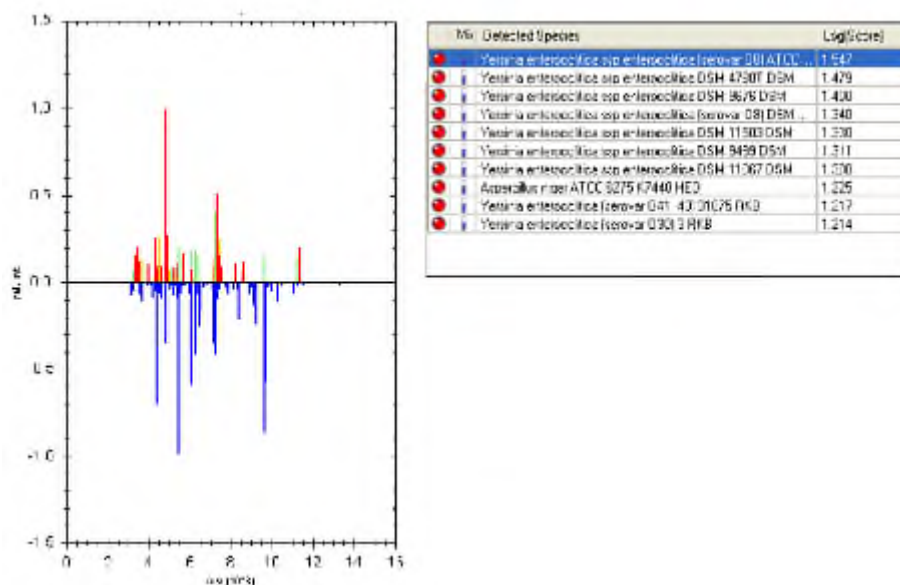


Рисунок 44 - Значения белковых спектров изолята Ye3 и его идентификация с использованием программного обеспечения MALDI Biotyper.

## Идентификация бактериального штамма En2

В ходе выполнения масс-спектрометрии MALDI-TOF были получены следующие результаты, представленные в рисунке 45.

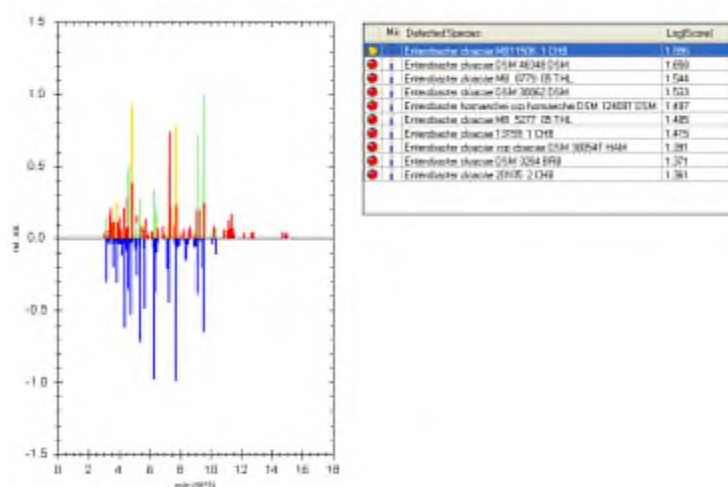


Рисунок 45 - Значения белковых спектров изолята En2 и его идентификация с использованием программного обеспечения MALDI Biotyper.

## Идентификация бактериального штамма Cit2

В ходе выполнения масс-спектрометрии MALDI-TOF были получены следующие результаты, представленные в рисунке 46.

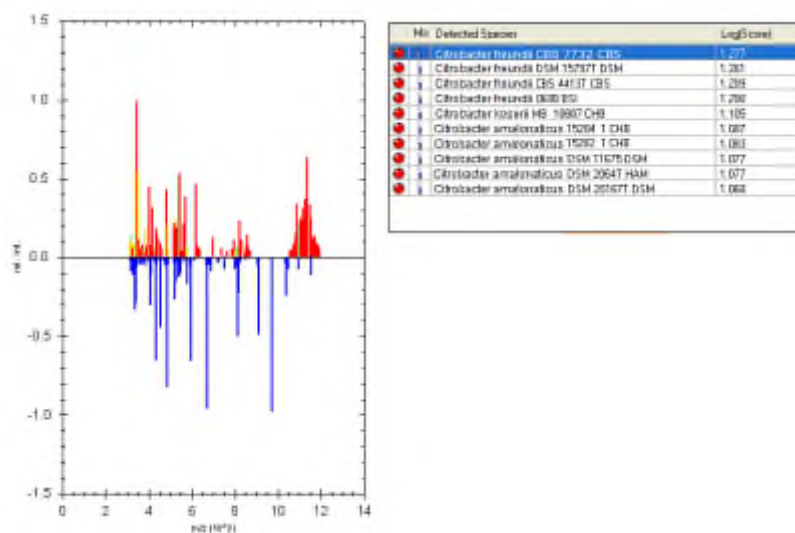


Рисунок 46 - Значения белковых спектров изолята Cit2 и его идентификация с использованием программного обеспечения MALDI Biotyper



В результате проведенного протеомного анализа бактериальных культур было проведено их MALDI-TOFF-профилирование и подтверждено их соответствие определяемым видам. Так культура Prot2 определена как *Proteus mirabilis*, Ye3 – как *Yersinia enterocolitica*, En2 – *Enterobacter cloacae*, Cit2 – *Citrobacter freundii*.

## **8.АНАЛИЗ ПРОТЕОМОВ ВЫДЕЛЕННЫХ И СЕЛЕКЦИОНИРОВАННЫХ БАКТЕРИОФАГОВ**

В ходе выполнения данного этапа проекта нами было проведено секвенирование выделенных и селекционированных бактериофагов *Enterobacter*, *Yersinia*, *Proteus* (представлены в тексте).

Данные нуклеотидных последовательностей выделенных и селектированных бактериофагов, полученные при их секвенировании, позволили нам провести сравнительный анализ их геномов. Однако исследование биологических свойств бактериофагов включает в себя также их протеомный анализ (аминокислотную последовательность протеинов, их качественный и количественный состав, изоэлектрическую точка белков, молекулярный вес и алифатический индекс).

Для протеомного анализа нами были использованы ресурсы систем SnapGene Viewer v.4.1.7 и ExPasy (<https://web.expasy.org>) и был проведен анализ бактериофагов, активных в отношении бактерий *Enterobacter*, *Yersinia*, *Proteus* и даны физико-химические характеристики каждого из белков в их составе.

Для анализа белковых профилограмм выделенных бактериофагов нами был использован метод вертикального электрофореза в ПААГ. Анализ профилограмм был проведен с использованием программного обеспечения GelAnalyzer 2010.

Для начала необходимо было получить максимально возможную бактериофаговую массу для достаточной визуальной детекции после электрофореза.

Бактериальную массу культивировали в течение 24 часов на жидких питательных средах. Затем были внесены выделенные бактериофаги в количестве 1,0 мл на 10 мл культуры соответственно бактериальным видам. Культивировали в течение 24-48 часов при 28-37°C в аэробных условиях и достаточной влажности. Затем часть аликвоты культур с бактериофагами были исследованы методом Грация для определения титра фагов, а часть – использована для получения белков бактериофагов.

Для выделения и концентрирования белков бактериофагов культуральную жидкость центрифугировали 20 минут при 3000 об/мин. Надосадочную жидкость, содержащую бактериофаги переносили в чистую пробирку в количестве 5,0 мл и подвергали ультразвуковой дезинтеграции при режиме 10 микрон с трехкратным подходом по 60 сек. Затем в смесь вносили 5,0 мл насыщенного раствора сульфата аммония. Все манипуляции проводили на холоде. Смесь инкубировали в течение 1 часа при 2-8°C, а затем белки осаждали при 10000 об/мин в течение 30 минут (Centrifuge type MPW-310, Польша). Надосадочную жидкость удаляли под визуальным контролем наличия осадка. Осадок растворяли в 100 мкл буфера для электрофореза. Крупные конгломераты нерастворимых фракций белков и детрита осаждали при 3000 об/мин в течение 1 минуты.

Выделенные и сконцентрированные таким образом белки были использованы для проведения вертикального электрофореза в ПААГ.

Режим электрофореза и концентрация ПААГ: 200 В, 60 мА, 30 минут, 4-20% ПААГ, трис-глициновый буфер с pH-8,6.

В результате проведенных исследований нами были сопоставлены данные протеомного анализа на основании проведенного сиквенса и электрофореза в ПААГ.

На рисунках 47-51 представлены профилограммы протеомов выделенных бактериофагов при разделении их в ПААГ. Для Proteus phage (Pr 4 – УГСХА) было выявлено 3 белка (67 кДа, 77 кДа и 94 кДа), для Enterobacter phage E7 - 4 белка (73 кДа, 81 кДа, 98 кДа, 124 кДа), для Yersinia phage Ye3-f2 – 3 белка (72 кДа, 115 кДа, 128 кДа).

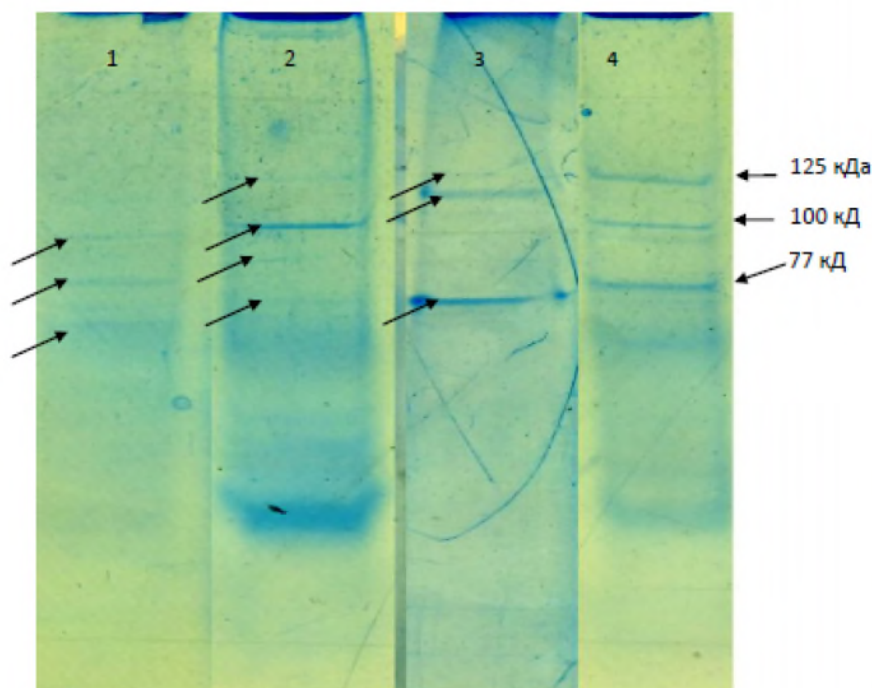


Рисунок 47 - Профилаграмма протеомов бактериофагов: 1 – Proteus phage (Pr 4 - УГСХА), 2 – Enterobacter phage (E7), 3 – Yersinia phage (Ye3-f2), 4 - маркер

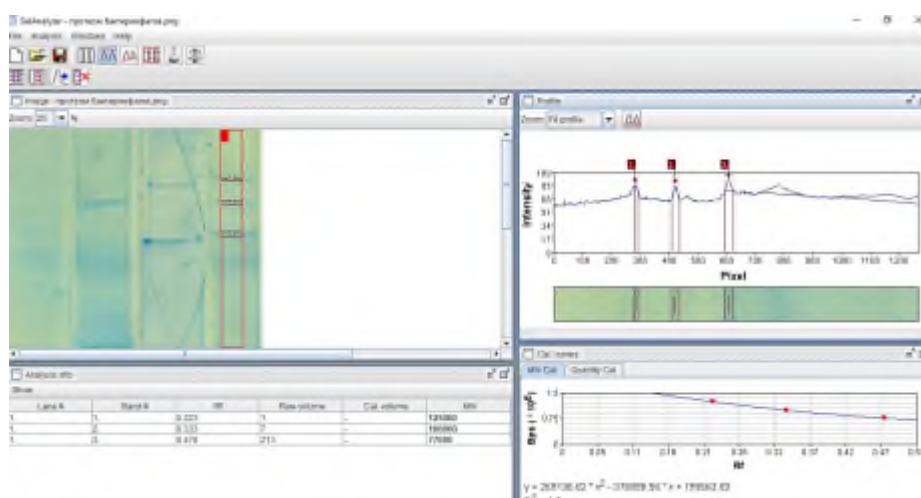


Рисунок 48 - Калибровка маркеров молекулярного веса протеомов бактериофагов

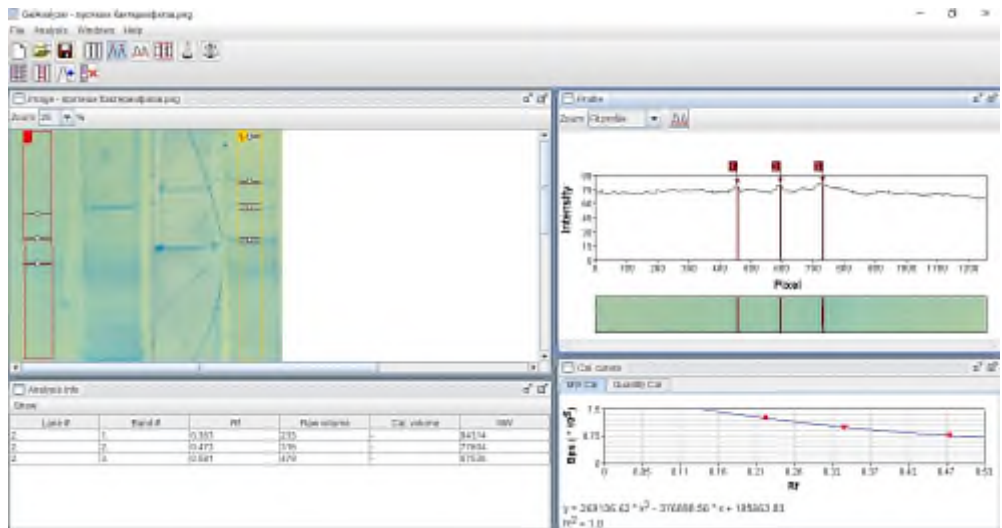


Рисунок 49 - Анализ протеома бактериофага Proteus phage (Pr 4 - УГСХА)

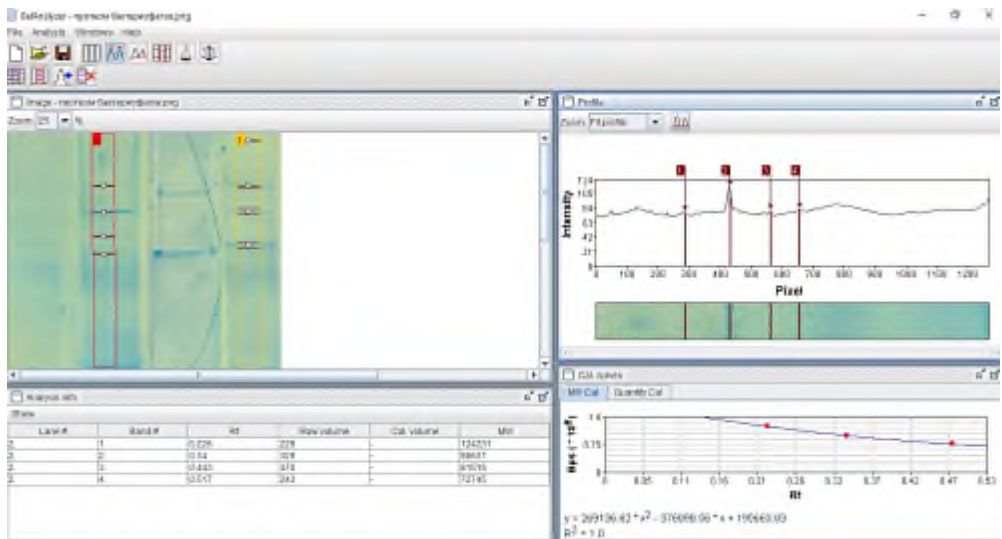


Рисунок 50 - Анализ протеома бактериофага Enterobacter phage (E7)

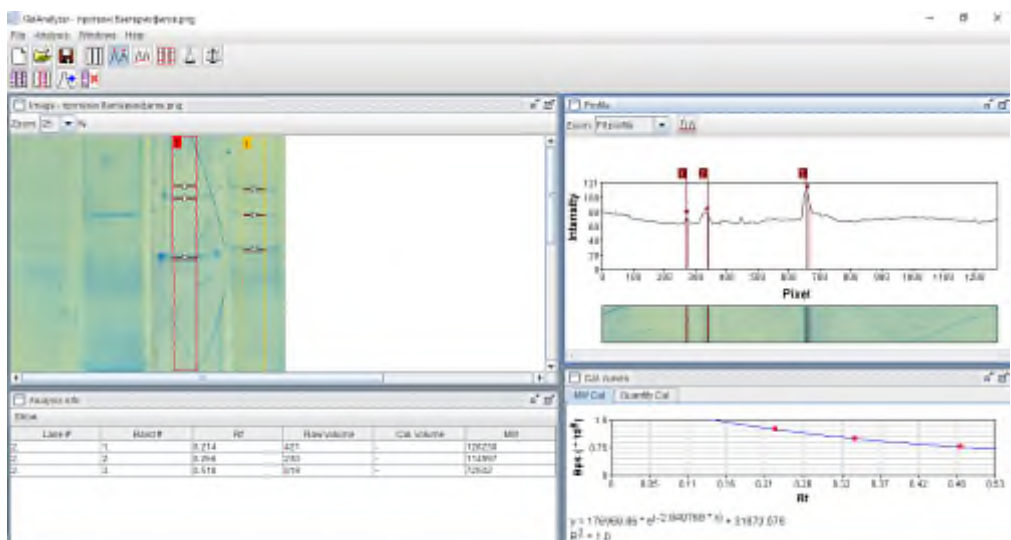


Рисунок 51 - Анализ протеома бактериофага Yersinia phage (Ye3-f2)

## 8.1 Proteus phage (Pr 4 - УГСХА)

При анализе протеома бактериофага Proteus в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 50 белков с молекулярными массами от 5,5 до 140 кДа. Качественный протеомный состав Proteus phage Pr 4 - УГСХА представлен в таблицах 72- и 73 и рисунках 52-55.

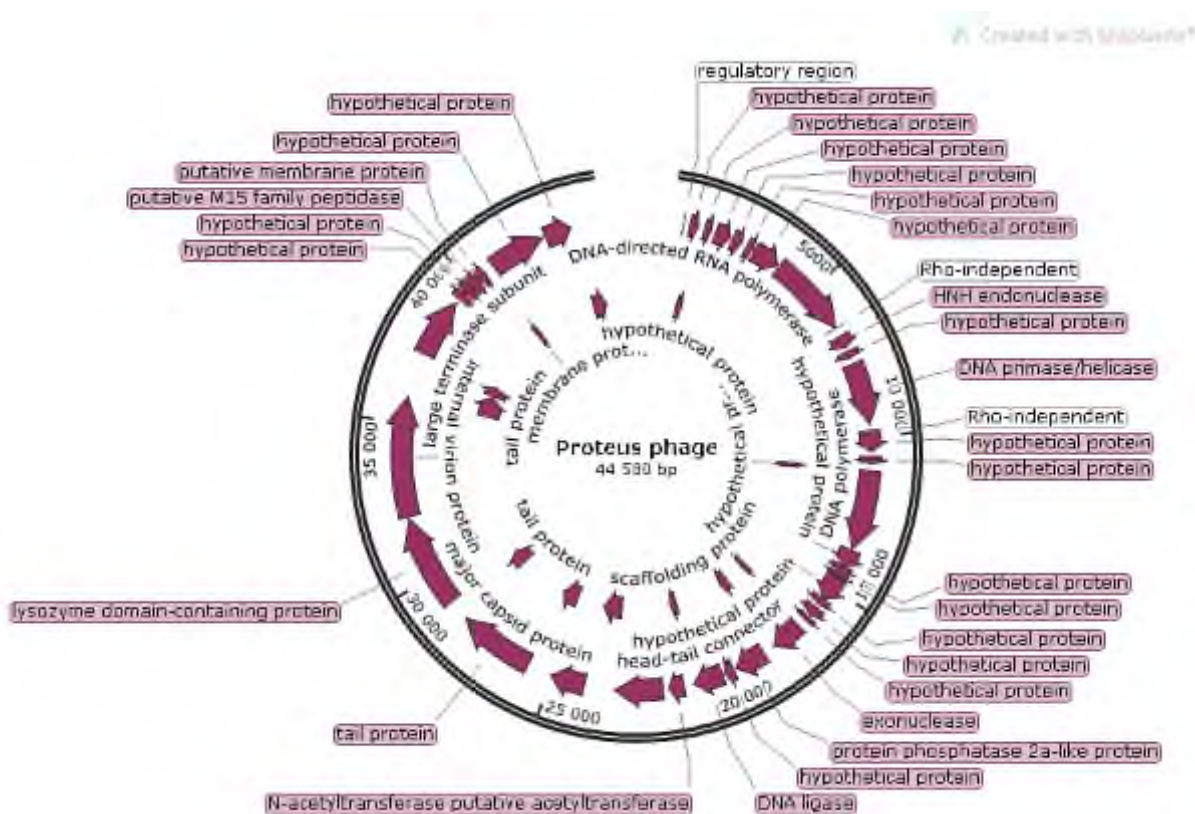


Рисунок 52 - Карта линейной ДНК бактериофага Proteus phage (Pr 4 - УГСХА) с расшифровкой кодирующих областей генома (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

Таблица 72 - Локализация белков в геноме Proteus phage (Pr 4 - УГСХА) (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

Feature	Location	Size			Type
source	1 .. 44 580	44 580 bp			source
✓ regulatory region	403 .. 422	20 bp			regulatory
✓ hypothetical protein	607 .. 882	276 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	845 .. 1096	252 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	1096 .. 1305	210 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	1463 .. 1963	501 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	2028 .. 2357	330 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	2536 .. 2754	219 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	2825 .. 3670	846 bp			CDS   hypothetical protein
✓ DNA-directed RNA polymerase	3744 .. 6371	2628 bp			CDS
✓ Rho-independent	6383 .. 6424	42 bp			regulatory
✓ HNH endonuclease	6674 .. 7087	414 bp			CDS   HNH endonuclease
✓ hypothetical protein	7219 .. 7437	219 bp			CDS   hypothetical protein
✓ DNA primase/helicase	7647 .. 9635	1989 bp			CDS
✓ Rho-independent	9815 .. 9858	44 bp			regulatory
✓ hypothetical protein	9883 .. 10 494	612 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	10 636 .. 10 887	252 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	10 951 .. 11 115	165 bp			CDS   hypothetical protein
✓ DNA polymerase	11 099 .. 13 651	2553 bp			CDS   DNA polymerase
✓ hypothetical protein	13 690 .. 14 235	546 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	14 238 .. 14 468	231 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	14 487 .. 14 642	156 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	14 655 .. 15 461	807 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	15 465 .. 15 689	225 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	15 792 .. 16 115	324 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	16 187 .. 16 339	153 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	16 406 .. 16 651	246 bp			CDS   hypothetical protein
✓ exonuclease	16 597 .. 17 631	1035 bp			CDS   exonuclease
✓ endonuclease	17 616 .. 18 026	411 bp			CDS   endonuclease
✓ protein phosphatase 2a-like p...	18 019 .. 19 026	1008 bp			CDS
✓ hypothetical protein	19 097 .. 19 402	306 bp			CDS   hypothetical protein
✓ DNA ligase	19 497 .. 20 438	942 bp			CDS   DNA ligase
✓ hypothetical protein	20 314 .. 20 625	312 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	20 498 .. 20 761	264 bp			CDS   hypothetical protein
✓ N-acetyltransferase putative...	20 761 .. 21 255	495 bp			CDS
✓ head-tail connector	21 436 .. 22 986	1551 bp			CDS   head-tail connector
✓ scaffolding protein	22 986 .. 23 867	882 bp			CDS   scaffolding protein
✓ major capsid protein	23 941 .. 25 053	1113 bp			CDS
✓ tail protein	25 182 .. 25 910	729 bp			CDS   tail protein
✓ tail protein	25 852 .. 28 317	2466 bp			CDS   tail protein
✓ internal virion protein	28 317 .. 28 994	678 bp			CDS
✓ lysozyme domain-containing p...	29 003 .. 31 954	2952 bp			CDS
✓ internal virion protein	32 022 .. 35 843	3822 bp			CDS
✓ tail protein	35 843 .. 36 802	960 bp			CDS   tail protein
✓ small terminase subunit	36 870 .. 37 292	423 bp			CDS
✓ large terminase subunit	37 292 .. 39 190	1899 bp			CDS
✓ hypothetical protein	39 357 .. 39 632	276 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	39 644 .. 39 913	270 bp			CDS   hypothetical protein
✓ putative M15 family peptidase	39 923 .. 40 276	354 bp			CDS
✓ putative membrane protein	40 303 .. 40 527	225 bp			CDS
✓ membrane protein	40 520 .. 40 717	198 bp			CDS   membrane protein
✓ hypothetical protein	40 831 .. 42 675	1845 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	42 734 .. 43 606	873 bp			CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein	43 606 .. 44 250	645 bp			CDS   hypothetical protein

Таблица 73 - Протеомный состав бактериофага Pr 4 - УГСХА, активного в отношении *Proteus* (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

Наименование	Мол. Масса, Да	pI
DNA ligase	35410	6,57
DNA polymerase	97367	6,09
DNA primase/helicase	74770	5,92
DNA-directed RNA polymerase	99625	6,38
Endonuclease	15439	9,82
Exonuclease	39003	6,27
head-tail connector	57724	5,48
HNH endonuclease	15818	9,74
hypothetical protein – 1	97367	6,09
hypothetical protein – 10	9551	10,06
hypothetical protein – 11	6135	4,04
hypothetical protein – 12	20960	5,49
hypothetical protein – 13	8786	8,54
hypothetical protein – 14	5587	5,11
hypothetical protein – 15	29386	4,79
hypothetical protein – 16	8410	6,16
hypothetical protein – 17	11408	4,57
hypothetical protein – 18	5538	4,12
hypothetical protein – 19	9808	6,27
hypothetical protein – 2	9677	5,81
hypothetical protein – 20	11778	7,74
hypothetical protein – 21	11748	4,94
hypothetical protein – 22	10275	9,15
hypothetical protein – 23	9892	9,74
hypothetical protein – 24	9419	4,61
hypothetical protein – 25	66538	7,51
hypothetical protein – 26	32842	5,60
hypothetical protein – 27	23953	6,28
hypothetical protein – 3	8340	4,28
hypothetical protein – 4	19922	4,32
hypothetical protein – 5	12585	3,59

hypothetical protein – 6	8298	5,09
hypothetical protein – 7	32074	5,12
hypothetical protein – 8	8060	9,27
hypothetical protein – 9	23289	9,65
internal virion protein	23624	7,97
internal virion protein – 2	139867	6,49
large terminase subunit	72173	6,50
lysozyme domain-containing protein	108926	5,52
major capsid protein	40443	5,18
membrane protein	7245	5,11
N-acetyltransferase putative acetyltransferase	18741	6,20
protein phosphatase 2a-like protein	37886	7,04
putative M15 family peptidase	13215	9,39
putative membrane protein	7982	9,86
scaffolding protein	32160	4,17
small terminase subunit	15141	6,72
tail protein	27466	5,94
tail protein – 2	92577	5,48
tail protein – 3	35803	4,87

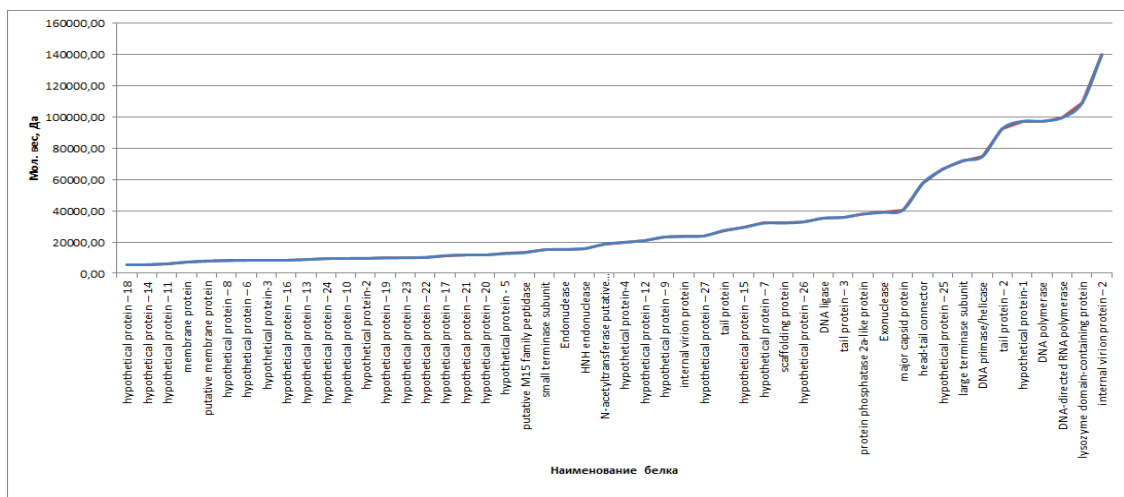


Рисунок 53 - График распределения белкового состава Proteus phage Pr 4 - УГСХА по молекулярной массе (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)



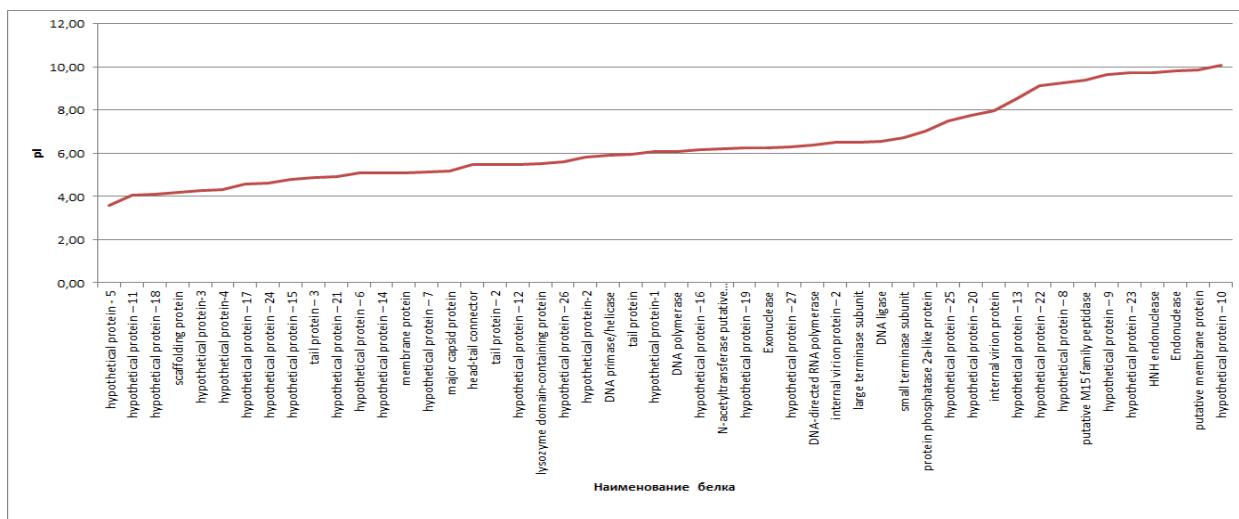


Рисунок 54 - График распределения белкового состава Proteus phage Pr 4 - УГСХА по изоэлектрической точке (pI) (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

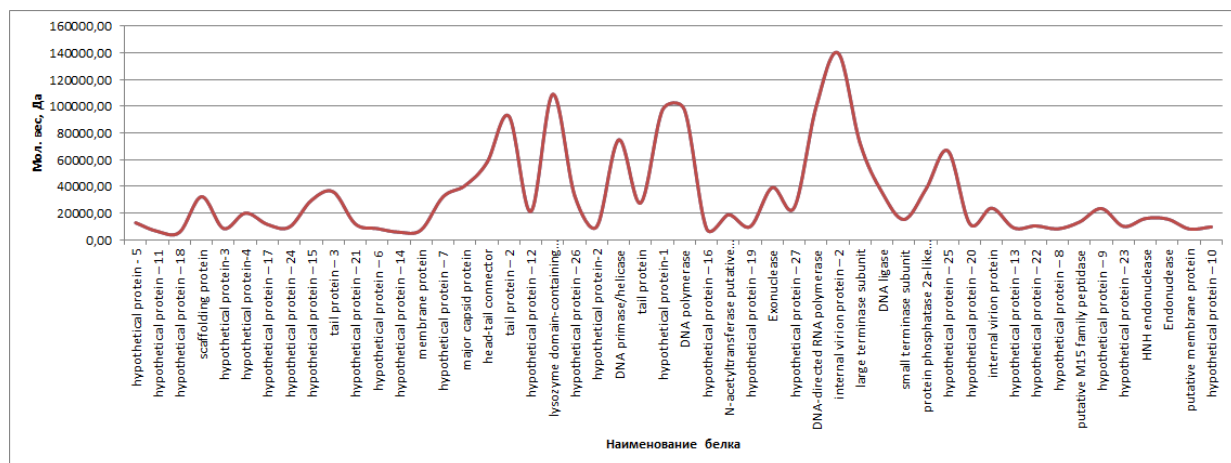


Рисунок 55 - График распределения белкового состава Proteus phage Pr 4 - УГСХА по молекулярной массе в зависимости от pI (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

### hypothetical protein-1

10	20	30	40	50	60
MMENINWVEE	AKGRILVMDA	EAKGLLDAIR	YGKGNDDVHI	ICCMDLLTTE	EFLFFNPYDE
70	80	90	100	110	120
RDPNSRERLV	EWEGHQDGTL	EDGVRFLKNC	EAIVSQNFLG	YDGLLFEKAF	PEIWKGFNYT
130	140	150	160	170	180
EKRKDRRLRS	DLCPIRVMDT	LVMSRMLNPD	RRLPPQAYAK	GMGNVAPHSI	EAHGIRIGRY
190	200	210	220	230	240
KPENEDWSKL	TDHMHVRVRE	DVAIGRDLFL	WLYNNEWTEH	KKRQVVKRTG	IGVETAFHME
250	260	270	280	290	300
SIVALEMSRQ	AERGFRLDMD	KAIARCKELD	EKIDATVAGF	RPHMPMRIKS	KPFKPDQEQE
310	320	330	340	350	360
QVEKANEYSM	LNRIGVSLDY	DAFIHVERRG	DRKTVWSPTT	KSGDWSATVK	KDFPHMRGNR
370	380	390	400	410	420

NDTPEIKWIG AYTPVTFEEI PLGNRDTVKE VLYQHGWGRV DYNDTEQDHL DEYGVLPKPW  
 43Q 44Q 45Q 46Q 47Q 48Q  
 SGKINEKSIE VWKERAERDG KSVPDWCLGI ASWYILVSRR GQILNRGDVE TFDEKGTWPS  
 49Q 50Q 51Q 52Q 53Q 54Q  
 QAGTRKCRGL VPCAFNKELG INAQTFYERY GKWPTSVDVDD GEWRVPAIAI SIGTSTFRMR  
 55Q 56Q 57Q 58Q 59Q 60Q  
 HRNVVNIIPAR GLYPLRDLFI AGKGKLILGC DGAGLELRVL SHFMNDPEYQ DIVLHGDIHT  
 61Q 62Q 63Q 64Q 65Q 66Q  
 HNQLKAGLPK RDKAKTFIYA FLYGSGIPNL ASVCGISEEE MKEVVARFEI ELPSLARLKE  
 67Q 68Q 69Q 70Q 71Q 72Q  
 NVVSQGNKYG YLQAPDGHWG RIRMQNGELK EHTMLNVLLQ MTGSLCMKYA LVRAFFNMRK  
 73Q 74Q 75Q 76Q 77Q 78Q  
 EGVGLDEYGD PAGVANVHDE IQMEVNEDEV LTLNYTLPFT LEGFENEKKV VKSVFDVEEK  
 79Q 80Q 81Q 82Q 83Q 84Q  
 RVHVDSEGRM WSAASLVSDV AD SGVLHCQR RYHRAGQIIA DAMTWAGQYL KMRCPMAGEY  
 85Q  
 KIGTSWAETH

**Number of amino acids:** 850

**Molecular weight:** 97366.79

**Theoretical pI:** 6.09

**Amino acid composition:**

Ala (A)	52	6.1%
Arg (R)	62	7.3%
Asn (N)	38	4.5%
Asp (D)	57	6.7%
Cys (C)	13	1.5%
Gln (Q)	21	2.5%
Glu (E)	72	8.5%
Gly (G)	70	8.2%
His (H)	25	2.9%
Ile (I)	45	5.3%
Leu (L)	66	7.8%
Lys (K)	54	6.4%
Met (M)	30	3.5%
Phe (F)	30	3.5%
Pro (P)	35	4.1%
Ser (S)	37	4.4%
Thr (T)	36	4.2%
Trp (W)	21	2.5%
Tyr (Y)	28	3.3%
Val (V)	58	6.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 129

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 116

**Atomic composition:**

Carbon	C	4315
Hydrogen	H	6716
Nitrogen	N	1220
Oxygen	O	1269
Sulfur	S	43

**Formula:** C<sub>4315</sub>H<sub>6716</sub>N<sub>1220</sub>O<sub>1269</sub>S<sub>43</sub>

**Total number of atoms:** 13563

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 157970

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.622, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 157220

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.615, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.34  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 76.84

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.538

**hypothetical protein-2**

10                      20                      30                      40                      50                      60  
MMLLTSLYLM RCNMYKHHIA TFD RNTYELL CGLHNAVPKR NALSLGLNLF EVTITRCYDK  
70                      80

QACFDMLEDI GINNIEYVIT

**Number of amino acids:** 83

**Molecular weight:** 9677.36

**Theoretical pI:** 5.81

**Amino acid composition:**

Ala (A)	4	4.8%
Arg (R)	4	4.8%
Asn (N)	7	8.4%
Asp (D)	4	4.8%
Cys (C)	4	4.8%
Gln (Q)	1	1.2%
Glu (E)	5	6.0%
Gly (G)	3	3.6%
His (H)	3	3.6%
Ile (I)	7	8.4%
Leu (L)	12	14.5%
Lys (K)	3	3.6%
Met (M)	5	6.0%
Phe (F)	3	3.6%
Pro (P)	1	1.2%
Ser (S)	2	2.4%
Thr (T)	6	7.2%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	5	6.0%
Val (V)	4	4.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 9

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 7

**Atomic composition:**

Carbon	C	430
Hydrogen	H	682
Nitrogen	N	112
Oxygen	O	123
Sulfur	S	9

**Formula:** C<sub>430</sub>H<sub>682</sub>N<sub>112</sub>O<sub>123</sub>S<sub>9</sub>

**Total number of atoms:** 1356

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.  
Ext. coefficient            7700

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.796, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 7450  
Abs 0.1% (=1 g/l) 0.770, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 53.63  
This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 108.07

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.182

**hypothetical protein-3**

10 20 30 40 50 60  
MFYEIYLSDY ASFKLLSSWC EAESRTYNLN GDQEMYVVKI ERMYSQTLR ELLVENGIEF  
DDVIPFKMF

**Number of amino acids:** 69

**Molecular weight:** 8340.47

**Theoretical pI:** 4.28

**Amino acid composition:**

Ala (A)	2	2.9%
Arg (R)	3	4.3%
Asn (N)	3	4.3%
Asp (D)	4	5.8%
Cys (C)	1	1.4%
Gln (Q)	2	2.9%
Glu (E)	9	13.0%
Gly (G)	2	2.9%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	4	5.8%
Leu (L)	7	10.1%
Lys (K)	3	4.3%
Met (M)	4	5.8%
Phe (F)	5	7.2%
Pro (P)	1	1.4%
Ser (S)	6	8.7%
Thr (T)	2	2.9%
Trp (W)	1	1.4%
Tyr (Y)	6	8.7%
Val (V)	4	5.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 13

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 6

**Atomic composition:**

Carbon	C	379
Hydrogen	H	565
Nitrogen	N	87
Oxygen	O	115
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>379</sub>H<sub>565</sub>N<sub>87</sub>O<sub>115</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 1151

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of  $M^{-1} \text{ cm}^{-1}$ , at 280 nm measured in water.  
Ext. coefficient 14440  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.731, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 14440  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.731, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 54.91  
This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 81.88

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.238

**hypothetical protein-4**

10 20 30 40 50 60  
MLNRIDVHFK LLSAEKDIYF KRTWTTEPSD YPFIMGINID GTMYYPDGNT MDNALYLIEG  
70 80 90 100 110 120  
EHCKWHYIQD VLKETFKRDK ECLYLTFQPL IKLHYDDGSV KELDTKDDWF SFDWHEGYDW  
130 140 150 160  
SLEERLNQLF FETEQAGEAI GDNVEDLEEW LESNLLTWSW DNVSMS

**Number of amino acids:** 166

**Molecular weight:** 19922.16

**Theoretical pI:** 4.32

**Amino acid composition:**

Ala (A)	4	2.4%
Arg (R)	4	2.4%
Asn (N)	8	4.8%
Asp (D)	18	10.8%
Cys (C)	2	1.2%
Gln (Q)	4	2.4%
Glu (E)	17	10.2%
Gly (G)	8	4.8%
His (H)	5	3.0%
Ile (I)	9	5.4%
Leu (L)	18	10.8%
Lys (K)	10	6.0%
Met (M)	5	3.0%
Phe (F)	9	5.4%
Pro (P)	4	2.4%
Ser (S)	9	5.4%
Thr (T)	10	6.0%
Trp (W)	8	4.8%
Tyr (Y)	9	5.4%
Val (V)	5	3.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 35

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 14

**Atomic composition:**

Carbon	C	906
Hydrogen	H	1320
Nitrogen	N	218
Oxygen	O	277

Sulfur S 7

**Formula:** C<sub>906</sub>H<sub>1320</sub>N<sub>218</sub>O<sub>277</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 2728

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 57535

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.888, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 57410

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.882, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 43.35

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 74.58

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.623

### hypothetical protein - 5

10 20 30 40 50 60  
MTTYNEVLDS AIESLKEYIE CNDIQEETYE IQDAISEIAD NAIPYNCDI FSVFAEGGIS  
70 80 90 100  
YQMDDTGLIE GCDDVIQILQ MRIYEELSND LYHMVRGLIN EYVYSLEEE

**Number of amino acids:** 109

**Molecular weight:** 12584.91

**Theoretical pI:** 3.59

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	4.6%
Arg (R)	2	1.8%
Asn (N)	6	5.5%
Asp (D)	10	9.2%
Cys (C)	3	2.8%
Gln (Q)	5	4.6%
Glu (E)	16	14.7%
Gly (G)	5	4.6%
His (H)	1	0.9%
Ile (I)	15	13.8%
Leu (L)	8	7.3%
Lys (K)	1	0.9%
Met (M)	4	3.7%
Phe (F)	2	1.8%
Pro (P)	1	0.9%
Ser (S)	7	6.4%
Thr (T)	4	3.7%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	9	8.3%
Val (V)	5	4.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 26

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 3

**Atomic composition:**

Carbon	C	551
Hydrogen	H	841
Nitrogen	N	129
Oxygen	O	193

Sulfur S 7  
**Formula:** C<sub>551</sub>H<sub>841</sub>N<sub>129</sub>O<sub>193</sub>S<sub>7</sub>  
**Total number of atoms:** 1721  
**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 13535  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.075, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 13410  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.066, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 52.09  
This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 100.18

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.190

**hypothetical protein - 6**

10 20 30 40 50 60  
MVMFFGVTTL VAFCYLVYRV GTTNKAINII REEGLTVYGD GNMVVLIDNH GVIEYITENQ  
70  
LIEIANFFLR LR

**Number of amino acids:** 72

**Molecular weight:** 8297.70

**Theoretical pI:** 5.09

**Amino acid composition:**

Ala (A)	3	4.2%
Arg (R)	4	5.6%
Asn (N)	6	8.3%
Asp (D)	2	2.8%
Cys (C)	1	1.4%
Gln (Q)	1	1.4%
Glu (E)	5	6.9%
Gly (G)	6	8.3%
His (H)	1	1.4%
Ile (I)	8	11.1%
Leu (L)	7	9.7%
Lys (K)	1	1.4%
Met (M)	3	4.2%
Phe (F)	5	6.9%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	0	0.0%
Thr (T)	6	8.3%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	5	6.9%
Val (V)	8	11.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 7

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 5

**Atomic composition:**

Carbon C 381

Hydrogen H 592  
 Nitrogen N 94  
 Oxygen O 105  
 Sulfur S 4

**Formula:** C<sub>381</sub>H<sub>592</sub>N<sub>94</sub>O<sub>105</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 1176

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 7450

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.898, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 7450

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.898, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 32.97

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 117.64

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.508

**hypothetical protein – 7**

	<u>10</u>	<u>20</u>	<u>30</u>	<u>40</u>	<u>50</u>	<u>60</u>
MTNQVLTLRD	EIRNEVNALL	DNIGASYLRI	GELLNEARSD	FDNQRDFLSW	VENEFSEIKKS	
	<u>70</u>	<u>80</u>	<u>90</u>	<u>100</u>	<u>110</u>	<u>120</u>
QCFNLMKVSL	HFKDNESFQK	VSMRVLLALI	PYDDNDIMR	RAEVLALRGD	LTNSLNIIL	
	<u>130</u>	<u>140</u>	<u>150</u>	<u>160</u>	<u>170</u>	<u>180</u>
GKPETKVKET	QAEPEKTQEK	PAQLQSVQPE	EAKEENKIPF	EPDVVEEKVSE	PKAQPIESQD	
	<u>190</u>	<u>200</u>	<u>210</u>	<u>220</u>	<u>230</u>	<u>240</u>
NVDNTAMKAL	LEQIKTLTEQ	NRELQERIIS	LSSVRETKKA	TAPMLPQFKS	SCMYARLGLS	
	<u>250</u>	<u>260</u>	<u>270</u>	<u>280</u>		
AEEATKKTAV	NKAKRELVKL	GYGEGHEAWD	FIKEAVEDLL	K		

**Number of amino acids:** 281

**Molecular weight:** 32073.50

**Theoretical pI:** 5.12

**Amino acid composition:**

Ala (A)	21	7.5%
Arg (R)	14	5.0%
Asn (N)	17	6.0%
Asp (D)	15	5.3%
Cys (C)	2	0.7%
Gln (Q)	15	5.3%
Glu (E)	34	12.1%
Gly (G)	8	2.8%
His (H)	2	0.7%
Ile (I)	14	5.0%
Leu (L)	31	11.0%
Lys (K)	26	9.3%
Met (M)	8	2.8%
Phe (F)	9	3.2%
Pro (P)	11	3.9%
Ser (S)	18	6.4%
Thr (T)	14	5.0%
Trp (W)	2	0.7%
Tyr (Y)	4	1.4%
Val (V)	16	5.7%



Pyl (O) 0 0.0%  
 Sec (U) 0 0.0%  
 (B) 0 0.0%  
 (Z) 0 0.0%  
 (X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 49**  
**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 40**

**Atomic composition:**

Carbon C 1404  
 Hydrogen H 2283  
 Nitrogen N 387  
 Oxygen O 448  
 Sulfur S 10

**Formula:** C<sub>1404</sub>H<sub>2283</sub>N<sub>387</sub>O<sub>448</sub>S<sub>10</sub>

**Total number of atoms:** 4532

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 17085

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.533, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 16960

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.529, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 45.04

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 86.44

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.623

**DNA-directed RNA polymerase**

10	20	30	40	50	60
MDLQEIQLQL	ENEMFNGGIR	RFEADQQRHL	QSGNASDTAW	NRKLISEFIA	PMAQGIQAYK
70	80	90	100	110	120
EEYKKGKIGRA	PRALAFINCV	ENEVSAYITM	KVVMDMIQTD	VTLQSIAMSI	ADRIEDQVRF
130	140	150	160	170	180
SNLEGKAKKY	FEKVKASLKA	SRSKQYAHGH	KVMVVAEKNL	AEKSEDIDRW	IPWGKEELLN
190	200	210	220	230	240
IGLTLLEILE	NSVFFNGEPV	FFRTIRTMGY	KKTLYFLQTS	ENIGEWVRAF	KDHVAQLSPA
250	260	270	280	290	300
YAPCVVPPRP	WKSPFNGGFH	TEKVASRIRL	VKGDREHVRK	LTQKQMPKVY	KAINALQNTQ
310	320	330	340	350	360
WQVNKEILNV	ADEVVRLDLG	YGVPHFKPLI	DKDNKPANPV	PVEFQHLRGR	ELKEVLSDEK
370	380	390	400	410	420
WQSFMHWKGE	CAKLYTAETK	RGSKSASVVR	MLGQARKYSM	FDAIYFVYAM	DSRSRVYAQS
430	440	450	460	470	480
STLSPQSDDL	GKALLRFTEG	RSINSVEDLK	WFCINGANLW	GWDKKTFDVR	LNNVLQEDFQ
490	500	510	520	530	540
EMCRDIASDP	LTFTQWVGAD	APYQFLAWAF	EYANYLDLVD	EGRAHEFKTH	LPVHQDGCSCS
550	560	570	580	590	600
GIQHYSAMLK	DEVGARAVNL	KPSDAPQDIY	GEVAKVVIRK	NNENMEASEE	DFMTSGSMHL
610	620	630	640	650	660
QGAVLRAMAS	SWDSVGITRG	LTKKPVMTLP	YGSTRITCRE	SVEDYLITLLE	EEEVKRAIAE
670	680	690	700	710	720
NRKANKVHPF	VGDKEEGQIL	ERDALNYMTA	LIWPSISEVV	KAPIVAMRMI	KQLARYASKR
730	740	750	760	770	780
NEGLEYTLPT	GFILKQKIMA	TEMLRVRTML	MGDIRMSLQV	DTDVVDETAM	SGASAPNFVH
790	800	810	820	830	840

GHDASHLILT VCDLVDKGIK SIAVIHDSFG THADNTVALR DSLRHKMVEM YENTNALQKL  
85Q 86Q 87Q  
LEEHEERWLV DTGIKVPEQG TFDIREILNS DYVFA

**Number of amino acids:** 875

**Molecular weight:** 99624.91

**Theoretical pI:** 6.38

**Amino acid composition:**

Ala (A)	71	8.1%
Arg (R)	50	5.7%
Asn (N)	38	4.3%
Asp (D)	51	5.8%
Cys (C)	8	0.9%
Gln (Q)	38	4.3%
Glu (E)	68	7.8%
Gly (G)	48	5.5%
His (H)	22	2.5%
Ile (I)	47	5.4%
Leu (L)	73	8.3%
Lys (K)	62	7.1%
Met (M)	32	3.7%
Phe (F)	34	3.9%
Pro (P)	30	3.4%
Ser (S)	54	6.2%
Thr (T)	40	4.6%
Trp (W)	16	1.8%
Tyr (Y)	27	3.1%
Val (V)	66	7.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 119

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 112

**Atomic composition:**

Carbon	C	4430
Hydrogen	H	6973
Nitrogen	N	1223
Oxygen	O	1311
Sulfur	S	40

**Formula:** C<sub>4430</sub>H<sub>6973</sub>N<sub>1223</sub>O<sub>1311</sub>S<sub>40</sub>

**Total number of atoms:** 13977

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 128730

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.292, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 128230

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.287, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 42.55

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 83.47

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.386

**HNH endonuclease**

10            20            30            40            50            60  
 MRGDLARRAE LAGYTIHKDG SITGKRGNIL KPWLQTSQYY VVNIVFIKQO RTTTLVHRLI  
 70            80            90            100           110           120  
 ASKYCECNDI DANEVNHKDG DKLNDSSNL EWITHRQNVN HRFQFENYKE LTADDARIKN  
 130  
 NIRCSIRNKL KRKSKVN

**Number of amino acids:** 137

**Molecular weight:** 15817.92

**Theoretical pI:** 9.74

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	5.1%
Arg (R)	12	8.8%
Asn (N)	15	10.9%
Asp (D)	9	6.6%
Cys (C)	3	2.2%
Gln (Q)	3	2.2%
Glu (E)	6	4.4%
Gly (G)	9	6.6%
His (H)	5	3.6%
Ile (I)	11	8.0%
Leu (L)	10	7.3%
Lys (K)	13	9.5%
Met (M)	1	0.7%
Phe (F)	3	2.2%
Pro (P)	1	0.7%
Ser (S)	7	5.1%
Thr (T)	8	5.8%
Trp (W)	2	1.5%
Tyr (Y)	5	3.6%
Val (V)	7	5.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 15

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 25

**Atomic composition:**

Carbon	C	687
Hydrogen	H	1108
Nitrogen	N	216
Oxygen	O	206
Sulfur	S	4

**Formula:** C<sub>687</sub>H<sub>1108</sub>N<sub>216</sub>O<sub>206</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 2221

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient      18575

Abs 0.1% (=1 g/l)    1.174, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient      18450

Abs 0.1% (=1 g/l)    1.166, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.31

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.71

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.829

## hypothetical protein – 8

10            20            30            40            50            60  
MIKCITDKPT TIKKLRHLK ALLITLATIC LIGFIVEMAR VKPEIVAITL CLLIVLAGVV  
70  
CLYSIIYQLF TE

**Number of amino acids:** 72

**Molecular weight:** 8060.13

**Theoretical pI:** 9.27

### Amino acid composition:

Ala (A)	5	6.9%
Arg (R)	2	2.8%
Asn (N)	0	0.0%
Asp (D)	1	1.4%
Cys (C)	4	5.6%
Gln (Q)	1	1.4%
Glu (E)	3	4.2%
Gly (G)	2	2.8%
His (H)	1	1.4%
Ile (I)	12	16.7%
Leu (L)	12	16.7%
Lys (K)	7	9.7%
Met (M)	2	2.8%
Phe (F)	2	2.8%
Pro (P)	2	2.8%
Ser (S)	1	1.4%
Thr (T)	7	9.7%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	2	2.8%
Val (V)	6	8.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 4

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 9

### Atomic composition:

Carbon	C	376
Hydrogen	H	642
Nitrogen	N	88
Oxygen	O	92
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>376</sub>H<sub>642</sub>N<sub>88</sub>O<sub>92</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 1204

### Extinction coefficients:

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient            3230

Abs 0.1% (=1 g/l)    0.401, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient            2980

Abs 0.1% (=1 g/l)    0.370, assuming all Cys residues are reduced

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

### Instability index:

The instability index (II) is computed to be 21.46

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 161.11

Grand average of hydropathicity (GRAVY): 1.165

### DNA primase/helicase

```

10      20      30      40      50      60
MAIINNLP CP MCQKNGHDKS GNHLMVFDDG AGYCNRGHFH DNGRPYYHKP EGGIEITELP
70      80      90      100     110     120
ISGNIKYTPA QFKELEKEGK IADPKLRAIA LGGMRMADRW EVMNEQERAE QKAEWELDVE
130     140     150     160     170     180
WFNTLKRKNL ISRHIRGDIC ALYDVRVGHG EEGKVNRYHY PRYEQGKLVG AKCRTLPKDF
190     200     210     220     230     240
RFGHLGKLFQ DQDLFGMHTM TAFLDKGRRK DTLIVGGEL DALASQQMLL DSAKGTQWEG
250     260     270     280     290     300
KPYHVWSINK GEACLQEIWA NREHISQFKK IIWGFNDDEV GMKLNQQASR LFAGKSYIIE
310     320     330     340     350     360
YPSGCKDANK ALMAGKHKEF VDAWFNAKSS DEVFASQIKS IASQRDKLKE ARPEQGLSWP
370     380     390     400     410     420
WPKLNKITLG IRKNQLIVIG AGSGVGKTEF LREVVKHLIE EHGSEVGIIS TEDPYNKVAR
430     440     450     460     470     480
AFIGKWIDKR IELPPCNNPR EDGYREVFYD TEEEAANAID YVADTGKLFV ADLEGDYSME
490     500     510     520     530     540
KIEQTCLEFE AMGISNIIID NLTGIKLDER QFGGKVGALD ECVKRIGTIK DRHKVTIFLV
550     560     570     580     590     600
SHLTRVSGQR TPHEAGGDVY LSDFRGSGAI GFWASYAIGI KRNTMAESLD ERTTTFISCV
610     620     630     640     650     660
KDRDQGIYTG TEIMLKGDLA TGRLVEPQAR VKSFDTGVPK EQEVPELETT IEENKQDEIE
EF
```

Number of amino acids: 662

Molecular weight: 74769.85

Theoretical pI: 5.92

#### Amino acid composition:

Ala (A)	44	6.6%
Arg (R)	37	5.6%
Asn (N)	27	4.1%
Asp (D)	43	6.5%
Cys (C)	11	1.7%
Gln (Q)	24	3.6%
Glu (E)	60	9.1%
Gly (G)	62	9.4%
His (H)	18	2.7%
Ile (I)	49	7.4%
Leu (L)	48	7.3%
Lys (K)	54	8.2%
Met (M)	15	2.3%
Phe (F)	27	4.1%
Pro (P)	22	3.3%
Ser (S)	29	4.4%
Thr (T)	29	4.4%
Trp (W)	11	1.7%
Tyr (Y)	19	2.9%
Val (V)	33	5.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 103

Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 91

#### Atomic composition:

Carbon	C	3313
Hydrogen	H	5195

Nitrogen N 925  
Oxygen O 997  
Sulfur S 26

**Formula:** C<sub>3313</sub>H<sub>5195</sub>N<sub>925</sub>O<sub>997</sub>S<sub>26</sub>

**Total number of atoms:** 10456

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 89435

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.196, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 88810

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.188, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.11

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 78.25

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.543

**hypothetical protein – 9**

```

      10      20      30      40      50      60
MYQLNLNVGS KVRNIREHSS FKMIGFVEC EVNEGKGDW LVQYQDGRG TYFKHLAHS
      70      80      90     100     110     120
LQLVDEHKSQ KQTIKEQHK ERIKRERR NVISGWTQSE MIKQHGAKG VTQFNLRALG
      130     140     150     160     170     180
KTTGQALSVI SKAVLQPNTP ISFHNIDHAI VEHNVPKIA NVVMKSKIED LIVTLGFKGI
      190     200
RFNNNSIVF NPIVTEETV ERI
```

**Number of amino acids:** 203

**Molecular weight:** 23288.77

**Theoretical pI:** 9.65

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	3.4%
Arg (R)	11	5.4%
Asn (N)	15	7.4%
Asp (D)	5	2.5%
Cys (C)	1	0.5%
Gln (Q)	11	5.4%
Glu (E)	15	7.4%
Gly (G)	14	6.9%
His (H)	10	4.9%
Ile (I)	18	8.9%
Leu (L)	12	5.9%
Lys (K)	18	8.9%
Met (M)	5	2.5%
Phe (F)	8	3.9%
Pro (P)	5	2.5%
Ser (S)	12	5.9%
Thr (T)	10	4.9%
Trp (W)	2	1.0%
Tyr (Y)	5	2.5%
Val (V)	19	9.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 20

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 29

**Atomic composition:**

Carbon	C	1036
Hydrogen	H	1658
Nitrogen	N	302
Oxygen	O	297
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>1036</sub>H<sub>1658</sub>N<sub>302</sub>O<sub>297</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 3299

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 18450

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.792, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 18450

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.792, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 36.89

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 88.23

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.482

**hypothetical protein – 10**

10 20 30 40 50 60  
MQVKIQKKII KCGKLLLATN MLVNSLWSMK MKNKISLSIL DGKEDMQAHV TNQAFLLFAQM  
70 80  
TLAEAKKNSL TREQIIKESE RKK

**Number of amino acids:** 83

**Molecular weight:** 9551.48

**Theoretical pI:** 10.06

**Amino acid composition:**

Ala (A)	6	7.2%
Arg (R)	2	2.4%
Asn (N)	5	6.0%
Asp (D)	2	2.4%
Cys (C)	1	1.2%
Gln (Q)	6	7.2%
Glu (E)	5	6.0%
Gly (G)	2	2.4%
His (H)	1	1.2%
Ile (I)	7	8.4%
Leu (L)	9	10.8%
Lys (K)	15	18.1%
Met (M)	6	7.2%
Phe (F)	2	2.4%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	6	7.2%
Thr (T)	4	4.8%
Trp (W)	1	1.2%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	3	3.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%

(Z) 0 0.0%  
(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 7**  
**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 17**

**Atomic composition:**

Carbon C 420  
Hydrogen H 720  
Nitrogen N 118  
Oxygen O 119  
Sulfur S 7

**Formula:** C<sub>420</sub>H<sub>720</sub>N<sub>118</sub>O<sub>119</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 1384

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 5500

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.576, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 5500

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.576, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 12.94

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 92.89

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.414

**hypothetical protein – 11**

10 20 30 40 50  
MELVMIKVAL GLHHLVSDET IDSQERAERD AELGLALPEP DRDVLWEVD DGEY

**Number of amino acids:** 54

**Molecular weight:** 6134.79

**Theoretical pI:** 4.04

**Amino acid composition:**

Ala (A) 4 7.4%  
Arg (R) 3 5.6%  
Asn (N) 0 0.0%  
Asp (D) 8 14.8%  
Cys (C) 0 0.0%  
Gln (Q) 1 1.9%  
Glu (E) 8 14.8%  
Gly (G) 3 5.6%  
His (H) 2 3.7%  
Ile (I) 2 3.7%  
Leu (L) 8 14.8%  
Lys (K) 1 1.9%  
Met (M) 2 3.7%  
Phe (F) 0 0.0%  
Pro (P) 2 3.7%  
Ser (S) 2 3.7%  
Thr (T) 1 1.9%  
Trp (W) 1 1.9%  
Tyr (Y) 1 1.9%  
Val (V) 5 9.3%  
Pyl (O) 0 0.0%  
Sec (U) 0 0.0%  
(B) 0 0.0%  
(Z) 0 0.0%



(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 16**  
**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 4**  
**Atomic composition:**  
Carbon C 266  
Hydrogen H 420  
Nitrogen N 70  
Oxygen O 92  
Sulfur S 2  
**Formula:** C<sub>266</sub>H<sub>420</sub>N<sub>70</sub>O<sub>92</sub>S<sub>2</sub>  
**Total number of atoms:** 850  
**Extinction coefficients:**  
Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.  
Ext. coefficient 6990  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.139  
**Estimated half-life:**  
The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).  
**Instability index:**  
The instability index (II) is computed to be 22.35  
This classifies the protein as stable.  
**Aliphatic index:** 106.48  
**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.385

## DNA polymerase

10	20	30	40	50	60
MMENINWVEE	AKGRILVMDA	EAKGLLDAIR	YGKGNDDVHI	ICCMDLLTTE	EFLFFNPYDE
70	80	90	100	110	120
RDPNSRERLV	EWEGHQDGTL	EDGVRFLKNC	EAIVSQNFLG	YDGLLFEKAF	PEIWKGFNYT
130	140	150	160	170	180
EKRKGDRLRS	DLCPIRVMDT	LVMSRMLNPD	RRLPPQAYAK	GMGNVAPHSI	EAHGIRIGRY
190	200	210	220	230	240
KPENEDWSKL	TDHMVHRVRE	DVAIGRDLFL	WLYNNEWTEH	KKRGVKNRTG	IGVETAFHME
250	260	270	280	290	300
SIVALEMSRQ	AERGFRLDMD	KAIARCKELD	EKIDATVAGF	RPHMPMRIKS	KPFKPDEKQE
310	320	330	340	350	360
QVEKANEYSM	LNIRIGVSLDY	DAFIHVERRG	DRKTVWSPTT	KSGDWSATVK	KDFPHMRGNR
370	380	390	400	410	420
NDTPEIKWIG	AYTPVTFEEI	PLGNRDTVKE	VLYQHGWGRV	DYNDTEQDHL	DEYGVLPKPW
430	440	450	460	470	480
SGKINEKSIE	VWKERAERDG	KSVPDWCLGI	ASWYILVSRR	GQILNRGDVE	TFDEKGTWPS
490	500	510	520	530	540
QAGTRKCRGL	VPCAFNKELG	INAQTFYERY	GKWPTSVDVDD	GEWRVPAIAI	SIGTSTFRMR
550	560	570	580	590	600
HRNVVNIPAR	GLYPLRDLFI	AGKGKLIILGC	DGAGLELRVL	SHFMNDPEYQ	DIVLHGDIHT
610	620	630	640	650	660
HNQLKAGLPK	RDMAKTFIYA	FLYGSGIPNL	ASVCGISEEE	MKEVVARFEI	ELPSLARLKE
670	680	690	700	710	720
NVVSQGNYKY	YLQAPDGHWG	RIRMQNGELK	EHTMLNVLLQ	MTGSLCMKYA	LVRAFFNMRK
730	740	750	760	770	780
EGVGLDEYGD	PAGVANVHDE	IQMEVNEDEV	LTLNYTLPFPT	LEGFENEKKV	VKSVFDVEEK
790	800	810	820	830	840
RVHVDSEGRM	WSAASLVSVD	ADSGVLHCQR	RYHRAGQIIA	DAMTWAGQYL	KMRCPMAGEY
850					
KIGTSWAETH					

**Number of amino acids: 850**

**Molecular weight:** 97366.79

**Theoretical pI:** 6.09

**Amino acid composition:**

Ala (A)	52	6.1%
Arg (R)	62	7.3%
Asn (N)	38	4.5%
Asp (D)	57	6.7%
Cys (C)	13	1.5%
Gln (Q)	21	2.5%
Glu (E)	72	8.5%
Gly (G)	70	8.2%
His (H)	25	2.9%
Ile (I)	45	5.3%
Leu (L)	66	7.8%
Lys (K)	54	6.4%
Met (M)	30	3.5%
Phe (F)	30	3.5%
Pro (P)	35	4.1%
Ser (S)	37	4.4%
Thr (T)	36	4.2%
Trp (W)	21	2.5%
Tyr (Y)	28	3.3%
Val (V)	58	6.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 129**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 116**

**Atomic composition:**

Carbon	C	4315
Hydrogen	H	6716
Nitrogen	N	1220
Oxygen	O	1269
Sulfur	S	43

**Formula:** C<sub>4315</sub>H<sub>6716</sub>N<sub>1220</sub>O<sub>1269</sub>S<sub>43</sub>

**Total number of atoms:** 13563

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 157970

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.622, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 157220

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.615, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.34

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 76.84

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.538

**hypothetical protein – 12**

```

10      20      30      40      50      60
MYKSLIKINH MLNSIVGEEV TLVGGCVRDT LYGVTPKDYD AVICMGDSSE SYCHGMIEDI
70      80      90      100     110     120
AYRFRALDFK VELYQSYGLH EGEVINPTSF QAMFYSCCLKV TMKNCQVDIL LSKADTIEEH
130     140     150     160     170     180
VKRHDCNMNM VWFDLISKQI KWCHDGDQPK CETLQFVPDV CNERIGRMYN KWLQLNSKSK
D

```

**Number of amino acids: 181**

**Molecular weight: 20960.06**

**Theoretical pI: 5.49**

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	2.8%
Arg (R)	6	3.3%
Asn (N)	9	5.0%
Asp (D)	14	7.7%
Cys (C)	9	5.0%
Gln (Q)	7	3.9%
Glu (E)	12	6.6%
Gly (G)	10	5.5%
His (H)	6	3.3%
Ile (I)	11	6.1%
Leu (L)	14	7.7%
Lys (K)	14	7.7%
Met (M)	9	5.0%
Phe (F)	6	3.3%
Pro (P)	4	2.2%
Ser (S)	12	6.6%
Thr (T)	7	3.9%
Trp (W)	3	1.7%
Tyr (Y)	9	5.0%
Val (V)	14	7.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 26**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 20**

**Atomic composition:**

Carbon	C	922
Hydrogen	H	1432
Nitrogen	N	244
Oxygen	O	278
Sulfur	S	18

**Formula:** C<sub>922</sub>H<sub>1432</sub>N<sub>244</sub>O<sub>278</sub>S<sub>18</sub>

**Total number of atoms: 2894**

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 30410

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.451, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 29910

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.427, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 39.44

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.06

**Grand average of hydropathicity (GRAVY): -0.333**

### hypothetical protein – 13

10 20 30 40 50 60  
MFYNEKYILS KDKLIGIDMK CVKGTDALYI IVEVRCNGYM IRRYQTFEKG YTDLDVLSYL

70

AEVVPALKAK AQLPLN

**Number of amino acids:** 76

**Molecular weight:** 8786.38

**Theoretical pI:** 8.54

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	6.6%
Arg (R)	3	3.9%
Asn (N)	3	3.9%
Asp (D)	5	6.6%
Cys (C)	2	2.6%
Gln (Q)	2	2.6%
Glu (E)	4	5.3%
Gly (G)	4	5.3%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	6	7.9%
Leu (L)	9	11.8%
Lys (K)	8	10.5%
Met (M)	3	3.9%
Phe (F)	2	2.6%
Pro (P)	2	2.6%
Ser (S)	2	2.6%
Thr (T)	3	3.9%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	7	9.2%
Val (V)	6	7.9%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 9

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 11

**Atomic composition:**

Carbon	C	401
Hydrogen	H	640
Nitrogen	N	98
Oxygen	O	112
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>401</sub>H<sub>640</sub>N<sub>98</sub>O<sub>112</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 1256

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 10555

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.201, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 10430

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.187, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 22.61

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 106.45

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.005

**hypothetical protein – 14**

10 20 30 40 50  
MKVTVINTVT GELREYENAE MMVAPNGVIF VKRGKQTLFA SGSTDIIVEA Q

**Number of amino acids: 51**

**Molecular weight: 5587.46**

**Theoretical pI: 5.11**

**Amino acid composition:**

Ala (A)	4	7.8%
Arg (R)	2	3.9%
Asn (N)	3	5.9%
Asp (D)	1	2.0%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	2	3.9%
Glu (E)	5	9.8%
Gly (G)	4	7.8%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	4	7.8%
Leu (L)	2	3.9%
Lys (K)	3	5.9%
Met (M)	3	5.9%
Phe (F)	2	3.9%
Pro (P)	1	2.0%
Ser (S)	2	3.9%
Thr (T)	5	9.8%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	1	2.0%
Val (V)	7	13.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 6**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 5**

**Atomic composition:**

Carbon	C	245
Hydrogen	H	403
Nitrogen	N	65
Oxygen	O	77
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>245</sub>H<sub>403</sub>N<sub>65</sub>O<sub>77</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms: 793**

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 1490

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.267

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 8.04

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 93.53

**Grand average of hydropathicity (GRAVY): 0.092**

**hypothetical protein – 15**

10            20            30            40            50            60  
 MARNFDFGAE VAKTEGGVFK NPDVGDHEAI ISAIIHVGSF QDIFKKGSTT EVKKPCNFVL  
 70            80            90            100           110           120  
 VRATLMGDDD KNEDGSRMEQ WMSVALKSGD KATLTKLLNA VDPKELLGGF DDFIGECFTV  
 130           140           150           160           170           180  
 SMVGDEKAGK NEDGTFKYVN WKGFSGMPDK LKKLVIAQVE EEGIECLGHI TFDKLT KDVL  
 190           200           210           220           230           240  
 DAIPAHLVQR YFLNETTRGK NLSVEGSHVA DIIAEARKAD PEWKKAKAKD DAKPDDKQSL  
 250           260  
 DTGASVPQEV PEAQNQPAPA DMDTDEEF

**Number of amino acids: 268**

**Molecular weight: 29386.06**

**Theoretical pI: 4.79**

**Amino acid composition:**

Ala (A)	24	9.0%
Arg (R)	6	2.2%
Asn (N)	10	3.7%
Asp (D)	28	10.4%
Cys (C)	3	1.1%
Gln (Q)	8	3.0%
Glu (E)	22	8.2%
Gly (G)	22	8.2%
His (H)	5	1.9%
Ile (I)	12	4.5%
Leu (L)	17	6.3%
Lys (K)	28	10.4%
Met (M)	7	2.6%
Phe (F)	14	5.2%
Pro (P)	11	4.1%
Ser (S)	12	4.5%
Thr (T)	14	5.2%
Trp (W)	3	1.1%
Tyr (Y)	2	0.7%
Val (V)	20	7.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 50**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 34**

**Atomic composition:**

Carbon	C	1294
Hydrogen	H	2035
Nitrogen	N	345
Oxygen	O	415
Sulfur	S	10

**Formula:** C<sub>1294</sub>H<sub>2035</sub>N<sub>345</sub>O<sub>415</sub>S<sub>10</sub>

**Total number of atoms: 4099**

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 19605

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.667, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 19480

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.663, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 27.69

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 72.80

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.506

### hypothetical protein – 16

```
      10      20      30      40      50      60
MKVESITIH Y QPHQTSLDGK EHL YFVEGQE RDLHYIFREG QHIVNFVGAG CNGTRTGISI
      70
PAEDVRQVTT ILKV
```

**Number of amino acids:** 74

**Molecular weight:** 8409.50

**Theoretical pI:** 6.16

#### Amino acid composition:

Ala (A)	2	2.7%
Arg (R)	4	5.4%
Asn (N)	2	2.7%
Asp (D)	3	4.1%
Cys (C)	1	1.4%
Gln (Q)	5	6.8%
Glu (E)	6	8.1%
Gly (G)	7	9.5%
His (H)	5	6.8%
Ile (I)	7	9.5%
Leu (L)	4	5.4%
Lys (K)	3	4.1%
Met (M)	1	1.4%
Phe (F)	3	4.1%
Pro (P)	2	2.7%
Ser (S)	3	4.1%
Thr (T)	6	8.1%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	3	4.1%
Val (V)	7	9.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 9

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 7

#### Atomic composition:

Carbon	C	373
Hydrogen	H	584
Nitrogen	N	106
Oxygen	O	112
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>373</sub>H<sub>584</sub>N<sub>106</sub>O<sub>112</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 1177

#### Extinction coefficients:

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 4470

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.532, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 4470

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.532, assuming all Cys residues are reduced

#### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 28.46  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 88.11

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.347

**hypothetical protein – 17**

10 20 30 40 50 60  
MFTIETISNR VVKAGKLEVV ESFIVVDADG NLVSGTKAYD TREEAQAKID SMGNFSLGLE  
70 80 90 100  
FAKAQFPTMS EKALIGKANV VAQYLDWVAA GKPVVSAAEAP VAEEAPE

**Number of amino acids:** 107

**Molecular weight:** 11407.97

**Theoretical pI:** 4.57

**Amino acid composition:**

Ala (A)	16	15.0%
Arg (R)	2	1.9%
Asn (N)	4	3.7%
Asp (D)	5	4.7%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	3	2.8%
Glu (E)	11	10.3%
Gly (G)	7	6.5%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	5	4.7%
Leu (L)	6	5.6%
Lys (K)	8	7.5%
Met (M)	3	2.8%
Phe (F)	5	4.7%
Pro (P)	4	3.7%
Ser (S)	7	6.5%
Thr (T)	5	4.7%
Trp (W)	1	0.9%
Tyr (Y)	2	1.9%
Val (V)	13	12.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 16

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 10

**Atomic composition:**

Carbon	C	509
Hydrogen	H	809
Nitrogen	N	129
Oxygen	O	161
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>509</sub>H<sub>809</sub>N<sub>129</sub>O<sub>161</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 1611

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.  
Ext. coefficient 8480  
Abs 0.1% (=1 g/l) 0.743

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).



**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 27.13

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 90.28

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.055

**hypothetical protein – 18**

10 20 30 40 50  
 MSTEIFNIAY SISLYVVRRI CKVVSAAEAPV AEEAPEEATA PVMTSEEEEF

**Number of amino acids:** 50

**Molecular weight:** 5538.25

**Theoretical pI:** 4.12

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	14.0%
Arg (R)	2	4.0%
Asn (N)	1	2.0%
Asp (D)	0	0.0%
Cys (C)	1	2.0%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	10	20.0%
Gly (G)	0	0.0%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	4	8.0%
Leu (L)	1	2.0%
Lys (K)	1	2.0%
Met (M)	2	4.0%
Phe (F)	2	4.0%
Pro (P)	3	6.0%
Ser (S)	5	10.0%
Thr (T)	3	6.0%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	2	4.0%
Val (V)	6	12.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 10

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 3

**Atomic composition:**

Carbon	C	244
Hydrogen	H	384
Nitrogen	N	58
Oxygen	O	82
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>244</sub>H<sub>384</sub>N<sub>58</sub>O<sub>82</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 771

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 2980

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.538, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 2980

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.538, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 103.45

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 87.80

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.132

**hypothetical protein – 19**

10 20 30 40 50 60  
MPTIEDRFKL EYGIHYSIQY KSAVICVKVF LDKELFKED IIVEEQPARF PRHVLQDILK  
70 80  
EWPKCQDLTL NLERQYQKTT I

**Number of amino acids:** 81

**Molecular weight:** 9808.40

**Theoretical pI:** 6.27

**Amino acid composition:**

Ala (A)	2	2.5%
Arg (R)	4	4.9%
Asn (N)	1	1.2%
Asp (D)	5	6.2%
Cys (C)	2	2.5%
Gln (Q)	6	7.4%
Glu (E)	8	9.9%
Gly (G)	1	1.2%
His (H)	3	3.7%
Ile (I)	8	9.9%
Leu (L)	8	9.9%
Lys (K)	8	9.9%
Met (M)	1	1.2%
Phe (F)	4	4.9%
Pro (P)	4	4.9%
Ser (S)	2	2.5%
Thr (T)	4	4.9%
Trp (W)	1	1.2%
Tyr (Y)	4	4.9%
Val (V)	5	6.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 13

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 12

**Atomic composition:**

Carbon	C	449
Hydrogen	H	703
Nitrogen	N	115
Oxygen	O	125
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>449</sub>H<sub>703</sub>N<sub>115</sub>O<sub>125</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 1395

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 11585

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.181, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 11460

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.168, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 47.81

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 97.41

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.457

**Exonuclease**

```
      10      20      30      40      50      60
MSRPNFEFGA TVSEDNNLIL WPTDGNKVAL VDGMLPYII GYTINEMMYV RALTRVKSGQ
      70      80      90     100     110     120
CESIKDTPEC KQACDRVNAL LNSWVYGAEC DSALIFLTQS DANFRLRLAF TQVYKGRKRS
      130     140     150     160     170     180
EKPPFFHEMR EHLLTVHGAK LAVGDEADDL MSIEQWKAHN EFLKECGGEF EVGSPEHKAF
      190     200     210     220     230     240
SNTVIVSADK DLMIVVGWHF NPSEGELKWV EPMGWLELRY RPNGQVKDLK GAGLKFFYAQ
      250     260     270     280     290     300
MIIGDNVDNY AGIKGRGAKF AFELLNCKT EKELYMKVLG AYKDKFGYGK VKLKNHRGTY
      310     320     330     340
RIGTAYDLML ECGRLAHMSR FSGDIWRADK SPIIWGDDSV WLPS
```

**Number of amino acids:** 344

**Molecular weight:** 39002.64

**Theoretical pI:** 6.27

**Amino acid composition:**

Ala (A)	24	7.0%
Arg (R)	16	4.7%
Asn (N)	17	4.9%
Asp (D)	22	6.4%
Cys (C)	7	2.0%
Gln (Q)	7	2.0%
Glu (E)	24	7.0%
Gly (G)	30	8.7%
His (H)	8	2.3%
Ile (I)	16	4.7%
Leu (L)	31	9.0%
Lys (K)	27	7.8%
Met (M)	12	3.5%
Phe (F)	17	4.9%
Pro (P)	12	3.5%
Ser (S)	18	5.2%
Thr (T)	13	3.8%
Trp (W)	9	2.6%
Tyr (Y)	13	3.8%
Val (V)	21	6.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 46

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 43

**Atomic composition:**

Carbon	C	1752
Hydrogen	H	2694
Nitrogen	N	468
Oxygen	O	505
Sulfur	S	19

**Formula:** C<sub>1752</sub>H<sub>2694</sub>N<sub>468</sub>O<sub>505</sub>S<sub>19</sub>

**Total number of atoms:** 5438

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 69245  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.775, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 68870  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.766, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 30.35

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 77.97

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.344

**Endonuclease**

```
      10      20      30      40      50      60
MATKLGKASEV ATYKEELMKA QKHKCPLCGG SLKAIAPINR VLDHDHQTFG CRAIVCRGCN
      70      80      90     100     110     120
GAEGKILNVI  SGYGKAGNNR YFQIQWLKLN LAYWEKHQTP QTDRIYHNHK TEAEKREARN
      130
KKARLAYARK KEVKGG
```

**Number of amino acids:** 136

**Molecular weight:** 15438.86

**Theoretical pI:** 9.82

**Amino acid composition:**

Ala (A)	15	11.0%
Arg (R)	9	6.6%
Asn (N)	8	5.9%
Asp (D)	3	2.2%
Cys (C)	5	3.7%
Gln (Q)	6	4.4%
Glu (E)	9	6.6%
Gly (G)	11	8.1%
His (H)	6	4.4%
Ile (I)	7	5.1%
Leu (L)	10	7.4%
Lys (K)	18	13.2%
Met (M)	2	1.5%
Phe (F)	2	1.5%
Pro (P)	3	2.2%
Ser (S)	3	2.2%
Thr (T)	6	4.4%
Trp (W)	2	1.5%
Tyr (Y)	6	4.4%
Val (V)	5	3.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 12

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 27

**Atomic composition:**

Carbon	C	678
Hydrogen	H	1095
Nitrogen	N	209
Oxygen	O	190
Sulfur	S	7

**Formula:** C<sub>678</sub>H<sub>1095</sub>N<sub>209</sub>O<sub>190</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 2179

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of  $M^{-1} \text{ cm}^{-1}$ , at 280 nm measured in water.  
 Ext. coefficient 20190  
 Abs 0.1% (=1 g/l) 1.308, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
 Ext. coefficient 19940  
 Abs 0.1% (=1 g/l) 1.292, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
 The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
   >20 hours (yeast, in vivo).  
   >10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 24.82  
 This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 70.44

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.786

**protein phosphatase 2a-like protein**

```

      10         20         30         40         50         60
MAKLRSLYKD SEVLSAIELA TDEKGNVNYN EMAKILSAKP VGKKITRQLA RYWHGQFKTT
      70         80         90        100        110        120
KKNGDYYSTL LPENKRIKEQ RSLRTPNRYE DLALELLPES DNRSILVIPD THAPYEHPDT
      130        140        150        160        170        180
FNFLSAVAAK YRPDCVVHLG DEADKHAMSF HDSDPNLDSA GVELEKARVF MRKLHSMFPV
      190        200        210        220        230        240
MRICHSNHGS LHFRKANAHG IPVQYLRTYR EVFFPNGGGGE RWEWKHSHTL ELPNGEQVTF
      250        260        270        280        290        300
KHQPAGAVLA DAAHERTNLV CGHLHGKMSI EYASNSHEQY WGAQGGCLID EDSLAFAYGK
      310        320        330
ESKYKPALGC MVILDGVPHI IPMQTNSDGM WTGVI

```

**Number of amino acids: 335**

**Molecular weight: 37885.97**

**Theoretical pI: 7.04**

**Amino acid composition:**

Ala (A)	27	8.1%
Arg (R)	17	5.1%
Asn (N)	16	4.8%
Asp (D)	18	5.4%
Cys (C)	5	1.5%
Gln (Q)	9	2.7%
Glu (E)	23	6.9%
Gly (G)	23	6.9%
His (H)	19	5.7%
Ile (I)	14	4.2%
Leu (L)	30	9.0%
Lys (K)	23	6.9%
Met (M)	10	3.0%
Phe (F)	11	3.3%
Pro (P)	17	5.1%
Ser (S)	22	6.6%
Thr (T)	14	4.2%
Trp (W)	5	1.5%
Tyr (Y)	14	4.2%
Val (V)	18	5.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 41  
Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 40

**Atomic composition:**

Carbon	C	1683
Hydrogen	H	2601
Nitrogen	N	477
Oxygen	O	493
Sulfur	S	15

**Formula:** C<sub>1683</sub>H<sub>2601</sub>N<sub>477</sub>O<sub>493</sub>S<sub>15</sub>

**Total number of atoms:** 5269

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 48610

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.283, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 48360

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.276, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.98

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 74.87

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.540

**hypothetical protein – 20**

10	20	30	40	50	60
MIQA <del>A</del> WEKEH	GWNQC <del>V</del> QAIK	EDRQT <del>D</del> VVKS	PSHYQ <del>F</del> FPDV	EAIEIIASSM	TQEGF <del>H</del> GYCM
70	80	90	100		
GNRLKYRLRA	GNKDKLEQDI	AKSDFYVELY	NKHKHLCKGA	K	

**Number of amino acids:** 101

**Molecular weight:** 11778.37

**Theoretical pI:** 7.74

**Amino acid composition:**

Ala (A)	8	7.9%
Arg (R)	4	4.0%
Asn (N)	4	4.0%
Asp (D)	6	5.9%
Cys (C)	3	3.0%
Gln (Q)	7	6.9%
Glu (E)	8	7.9%
Gly (G)	6	5.9%
His (H)	5	5.0%
Ile (I)	6	5.9%
Leu (L)	5	5.0%
Lys (K)	11	10.9%
Met (M)	3	3.0%
Phe (F)	4	4.0%
Pro (P)	2	2.0%
Ser (S)	5	5.0%
Thr (T)	2	2.0%
Trp (W)	2	2.0%
Tyr (Y)	5	5.0%
Val (V)	5	5.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%

(Z) 0 0.0%  
(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 14**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 15**

**Atomic composition:**

Carbon C 522  
Hydrogen H 803  
Nitrogen N 147  
Oxygen O 153  
Sulfur S 6

**Formula:** C<sub>522</sub>H<sub>803</sub>N<sub>147</sub>O<sub>153</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 1631

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 18575

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.577, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 18450

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.566, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 39.37

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 64.75

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.771

**DNA ligase**

10 20 30 40 50 60  
MNVFEFLGLP EDHRPKPVML VKHREEVPAS KLTFPVFAQV KRDFGIFSATV VRDGEVGFIFG  
70 80 90 100 110 120  
RTGLKLANVE HLEEQFKSFP AGVYLGELOQT LCLAHLEELS GVVNPNRKLE LDFHGKQIKD  
130 140 150 160 170 180  
ELYIDFFDML TIKAFIEGKT DTGFLKRHEA LTRRIGEIIK TQKSNILPYT TCWGEEGVVEE  
190 200 210 220 230 240  
FAQEQIDAGR EGAVFKVDCD YEAGHKGWRQ TKIVRSVTYD LLCIGYEEGK GKYYKGVANL  
250 260 270 280 290 300  
VFQWHKGTKV KAMLGKGWTH DDAELMFKCI QEGGELQPIG KIFTVKALQD SSKGNLRLPK  
310  
VGELRHDKEL PDV

**Number of amino acids:** 313

**Molecular weight:** 35409.77

**Theoretical pI:** 6.57

**Amino acid composition:**

Ala (A) 16 5.1%  
Arg (R) 14 4.5%  
Asn (N) 7 2.2%  
Asp (D) 17 5.4%  
Cys (C) 5 1.6%  
Gln (Q) 12 3.8%  
Glu (E) 30 9.6%  
Gly (G) 31 9.9%  
His (H) 10 3.2%  
Ile (I) 16 5.1%  
Leu (L) 31 9.9%  
Lys (K) 31 9.9%  
Met (M) 5 1.6%  
Phe (F) 18 5.8%

Pro (P)	11	3.5%
Ser (S)	8	2.6%
Thr (T)	16	5.1%
Trp (W)	4	1.3%
Tyr (Y)	7	2.2%
Val (V)	24	7.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 47**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 45**

**Atomic composition:**

Carbon	C	1600
Hydrogen	H	2515
Nitrogen	N	429
Oxygen	O	458
Sulfur	S	10

**Formula:** C<sub>1600</sub>H<sub>2515</sub>N<sub>429</sub>O<sub>458</sub>S<sub>10</sub>

**Total number of atoms:** 5012

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 32680

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.923, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 32430

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.916, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 33.77

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 85.91

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.369

**hypothetical protein – 21**

10	20	30	40	50	60
MANYNLSVRY	LQLKLCKIQA	KVTYVCRWA	SYVMIRSYQM	FDSMKATLAV	ETAEAI FEGL
70	80	90	100		
SCGIEPSPTL	LADAE EYGIN	VHAIRSKVEE	LYGSGEEETD	YQF	

**Number of amino acids:** 103

**Molecular weight:** 11748.42

**Theoretical pI:** 4.94

**Amino acid composition:**

Ala (A)	10	9.7%
Arg (R)	5	4.9%
Asn (N)	3	2.9%
Asp (D)	3	2.9%
Cys (C)	3	2.9%
Gln (Q)	4	3.9%
Glu (E)	11	10.7%
Gly (G)	5	4.9%
His (H)	1	1.0%
Ile (I)	6	5.8%
Leu (L)	9	8.7%
Lys (K)	5	4.9%
Met (M)	4	3.9%
Phe (F)	3	2.9%



Pro (P)	2	1.9%
Ser (S)	8	7.8%
Thr (T)	5	4.9%
Trp (W)	1	1.0%
Tyr (Y)	8	7.8%
Val (V)	7	6.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 14**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 10**

**Atomic composition:**

Carbon	C	523
Hydrogen	H	813
Nitrogen	N	133
Oxygen	O	160
Sulfur	S	7

**Formula:** C<sub>523</sub>H<sub>813</sub>N<sub>133</sub>O<sub>160</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 1636

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 17545

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.493, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 17420

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.483, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 52.36

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 86.21

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.126

**hypothetical protein – 22**

10	20	30	40	50	60
MGLNQALLYL	QMOKSTVSMY	MLFVLKWRNY	MAQEKKKPTI	NFEGYDLLEK	TILAASPAKQ
70	80				
GKTHDELVWD	ECKRYILSCI	KHNFLVQ			

**Number of amino acids:** 87

**Molecular weight:** 10275.13

**Theoretical pI:** 9.15

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	5.7%
Arg (R)	2	2.3%
Asn (N)	4	4.6%
Asp (D)	3	3.4%
Cys (C)	2	2.3%
Gln (Q)	6	6.9%
Glu (E)	5	5.7%
Gly (G)	3	3.4%
His (H)	2	2.3%
Ile (I)	4	4.6%
Leu (L)	12	13.8%
Lys (K)	10	11.5%

Met (M)	5	5.7%
Phe (F)	3	3.4%
Pro (P)	2	2.3%
Ser (S)	4	4.6%
Thr (T)	4	4.6%
Trp (W)	2	2.3%
Tyr (Y)	5	5.7%
Val (V)	4	4.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 8**  
**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 12**

**Atomic composition:**

Carbon	C	467
Hydrogen	H	737
Nitrogen	N	119
Oxygen	O	127
Sulfur	S	7

**Formula:** C<sub>467</sub>H<sub>737</sub>N<sub>119</sub>O<sub>127</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 1457

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 18575

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.808, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 18450

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.796, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 53.08

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 90.80

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.274

**N-acetyltransferase putative acetyltransferase**

10	20	30	40	50	60
MVRPATFIDI	PFLLNLSNRY	CEEEVKKIKY	HSANWNVDMC	ANAFCMSVND	DDTFLWLGVN
70	80	90	100	110	120
DGEIVGFLWA	TTHMMAPWNP	DKVASDYIFY	VVPEKRGTM	GHSLIKAYKS	WAESKGCLEV
130	140	150	160		
RLSIASGINE	ERIGKMYERL	GFEPFGSVYN	HKVRSNHGCS	KESI	

**Number of amino acids:** 164

**Molecular weight:** 18741.48

**Theoretical pI:** 6.20

**Amino acid composition:**

Ala (A)	10	6.1%
Arg (R)	7	4.3%
Asn (N)	11	6.7%
Asp (D)	8	4.9%
Cys (C)	5	3.0%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	12	7.3%
Gly (G)	11	6.7%
His (H)	5	3.0%

Ile (I)	11	6.7%
Leu (L)	10	6.1%
Lys (K)	11	6.7%
Met (M)	7	4.3%
Phe (F)	8	4.9%
Pro (P)	6	3.7%
Ser (S)	13	7.9%
Thr (T)	5	3.0%
Trp (W)	5	3.0%
Tyr (Y)	7	4.3%
Val (V)	12	7.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 20**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 18**

**Atomic composition:**

Carbon	C	841
Hydrogen	H	1280
Nitrogen	N	222
Oxygen	O	241
Sulfur	S	12

**Formula:** C<sub>841</sub>H<sub>1280</sub>N<sub>222</sub>O<sub>241</sub>S<sub>12</sub>

**Total number of atoms:** 2596

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 38180

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.037, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 37930

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.024, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 39.40

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 77.26

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.221

**head-tail connector**

10	20	30	40	50	60
MIPENGMTLA	GKSKSKIPKMW	EKFATKRGSF	LDRAKGYAKL	TLPYLLNDQG	DNTSSQNGWQ
70	80	90	100	110	120
GTGAQATNHL	ANKLAQVLFV	AQRSFFRVDL	TEKGEEALSK	GGVDKTKLAT	LFKAVETNAM
130	140	150	160	170	180
KSLEQRQFRS	SMVEAFKHLI	VAGNCLLFKP	EKGNICAVPM	NHYVVNRDTS	GNLLDIIMLQ
190	200	210	220	230	240
KKALRTFDPA	TRMAIEVGMK	GKKCKEDDEV	KLYTHATLKP	DGMWEVSQSA	DDIPIGKVS
250	260	270	280	290	300
VKEEKLPFIV	LTWKRSYGED	WGRPLAEDYS	GDLFVIQFLS	EAVARGAALM	ADIKYLIRPG
310	320	330	340	350	360
AQTDIEHFVQ	SGTGEVITGV	EEDIHIVTLG	KYADFTPISA	VLEVYTRRIG	VVFMMEALTR
370	380	390	400	410	420
RDAERVTAVE	IQRDALEIEQ	TMGGVYSLFA	KTMQTPIAMW	GLQDLGSNFT	TELIDPVIVT
430	440	450	460	470	480
GIEALGRMAE	LDKLANFAQY	VALPAQWPEQ	AQRAIDWPKY	MDWIRGQISA	ELPFLKDEET

490 500 510  
IKQEEAQLQE QMQEQQLNQG LADSIPNVVQ QGLQEA

**Number of amino acids:** 516

**Molecular weight:** 57724.24

**Theoretical pI:** 5.48

**Amino acid composition:**

Ala (A)	48	9.3%
Arg (R)	23	4.5%
Asn (N)	16	3.1%
Asp (D)	29	5.6%
Cys (C)	3	0.6%
Gln (Q)	33	6.4%
Glu (E)	40	7.8%
Gly (G)	37	7.2%
His (H)	6	1.2%
Ile (I)	30	5.8%
Leu (L)	48	9.3%
Lys (K)	37	7.2%
Met (M)	19	3.7%
Phe (F)	20	3.9%
Pro (P)	20	3.9%
Ser (S)	22	4.3%
Thr (T)	31	6.0%
Trp (W)	9	1.7%
Tyr (Y)	12	2.3%
Val (V)	33	6.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 69

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 60

**Atomic composition:**

Carbon	C	2573
Hydrogen	H	4086
Nitrogen	N	692
Oxygen	O	769
Sulfur	S	22

**Formula:** C<sub>2573</sub>H<sub>4086</sub>N<sub>692</sub>O<sub>769</sub>S<sub>22</sub>

**Total number of atoms:** 8142

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 67505

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.169, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 67380

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.167, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 35.52

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 86.80

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.286

**scaffolding protein**

10 20 30 40 50 60  
MAFEIVDTET TQDTSTTTEV DTQEVKDVNN NDSTDTGSTD DVQGTPEPEG DENSGGEDTG

70            80            90            100            110            120  
 GNGQDDKQEP QGAEDSTYYF GGNEVEIEIP QDVEESLKEK GIDAKELVAE LYSKDGDFSL  
 130            140            150            160            170            180  
 SDETKQKLYD AFGKFAVDAY LSGLKAQNEF FFMNEATKAK EMEQANSQRF NDIAKEVGGD  
 190            200            210            220            230            240  
 EGWTRLEEFV LSTLSDEELT AFNAVMDSGN QYLQMYAVRE LEARRKQAQG DDKVELVQGT  
 250            260            270            280            290  
 PASDEGDNSP LSAQEYIREV SQIGSKFLGD RKGAAEYQAK LDARRRAGMA RGL

**Number of amino acids:** 293

**Molecular weight:** 32159.62

**Theoretical pI:** 4.17

**Amino acid composition:**

Ala (A)	27	9.2%
Arg (R)	11	3.8%
Asn (N)	13	4.4%
Asp (D)	30	10.2%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	19	6.5%
Glu (E)	35	11.9%
Gly (G)	27	9.2%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	7	2.4%
Leu (L)	18	6.1%
Lys (K)	18	6.1%
Met (M)	7	2.4%
Phe (F)	11	3.8%
Pro (P)	6	2.0%
Ser (S)	19	6.5%
Thr (T)	20	6.8%
Trp (W)	1	0.3%
Tyr (Y)	9	3.1%
Val (V)	15	5.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 65

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 29

**Atomic composition:**

Carbon	C	1369
Hydrogen	H	2131
Nitrogen	N	377
Oxygen	O	504
Sulfur	S	7

**Formula:** C<sub>1369</sub>H<sub>2131</sub>N<sub>377</sub>O<sub>504</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 4388

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient      18910

Abs 0.1% (=1 g/l)    0.588

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 35.39

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 57.34

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.907

## major capsid protein

10 20 30 40 50 60  
MSTPNNLTNV AVSASGEVDS LLIEKFNGKV NEQYLKGENI MSYFDVQTVT GTNTVSNKYL  
70 80 90 100 110 120  
GETDLQVLAP GQSPAATSTQ ADKNQLVIDS TVIARNTVAH LHDVQGDIDS LKPKLAANQA  
130 140 150 160 170 180  
KQLKRMEDEM LIQQMILGGL SNTDVKRSKP RVKGGHGF SIN IEVSEGEALI NPQYVMAAVE  
190 200 210 220 230 240  
LALEKQLEQE VDISDVAILM PWAYFNCLRD ADRIVDKTYT ISQSGATIQQ FVLSSFNCPV  
250 260 270 280 290 300  
IPSNRFPKFK QDQSHHLLSN EDNGYRYDST ADMNGAVAVL FTADALLVGR SIDVTGDIFY  
310 320 330 340 350 360  
EKKEKTYIID TFMSEGAIPD RWEAVSVVTT KREVDGTASS QGGTNHTQVL NRAQRKAIYT  
370  
KTVGGAAASA

**Number of amino acids:** 370

**Molecular weight:** 40443.46

**Theoretical pI:** 5.18

### Amino acid composition:

Ala (A)	33	8.9%
Arg (R)	13	3.5%
Asn (N)	22	5.9%
Asp (D)	25	6.8%
Cys (C)	2	0.5%
Gln (Q)	21	5.7%
Glu (E)	20	5.4%
Gly (G)	24	6.5%
His (H)	6	1.6%
Ile (I)	21	5.7%
Leu (L)	28	7.6%
Lys (K)	22	5.9%
Met (M)	9	2.4%
Phe (F)	11	3.0%
Pro (P)	11	3.0%
Ser (S)	29	7.8%
Thr (T)	27	7.3%
Trp (W)	2	0.5%
Tyr (Y)	12	3.2%
Val (V)	32	8.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 45

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 35

### Atomic composition:

Carbon	C	1770
Hydrogen	H	2822
Nitrogen	N	488
Oxygen	O	572
Sulfur	S	11

**Formula:** C<sub>1770</sub>H<sub>2822</sub>N<sub>488</sub>O<sub>572</sub>S<sub>11</sub>

**Total number of atoms:** 5663

### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 29005

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.717, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 28880

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.714, assuming all Cys residues are reduced

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 33.81  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 85.65

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.299

**tail protein**

```
      10      20      30      40      50      60
MPISFSDSDVS AIMSTAEFQI IDTKLEAVNL CMRAIGRDGV DSLDSGDLDA EDASKIIDIV
      70      80      90     100     110     120
SQRFQYKQGG GWWFNREPNW KLKPDNTGEV NLPNNCLAVY QCYGLNDMKV NMTQRAGKLY
      130     140     150     160     170     180
SLTGHTFDMR RYVNRDGFMS LTLVLLPYE HLPPTVMQAI AYQSAVEFIT SKDADKTKLQ
      190     200     210     220     230     240
VHQTTIAQQLL LDVQSEQSAQ RRHNMLVHNP TQRMFGIMAG GSNNVPAFSY NPYDNYPPRP
WR
```

**Number of amino acids:** 242

**Molecular weight:** 27466.13

**Theoretical pI:** 5.94

**Amino acid composition:**

Ala (A)	16	6.6%
Arg (R)	13	5.4%
Asn (N)	16	6.6%
Asp (D)	18	7.4%
Cys (C)	3	1.2%
Gln (Q)	16	6.6%
Glu (E)	8	3.3%
Gly (G)	14	5.8%
His (H)	5	2.1%
Ile (I)	12	5.0%
Leu (L)	20	8.3%
Lys (K)	10	4.1%
Met (M)	11	4.5%
Phe (F)	9	3.7%
Pro (P)	12	5.0%
Ser (S)	16	6.6%
Thr (T)	13	5.4%
Trp (W)	4	1.7%
Tyr (Y)	10	4.1%
Val (V)	16	6.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 26

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 23

**Atomic composition:**

Carbon	C	1211
Hydrogen	H	1881
Nitrogen	N	337
Oxygen	O	366
Sulfur	S	14

**Formula:** C<sub>1211</sub>H<sub>1881</sub>N<sub>337</sub>O<sub>366</sub>S<sub>14</sub>

**Total number of atoms:** 3809

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.  
Ext. coefficient 37025

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.348, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 36900  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.343, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 36.77  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 77.36

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.414

**tail protein - 2**

10	20	30	40	50	60
MFLLSLTLT	TIIHLDLGN	MEVQGSLSGR	IQGITQQPPA	VRLEGQCTDM	VNMVPDVVDG
70	80	90	100	110	120
TKTRMGSKHI	AKLMESGTDD	MATHHYRRGD	GDEEYFFIMK	KGAIPRIFDK	KGRECMVQSQ
130	140	150	160	170	180
DAPMTYFAEV	VNPREDVQFM	TIADVTFVLN	RRKVVKARDE	KSPKVGATSL	VYCAFGQYGT
190	200	210	220	230	240
KYEIIINGEV	AASYTTQDGA	EAYHVSSIRT	ENIAEQLFNS	LQQWDKVSQY	VVNRDGTVII
250	260	270	280	290	300
ITKKDGDNTY	TITTS DGAKG	KDLVAIKYKV	ASTDLLPSRA	PEGYKVQVWP	TGSKPESRYW
310	320	330	340	350	360
LEAEKQEGNL	VSWKETIGAD	VTLGFDKGT	PYIIERIGFN	EGIAQFKIRQ	GDWEDRSVGD
370	380	390	400	410	420
DLTNPMPSEFI	DEEVPTLGG	MFVQNRFV	TAGEAVISTR	TSRFFDFRF	TVVSSIDTDP
430	440	450	460	470	480
FDAFSDASEV	YQLKHAVTLD	GDTVLFSDKS	QFTMAGDKPL	TKSNVMLRPV	TTFEVDNRVK
490	500	510	520	530	540
PVVTGDSVMF	ATSEGAYSGI	REFYTDSYSD	TKKAQPITSH	VNKLLQGNIT	HMIASTNINR
550	560	570	580	590	600
VFVITDKDKN	VVYAYDWLWQ	GTEKVQSAWH	RWFVPDNTKV	RALFYSSEIL	YALMERGDTG
610	620	630	640	650	660
LFLEAFDLGD	ALPEGLQDRV	RLDRQVKVDF	KYDHANDVWE	SSPLPYDVDN	ATMLECVLLQ
670	680	690	700	710	720
GHEGYVGGSF	LFTYEPETRR	LYTKFDMNDE	NAMSVAYVGY	VYSVEIEPTP	VVIKDNQERV
730	740	750	760	770	780
SYIDVPTVGL	VHLNLDLYPD	FKVSIKNIRS	GKVRYALASN	RRGGARNNVV	GYVKPSDGVF
790	800	810	820		
KFPVRAKSID	VVYRIIAKAP	HTLQLRDIEW	EGTYNPSKRR	V	

**Number of amino acids:** 821

**Molecular weight:** 92576.79

**Theoretical pI:** 5.48

**Amino acid composition:**

Ala (A)	48	5.8%
Arg (R)	45	5.5%
Asn (N)	32	3.9%
Asp (D)	64	7.8%
Cys (C)	5	0.6%
Gln (Q)	32	3.9%
Glu (E)	46	5.6%
Gly (G)	58	7.1%
His (H)	13	1.6%
Ile (I)	44	5.4%
Leu (L)	51	6.2%
Lys (K)	49	6.0%
Met (M)	23	2.8%
Phe (F)	39	4.8%



Pro (P)	33	4.0%
Ser (S)	51	6.2%
Thr (T)	61	7.4%
Trp (W)	11	1.3%
Tyr (Y)	36	4.4%
Val (V)	80	9.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 110**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 94**

**Atomic composition:**

Carbon	C	4134
Hydrogen	H	6420
Nitrogen	N	1106
Oxygen	O	1254
Sulfur	S	28

**Formula:** C<sub>4134</sub>H<sub>6420</sub>N<sub>1106</sub>O<sub>1254</sub>S<sub>28</sub>

**Total number of atoms:** 12942

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 114390

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.236, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 114140

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.233, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 35.68

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.23

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.342

**internal virion protein**

10	20	30	40	50	60
MAIVGATTAA	LGSSGAMSSA	MSWLGGSTAG	FSNSGLLAMG	GSLLGGLTSF	LDGGTEAEAL
70	80	90	100	110	120
AEAQREQWKQ	QMINTREQYR	QLADMERVAN	KDHHEQIMQN	QISLLQQQGQ	VELLAGASGT
130	140	150	160	170	180
GGASISSMLG	DLAQQAGRNO	AQLIDNYERT	QQGFINQAKA	IQTGGQMTMQ	QFNKPSAFSS
190	200	210	220		
LVSGLGSAAT	SYLQFADIGK	NLSKSYFESR	PARSTIGMLK	GGKLG	

**Number of amino acids:** 225

**Molecular weight:** 23623.53

**Theoretical pI:** 7.97

**Amino acid composition:**

Ala (A)	27	12.0%
Arg (R)	8	3.6%
Asn (N)	9	4.0%
Asp (D)	6	2.7%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	24	10.7%
Glu (E)	10	4.4%
Gly (G)	30	13.3%
His (H)	2	0.9%

Ile (I)	10	4.4%
Leu (L)	23	10.2%
Lys (K)	9	4.0%
Met (M)	11	4.9%
Phe (F)	7	3.1%
Pro (P)	2	0.9%
Ser (S)	25	11.1%
Thr (T)	12	5.3%
Trp (W)	2	0.9%
Tyr (Y)	4	1.8%
Val (V)	4	1.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 16**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 17**

**Atomic composition:**

Carbon	C	1012
Hydrogen	H	1631
Nitrogen	N	297
Oxygen	O	332
Sulfur	S	11

**Formula:** C<sub>1012</sub>H<sub>1631</sub>N<sub>297</sub>O<sub>332</sub>S<sub>11</sub>

**Total number of atoms:** 3283

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 16960

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.718

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.55

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 74.36

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.272

**lysozyme domain-containing protein**

10	20	30	40	50	60
MAIERSEVQG	LQPVQPTGVT	RGSATSTIQV	GTPRLDRSKS	SFVTDLLSAA	GAFKAVGTDI
70	80	90	100	110	120
MNQAVEDDKV	RQYDRAMQGL	LPSDDATRGG	TRAHMLVQLQ	NDVVSQTTYL	SDEAKRFQGT
130	140	150	160	170	180
DEEWEQLVVD	SRNGVQDKLW	KQYPELQGD	DTMKMVTNAF	MEQQPKIFSA	RASAKLQREA
190	200	210	220	230	240
QERTDAMRSR	IIMVTEGLSG	KPLDAALHQL	QREAITMQLT	KPEYEELVAQ	IAMERASIGD
250	260	270	280	290	300
GTLVDGTKSL	KDAQGVSLYE	RNGKLMTAEI	SANRTWAAQN	QVTLFQKKDS	AIKAYEAGEL
310	320	330	340	350	360
SKSEMLQIME	NHNRMSGGTA	WSDSEIKSLF	DKVAKQHADN	ANLQDLLARG	TGASPLGLQD
370	380	390	400	410	420
ISEKDRKTYA	EAIMGVYTKL	AEDEIARTGA	QGEEAEAIRG	RYEQMRMKL	GQQLIKDPNI
430	440	450	460	470	480
KARYDSLQM	SSANLADMKV	EPEALQTLMR	ARDSIPEDAR	RAVMGDEEYA	FVENYDFATR
490	500	510	520	530	540
IGMNTAQSI	FAQRASRSKN	LSGSVIKELS	EEVESVVDV	AGGSWLTGLD	NMSDVGRDIM
550	560	570	580	590	600

LDDAMNVARV MKVAGNNNT IKRHLESFLK TQYTQMAEGF FNQGVLVGRD IRGLGDTIDT  
61Q 62Q 63Q 64Q 65Q 66Q  
GNNTEDTARA LRLYMDKYKQ ELLDASGGLE EKDLFYDVDM KRGMFVIRGG SAQIPLTQAM  
67Q 68Q 69Q 70Q 71Q 72Q  
PLSYIKGQQL LQEDYNAKVK EREDAKKAFF EQQLSRFGYG AMARGDYLKA KAPTAQEVAR  
73Q 74Q 75Q 76Q 77Q 78Q  
MGISNFLVSD GFKEGASLPT NFEFGYKKN ADFINYVAKT ENGDNVGLDK VAGVFTPYKD  
79Q 80Q 81Q 82Q 83Q 84Q  
AHGHSVGYGH FITPQEKSN YIMIGDEKVP FEDGRSELTP ERAMRLLEQD LKKHIPTTSD  
85Q 86Q 87Q 88Q 89Q 90Q  
WKVPFDEMHP TVQRGIMDLT YNLGKGGISK SPRALASFKA GNFGDGFIE M LATSSTEGKR  
91Q 92Q 93Q 94Q 95Q 96Q  
SGLLARRAS AYNMAMGKDL PKITEVEVKE DGS MYVKFSR AFGKDDISAS NLNRIDKDGW  
97Q 98Q

LQVYSAKEGS LHSSTRVGKI KIN

**Number of amino acids:** 983

**Molecular weight:** 108925.74

**Theoretical pI:** 5.52

**Amino acid composition:**

Ala (A)	92	9.4%
Arg (R)	58	5.9%
Asn (N)	40	4.1%
Asp (D)	71	7.2%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	55	5.6%
Glu (E)	71	7.2%
Gly (G)	82	8.3%
His (H)	11	1.1%
Ile (I)	44	4.5%
Leu (L)	78	7.9%
Lys (K)	68	6.9%
Met (M)	43	4.4%
Phe (F)	31	3.2%
Pro (P)	25	2.5%
Ser (S)	69	7.0%
Thr (T)	54	5.5%
Trp (W)	7	0.7%
Tyr (Y)	30	3.1%
Val (V)	54	5.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 142

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 126

**Atomic composition:**

Carbon	C	4727
Hydrogen	H	7561
Nitrogen	N	1349
Oxygen	O	1516
Sulfur	S	43

**Formula:** C<sub>4727</sub>H<sub>7561</sub>N<sub>1349</sub>O<sub>1516</sub>S<sub>43</sub>

**Total number of atoms:** 15196

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 83200

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.764

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 33.82  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 73.69

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.556

## internal virion protein - 2

10	20	30	40	50	60
MAELDNQSWV	GASRRFLQPT	FSQVAEANRK	LEEQRANDKV	METALENEWA	IPAMERALNR
70	80	90	100	110	120
SQTEFEPDEG	YVVNQETKDE	LAKKYGFDVS	REILEGVQSE	AELQFKVANA	QADLERNQIL
130	140	150	160	170	180
ARNGLKGFGA	QMTAALFDPV	GWGVSIAGAP	VAGAIKLRV	GNIAKMATIA	GVENAACLEAI
190	200	210	220	230	240
INQGDYIRDV	DDIFMSAGFG	VVMGGTIGAV	SRLRAKGRAD	EGSFDASKAD	VDGLDVTIKG
250	260	270	280	290	300
ADEFDVSASK	AVREAMEYDA	YMAMRDVAPM	KAGDFDNTMS	VVRHIDNLKS	NTNVRMSGKE
310	320	330	340	350	360
KASLRSEIRN	LEQEVATMQG	RKVDELAEAS	AKVGAPRNKG	ERLDDLVQKR	ILARKYDEPI
370	380	390	400	410	420
ADMTARLEEL	KVKLARAENV	NKAKDELKRF	TSLTKEQQLK	ELGLDKPPRR	VDMTSAVQQA
430	440	450	460	470	480
LKEIRSKRAK	TPTEQHAEMK	AKEEAKVSD	VPKQRDDTLS	AARVKDSEIQ	GEQFDLSDKM
490	500	510	520	530	540
EDLMSELASE	AMHSNVKPVN	LAGLGSVSSV	ILNSKNPVFR	GLGLRLLENA	QGGSYQGKTA
550	560	570	580	590	600
SILSNLNANI	IRSAEKNRYN	DGFSMFIKDN	NLRAIDFLNP	AVTRDFNNOI	YTAIARGIPD
610	620	630	640	650	660
DTPRGVKMAA	EGLADKLKKA	LDIRKQAGEA	GFEDIKAAKD	YMPVIYDGIR	VTEAINKLGS
670	680	690	700	710	720
NEAVIALLSK	GYQTGKYGLG	KKAADALARV	QLLRASDSTL	SGRVAFDRVI	SQQQQAQLIE
730	740	750	760	770	780
DLKKAKVPDH	IIDNFIEGTE	LKEMAESISN	RAKASMGINT	QAEYNGMKVQ	DLLNTNVGEI
790	800	810	820	830	840
VENYTKEAAG	GAALASMGFP	TRQAVYNAID	AGERAGRNMV	GSDAKAIKQL	RAEADMLRDS
850	860	870	880	890	900
VRLIYGNTID	ADPNSGIVRG	TRRVRELTTL	LRLGQMGFAQ	LPELARAISK	MGLGTVLKSI
910	920	930	940	950	960
PATRFLRSRA	GREGGTAQ GK	LLEPELREME	ELIGYIGEDN	WLTGWNIRHD	EFGESADNLG
970	980	990	1000	1010	1020
RLSAIIDNGL	AMGSRVNLWL	SGFKAIQGGG	EKIVARSINK	RLKEHLSGER	VLPQKDLDEV
1030	1040	1050	1060	1070	1080
GLSADVMKRL	KRHFDDNPAY	TDYNGQQVRM	MNFDAMEPDL	REIVGVGVRR	MAGRLIQRHF
1090	1100	1110	1120	1130	1140
IGDEGIWMNK	WWGKALTQFK	SFSIVSIEKQ	LIHDLRGDKI	QAAQILAWST	LLAYASYATQ
1150	1160	1170	1180	1190	1200
MQMQAIGRSD	RDKFLKEKFD	ERNMAFGVFN	KMPQVAGFGL	GGDALATFGL	LPDSL MNAPS
1210	1220	1230	1240	1250	1260
RMGYRSQGF	DLVAGAGVIG	DAVDVSQAF	KYVSGDDDDVS	TRQLVDKVR	LVPLANTIGV
1270					

GQMTKASVDL LED

**Number of amino acids:** 1273

**Molecular weight:** 139866.97

**Theoretical pI:** 6.49

**Amino acid composition:**

Ala (A)	145	11.4%
Arg (R)	89	7.0%
Asn (N)	62	4.9%
Asp (D)	91	7.1%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	58	4.6%

Glu (E)	89	7.0%
Gly (G)	107	8.4%
His (H)	9	0.7%
Ile (I)	68	5.3%
Leu (L)	112	8.8%
Lys (K)	88	6.9%
Met (M)	46	3.6%
Phe (F)	40	3.1%
Pro (P)	31	2.4%
Ser (S)	75	5.9%
Thr (T)	46	3.6%
Trp (W)	10	0.8%
Tyr (Y)	25	2.0%
Val (V)	82	6.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 180**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 177**

**Atomic composition:**

Carbon	C	6091
Hydrogen	H	9880
Nitrogen	N	1776
Oxygen	O	1900
Sulfur	S	46

**Formula:** C<sub>6091</sub>H<sub>9880</sub>N<sub>1776</sub>O<sub>1900</sub>S<sub>46</sub>

**Total number of atoms:** 19693

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 92250

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.660

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.57

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 85.22

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.402

**tail protein – 3**

10	20	30	40	50	60
MSYTFTEHTA	NGTQVTFPFR	FSGSDKGYLR	TSDIIVERKE	DDWVAIQGWE	VTGTHQITFR
70	80	90	100	110	120
VPPTAGTMLR	IRRVDKEKN	YAEFDRNVML	DMKSLNGSFI	HLEISQELL	DGFYPDGYFV
130	140	150	160	170	180
KQNVDWGGNK	IINLGDGTD	KDGVNKGQLD	SVDNTQTAWN	QQQDILIDGL	RRAMTSGIAH
190	200	210	220	230	240
RTIPWVYTSQ	QGGELEIAPP	YIFDSVIVFI	NGVFQHELKG	AYVIQSNKII	LSEPLLKGDE
250	260	270	280	290	300
VYVLIGSRIA	SPDKSSWVYF	KIDAEEGQTK	VDVGTSFLSI	EVYLDGLYQP	DDAYVVEGSS
310					
FTFTEPLPAC	RVTGKCLKIA				

**Number of amino acids:** 319

**Molecular weight:** 35803.37

**Theoretical pI:** 4.87

**Amino acid composition:**

Ala (A)	14	4.4%
Arg (R)	13	4.1%
Asn (N)	12	3.8%
Asp (D)	25	7.8%
Cys (C)	1	0.3%
Gln (Q)	16	5.0%
Glu (E)	18	5.6%
Gly (G)	28	8.8%
His (H)	5	1.6%
Ile (I)	25	7.8%
Leu (L)	23	7.2%
Lys (K)	17	5.3%
Met (M)	5	1.6%
Phe (F)	16	5.0%
Pro (P)	13	4.1%
Ser (S)	21	6.6%
Thr (T)	22	6.9%
Trp (W)	6	1.9%
Tyr (Y)	13	4.1%
Val (V)	26	8.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 43****Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 30****Atomic composition:**

Carbon	C	1615
Hydrogen	H	2485
Nitrogen	N	419
Oxygen	O	490
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>1615</sub>H<sub>2485</sub>N<sub>419</sub>O<sub>490</sub>S<sub>6</sub>**Total number of atoms:** 5015**Extinction coefficients:**Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 52370

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.463, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 52370

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.463, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

&gt;20 hours (yeast, in vivo).

&gt;10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 32.58

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 86.71**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.266**small terminase subunit**

10	20	30	40	50	60
MGTSLSVSVGI	TGYLLQRLF	PCCRLEIGYI	QSIYSYGRDM	SINNRHAASE	DDVGILHSAI
70	80	90	100	110	120
TKLFNTKAKA	ILDAIEEDPD	AAIALVSGKD	MGAMCKWVLD	NGITATPAVQ	QEESKLSKRL
130	140				
AQIKAASQGK	VINFTDVKEA				

**Number of amino acids:** 140

**Molecular weight:** 15141.46

**Theoretical pI:** 6.72

**Amino acid composition:**

Ala (A)	16	11.4%
Arg (R)	6	4.3%
Asn (N)	5	3.6%
Asp (D)	9	6.4%
Cys (C)	3	2.1%
Gln (Q)	6	4.3%
Glu (E)	7	5.0%
Gly (G)	10	7.1%
His (H)	2	1.4%
Ile (I)	14	10.0%
Leu (L)	12	8.6%
Lys (K)	10	7.1%
Met (M)	4	2.9%
Phe (F)	3	2.1%
Pro (P)	3	2.1%
Ser (S)	11	7.9%
Thr (T)	7	5.0%
Trp (W)	1	0.7%
Tyr (Y)	3	2.1%
Val (V)	8	5.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 16

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 16

**Atomic composition:**

Carbon	C	663
Hydrogen	H	1088
Nitrogen	N	184
Oxygen	O	205
Sulfur	S	7

**Formula:** C<sub>663</sub>H<sub>1088</sub>N<sub>184</sub>O<sub>205</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 2147

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 10095

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.667, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 9970

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.658, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.10

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 100.43

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.002

**large terminase subunit**

10	20	30	40	50	60
MARARESQAE	ALARWEALHE	LQQTFFPYTIA	GLLSFAQVVI	NTLITGNPDL	NRVQADILKF
70	80	90	100	110	120
LFSGNKYRMV	EAQRGQAKTT	IAAIYAVFRI	IHEPHKRIMI	VSQTAKRAEE	IAGWVIKIFR
130	140	150	160	170	180

GLDFLEFMLP DIYAGDKASI KGFEIHYTLR GSDKSPSVAC YSIESGMQGA RADIILADDV  
190 200 210 220 230 240  
ESLQNSRTAA GRALLEDLTK EFESINQFGD IIYLGTPQSV NSIYNNLPAR GYQIRIWPGR  
250 260 270 280 290 300  
YPTLEQEACY GDFLAPMIKQ DMTEDPSLRH GYGIDGTQGA PTCPEMYDDE KLIEKEISQG  
310 320 330 340 350 360  
TAKFQLQFML NTRLLDADRY PLKLNQLIMM SFGTEQLPEM PVWSNDSINL IGDAPRFGNK  
370 380 390 400 410 420  
PSDFLYRAVQ RPYEWRSVQR KIMYIDPAGG GKNGDETGVA IVFLLGTFIY VYKVFGVQGG  
430 440 450 460 470 480  
YGSEPLSRIV REAKNAGVRE VFIEKNMGHG AYDAVIKPYF EREWVPTIGE DYAHGQKEVR  
490 500 510 520 530 540  
IIDTLEPLIS AHRIIFNTEM IKQDIDSVQH YPLETRMSYS LFAQMSNITM EKGCLRHDDR  
550 560 570 580 590 600  
LDALYGAVRQ LTSQIDYDEV NRINRLRMQE MRDYLEMMHD PARRREFFTG QDHGYRRSTN  
610 620 630  
CSVAMQKRVY GQGTYSRTKS RNVISSRISR LY

**Number of amino acids:** 632

**Molecular weight:** 72173.27

**Theoretical pI:** 6.50

**Amino acid composition:**

Ala (A)	47	7.4%
Arg (R)	49	7.8%
Asn (N)	23	3.6%
Asp (D)	37	5.9%
Cys (C)	5	0.8%
Gln (Q)	34	5.4%
Glu (E)	42	6.6%
Gly (G)	46	7.3%
His (H)	12	1.9%
Ile (I)	52	8.2%
Leu (L)	48	7.6%
Lys (K)	27	4.3%
Met (M)	23	3.6%
Phe (F)	26	4.1%
Pro (P)	26	4.1%
Ser (S)	37	5.9%
Thr (T)	30	4.7%
Trp (W)	6	0.9%
Tyr (Y)	32	5.1%
Val (V)	30	4.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 79

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 76

**Atomic composition:**

Carbon	C	3210
Hydrogen	H	5021
Nitrogen	N	893
Oxygen	O	947
Sulfur	S	28

**Formula:** C<sub>3210</sub>H<sub>5021</sub>N<sub>893</sub>O<sub>947</sub>S<sub>28</sub>

**Total number of atoms:** 10099

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 80930

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.121, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 80680

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.118, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).



The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 42.76  
This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 82.91

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.383

**hypothetical protein – 23**

10 20 30 40 50 60  
MSNDYGNKGF TNKHPRSMKQ PKSSHLAVPV VVKADVEKKA SVINDATKSG KQNGAFLISN  
70 80 90  
KELELRVQVA VGSKPEDKWS TLKQASEITP A

**Number of amino acids:** 91

**Molecular weight:** 9892.29

**Theoretical pI:** 9.74

**Amino acid composition:**

Ala (A)	8	8.8%
Arg (R)	2	2.2%
Asn (N)	6	6.6%
Asp (D)	4	4.4%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	4	4.4%
Glu (E)	5	5.5%
Gly (G)	5	5.5%
His (H)	2	2.2%
Ile (I)	3	3.3%
Leu (L)	5	5.5%
Lys (K)	13	14.3%
Met (M)	2	2.2%
Phe (F)	2	2.2%
Pro (P)	5	5.5%
Ser (S)	10	11.0%
Thr (T)	4	4.4%
Trp (W)	1	1.1%
Tyr (Y)	1	1.1%
Val (V)	9	9.9%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 9

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 15

**Atomic composition:**

Carbon	C	433
Hydrogen	H	711
Nitrogen	N	125
Oxygen	O	135
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>433</sub>H<sub>711</sub>N<sub>125</sub>O<sub>135</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 1406

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 6990

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.707

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 41.30

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 71.76

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.676

**hypothetical protein – 24**

10 20 30 40 50 60  
MAYADSVTGQ AFRVKAVPTT ATALVVPVVE KEELTKKDS LNQYHLSGKQ LGAMVGFMEG

70 80  
EELTIAIAKG NLPEDGWSIL ATDIAVVPA

**Number of amino acids:** 89

**Molecular weight:** 9418.80

**Theoretical pI:** 4.61

**Amino acid composition:**

Ala (A)	12	13.5%
Arg (R)	1	1.1%
Asn (N)	2	2.2%
Asp (D)	5	5.6%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	3	3.4%
Glu (E)	7	7.9%
Gly (G)	7	7.9%
His (H)	1	1.1%
Ile (I)	4	4.5%
Leu (L)	8	9.0%
Lys (K)	6	6.7%
Met (M)	3	3.4%
Phe (F)	2	2.2%
Pro (P)	4	4.5%
Ser (S)	4	4.5%
Thr (T)	7	7.9%
Trp (W)	1	1.1%
Tyr (Y)	2	2.2%
Val (V)	10	11.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 12

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 7

**Atomic composition:**

Carbon	C	420
Hydrogen	H	676
Nitrogen	N	106
Oxygen	O	132
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>420</sub>H<sub>676</sub>N<sub>106</sub>O<sub>132</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 1337

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 8480

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.900

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 39.79  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 98.65

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.134

### putative M15 family peptidase

```
      10      20      30      40      50      60
MLNNYFKRRE FACKCGCGTS TVDYELLQVI TDVREHFGKP IIIITSGHRCF KHNANVGGAR
      70      80      90     100     110
NSMHLTGKAA DIKVQGVDPV DVADYLETKY PDKYGIGRYA GRFTHIDVRG YKARWRG
```

**Number of amino acids:** 117

**Molecular weight:** 13215.06

**Theoretical pI:** 9.39

#### Amino acid composition:

Ala (A)	9	7.7%
Arg (R)	10	8.5%
Asn (N)	5	4.3%
Asp (D)	8	6.8%
Cys (C)	4	3.4%
Gln (Q)	2	1.7%
Glu (E)	4	3.4%
Gly (G)	13	11.1%
His (H)	5	4.3%
Ile (I)	7	6.0%
Leu (L)	5	4.3%
Lys (K)	9	7.7%
Met (M)	2	1.7%
Phe (F)	5	4.3%
Pro (P)	3	2.6%
Ser (S)	3	2.6%
Thr (T)	7	6.0%
Trp (W)	1	0.9%
Tyr (Y)	7	6.0%
Val (V)	8	6.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 12

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 19

#### Atomic composition:

Carbon	C	584
Hydrogen	H	908
Nitrogen	N	174
Oxygen	O	166
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>584</sub>H<sub>908</sub>N<sub>174</sub>O<sub>166</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 1838

#### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 16180

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.224, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 15930

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.205, assuming all Cys residues are reduced

#### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 24.32  
This classifies the protein as stable.  
**Aliphatic index:** 67.52  
**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.528

### putative membrane protein

10 20 30 40 50 60  
MTRQVKRVTS RSGVTTTKWH KSGKGEYMKK IFKNKKVVGVA TVALILAILG TALGMEIGGE  
70  
QAVTEIICEV ITCA

**Number of amino acids:** 74

**Molecular weight:** 7981.53

**Theoretical pI:** 9.86

#### Amino acid composition:

Ala (A)	6	8.1%
Arg (R)	3	4.1%
Asn (N)	1	1.4%
Asp (D)	0	0.0%
Cys (C)	2	2.7%
Gln (Q)	2	2.7%
Glu (E)	5	6.8%
Gly (G)	8	10.8%
His (H)	1	1.4%
Ile (I)	7	9.5%
Leu (L)	4	5.4%
Lys (K)	9	12.2%
Met (M)	3	4.1%
Phe (F)	1	1.4%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	3	4.1%
Thr (T)	9	12.2%
Trp (W)	1	1.4%
Tyr (Y)	1	1.4%
Val (V)	8	10.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 5

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 12

#### Atomic composition:

Carbon	C	352
Hydrogen	H	600
Nitrogen	N	98
Oxygen	O	101
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>352</sub>H<sub>600</sub>N<sub>98</sub>O<sub>101</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 1156

#### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 7115

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.891, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 6990

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.876, assuming all Cys residues are reduced

#### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 40.90

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 97.43

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.145

**membrane protein**

10 20 30 40 50 60  
 MHKLLLLILAG LIDLLKSYKI KKEQENAQTQ ADIINDNPAG WFSTHFGVSK PSDTEQTNAS  
 ETNTE

**Number of amino acids:** 65

**Molecular weight:** 7245.10

**Theoretical pI:** 5.11

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	7.7%
Arg (R)	0	0.0%
Asn (N)	5	7.7%
Asp (D)	4	6.2%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	4	6.2%
Glu (E)	5	7.7%
Gly (G)	3	4.6%
His (H)	2	3.1%
Ile (I)	5	7.7%
Leu (L)	7	10.8%
Lys (K)	6	9.2%
Met (M)	1	1.5%
Phe (F)	2	3.1%
Pro (P)	2	3.1%
Ser (S)	5	7.7%
Thr (T)	6	9.2%
Trp (W)	1	1.5%
Tyr (Y)	1	1.5%
Val (V)	1	1.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 9

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 6

**Atomic composition:**

Carbon	C	319
Hydrogen	H	507
Nitrogen	N	85
Oxygen	O	105
Sulfur	S	1

**Formula:** C<sub>319</sub>H<sub>507</sub>N<sub>85</sub>O<sub>105</sub>S<sub>1</sub>

**Total number of atoms:** 1017

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 6990

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.965

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.74

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 84.15

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.582

### hypothetical protein – 25

```

      10      20      30      40      50      60
MAYLFRDHYR RDKIVGGFLT ALLFANIHRE CWVIIGGIMS LTKPTTDKIK HGFTILSEVI
      70      80      90     100     110     120
ESIFKKLMGI PSVTNVVDFG ADPTGVVSSK VAIDKAITSA GIGGVVYFPK GIYVTQGNHN
      130     140     150     160     170     180
LLQGQTLKGY GVTFKSDLSI TADSLFNIEQ DNISILGNII IDGGMYEIGD RYPDIITGIR
      190     200     210     220     230     240
VGSTHQVTNF TCDKVTFIGS VYGLWITSLR DSVISNCYAF RCGNGFGLAS NTTGILDING
      250     260     270     280     290     300
VYNVKFSKCV AEECGYTFLG TDQSPTTSAK CGFKITDIAI RNLVYEDCVA RRNYTHGFNY
      310     320     330     340     350     360
HGHNYSVDPD GFIQEGIHVI RCISDDNIP EQYTKESDGN GLSSGFYIGI VGVVPHNITL
      370     380     390     400     410     420
QDCYASGNNG EALYQASLDS TQPLIGLSIS NFCVKGSPRV KTKGIRSNNS IVKLDRVRDL
      430     440     450     460     470     480
NINGIPLRNV QGLYDYVIYC TKLSGTLSVK GNWDVGAPKL MYANAVNNTK TVIRDITHSY
      490     500     510     520     530     540
TSSLNTASVI AIELVDFSEI IVDNITLSNK STTKMSHGIF QRSSSFSGITS CKINNTNIFG
      550     560     570     580     590     600
GTGQFTVGVVE TTTVGGSKLF QGCTLQNCTN GFAGNNGENA IFIGNHFVTG TVITPLLSFA
      610
PSVIKRGNFG LEDS
```

**Number of amino acids:** 614

**Molecular weight:** 66538.49

**Theoretical pI:** 7.51

#### Amino acid composition:

Ala (A)	25	4.1%
Arg (R)	20	3.3%
Asn (N)	46	7.5%
Asp (D)	32	5.2%
Cys (C)	15	2.4%
Gln (Q)	16	2.6%
Glu (E)	17	2.8%
Gly (G)	67	10.9%
His (H)	13	2.1%
Ile (I)	63	10.3%
Leu (L)	40	6.5%
Lys (K)	30	4.9%
Met (M)	6	1.0%
Phe (F)	31	5.0%
Pro (P)	15	2.4%
Ser (S)	52	8.5%
Thr (T)	52	8.5%
Trp (W)	3	0.5%
Tyr (Y)	25	4.1%
Val (V)	46	7.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 49

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 50

#### Atomic composition:

Carbon	C	2963
Hydrogen	H	4641

Nitrogen N 795  
Oxygen O 904  
Sulfur S 21

**Formula:** C<sub>2963</sub>H<sub>4641</sub>N<sub>795</sub>O<sub>904</sub>S<sub>21</sub>

**Total number of atoms:** 9324

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 54625

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.821, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 53750

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.808, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 32.64

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 91.22

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.014

### hypothetical protein – 26

10 20 30 40 50 60  
MLQRLGSSLV KHTGKHLST LDKILTALNP NNSKIDYLN IVNVNQSPRD NSIAIQEKES  
70 80 90 100 110 120  
NSVRFVWTWNL WTEYSTKTWF GDDRQSPDKT MQLQKQFLDV RGDYFGFQEA YMNPAITWGY  
130 140 150 160 170 180  
LTVNPLKYQF FGMTDDAKLG DYIGNMTLTK FKPTESKAVI YSDTQPTSLD VWKRGYIREK  
190 200 210 220 230 240  
LPNGIVVYNT HLSTDPART TMLAELLAEI KENGGDKVVL LGDFNVRDAS ALSEFEDYGF  
250 260 270 280 290  
TIVNKSVMGG EIDRILVRGL NITGYGMVEI LGGKGSLSHSD HNMFYVDVEV

**Number of amino acids:** 290

**Molecular weight:** 32842.17

**Theoretical pI:** 5.60

**Amino acid composition:**

Ala (A)	11	3.8%
Arg (R)	11	3.8%
Asn (N)	19	6.6%
Asp (D)	21	7.2%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	10	3.4%
Glu (E)	14	4.8%
Gly (G)	23	7.9%
His (H)	5	1.7%
Ile (I)	16	5.5%
Leu (L)	28	9.7%
Lys (K)	19	6.6%
Met (M)	8	2.8%
Phe (F)	13	4.5%
Pro (P)	9	3.1%
Ser (S)	19	6.6%
Thr (T)	24	8.3%
Trp (W)	6	2.1%
Tyr (Y)	13	4.5%
Val (V)	21	7.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%

(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 35  
**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 30

**Atomic composition:**

Carbon	C	1476
Hydrogen	H	2283
Nitrogen	N	387
Oxygen	O	446
Sulfur	S	8

**Formula:** C<sub>1476</sub>H<sub>2283</sub>N<sub>387</sub>O<sub>446</sub>S<sub>8</sub>  
**Total number of atoms:** 4600

**Extinction coefficients:**  
Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.  
Ext. coefficient 52370  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.595

**Estimated half-life:**  
The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**  
The instability index (II) is computed to be 23.11  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 83.97  
**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.357

### hypothetical protein – 27

10	20	30	40	50	60
MFFNNTLLDT	QNEDEVGLQLL	RIEAIARQGL	ALRGMKTYTT	WSSLGLSDNP	TALELFNAMP
70	80	90	100	110	120
KYSMFTINIE	RTNTNLGLKP	FDTPSSIYAP	GILVCTKADR	RLELLAHTEH	YSCTRTRYLSN
130	140	150	160	170	180
GVNDTGWGRL	QANWSSIPVP	EDLTSLDQIK	CDGVFFIPHT	ISGNIQDHPY	GGDQILERTS
190	200	210			
NHFGGTQHYW	MIKGAAATNV	LYYKSPLATT	WKAL		

**Number of amino acids:** 214

**Molecular weight:** 23953.14

**Theoretical pI:** 6.28

**Amino acid composition:**

Ala (A)	14	6.5%
Arg (R)	9	4.2%
Asn (N)	14	6.5%
Asp (D)	11	5.1%
Cys (C)	3	1.4%
Gln (Q)	8	3.7%
Glu (E)	8	3.7%
Gly (G)	16	7.5%
His (H)	6	2.8%
Ile (I)	13	6.1%
Leu (L)	25	11.7%
Lys (K)	8	3.7%
Met (M)	5	2.3%
Phe (F)	8	3.7%
Pro (P)	10	4.7%
Ser (S)	14	6.5%
Thr (T)	22	10.3%
Trp (W)	5	2.3%
Tyr (Y)	9	4.2%
Val (V)	6	2.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%



(B) 0 0.0%  
(Z) 0 0.0%  
(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 19**  
**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 17**

**Atomic composition:**

Carbon	C	1072
Hydrogen	H	1654
Nitrogen	N	288
Oxygen	O	320
Sulfur	S	8

**Formula:** C<sub>1072</sub>H<sub>1654</sub>N<sub>288</sub>O<sub>320</sub>S<sub>8</sub>  
**Total number of atoms:** 3342

**Extinction coefficients:**  
Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.  
Ext. coefficient 41035  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.713, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 40910  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.708, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**  
The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**  
The instability index (II) is computed to be 40.77  
This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 83.93

**Grand average of hydropathici**

При анализе протеома бактериофага Proteus (Pr 4 - УГСХА) в приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 55 белков с молекулярными массами от 3,4 до 140 кДа. Качественный протеомный состав Proteus phage Pr 4 - УГСХА представлен в таблицах 74-129 и рисунок 56-216.

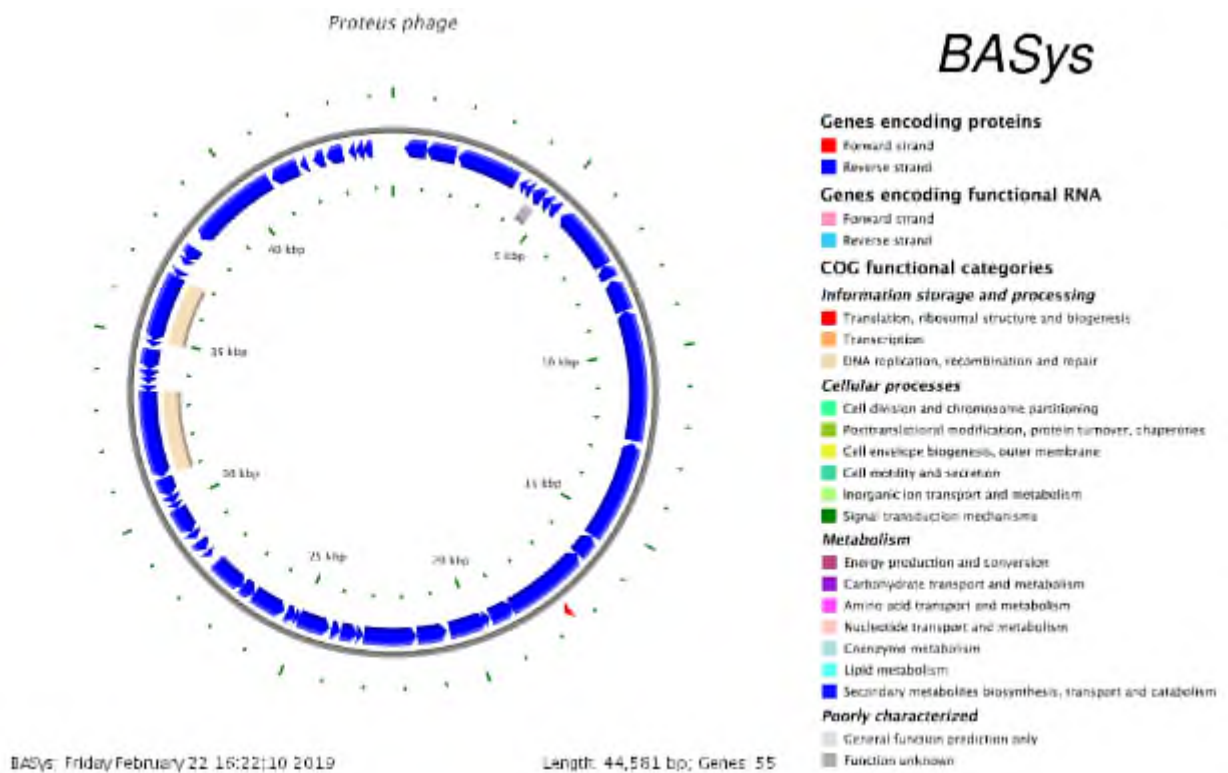


Рисунок 56 - Карта линейной ДНК бактериофага *Proteus phage* (Pr 4 - УГСХА) с расшифровкой кодирующих областей генома (по данным приложения BASys version 1.0.)

Таблица 74 - Локализация белков в геноме *Proteus phage* (Pr 4 - УГСХА) (по данным приложения BASys version 1.0.)

Protein Function	Start	End	Size, bp	Strand
Hypothetical Protein BASYS00001	975	331	644	-
Hypothetical Protein BASYS00002	1847	975	872	-
Hypothetical Protein BASYS00003	3750	1906	1844	-
Hypothetical Protein BASYS00004	4061	3864	197	-
Hypothetical Protein BASYS00005	4278	4054	224	-
Peptidase	4658	4305	353	-
Hypothetical Protein BASYS00007	4937	4668	269	-
Hypothetical Protein BASYS00008	5224	4949	275	-
Phage-Related DNA Maturase	7289	5391	1898	-

Hypothetical Protein BASYS00010	7711	7289	422	-
Hypothetical Protein BASYS00011	8741	7779	962	-
Hypothetical Protein BASYS00012	12559	8738	3821	-
Hypothetical Protein BASYS00013	15578	12627	2951	-
Hypothetical Protein BASYS00014	16264	15587	677	-
Hypothetical Protein BASYS00015	17477	17578	101	+
Tail Tubular Protein B	18729	16264	2465	-
Hypothetical Protein BASYS00017	19399	18671	728	-
Hypothetical Protein BASYS00018	19550	19455	95	-
Hypothetical Protein BASYS00019	20640	19528	1112	-
Hypothetical Protein BASYS00020	21595	20714	881	-
Head--Tail Joining Protein	23145	21595	1550	-
Hypothetical Protein BASYS00022	23351	23145	206	-
Hypothetical _C	23820	23326	494	-
Hypothetical Protein BASYS00024	24098	23820	278	-
Hypothetical Protein BASYS00025	25084	24143	941	-
Hypothetical Protein BASYS00026	25182	25081	101	-
Hypothetical Protein BASYS00027	25484	25179	305	-
Conserved Hypothetical Protein	26562	25555	1007	-
Hypothetical Protein BASYS00029	26965	26555	410	-
Hypothetical Protein BASYS00030	27984	26950	1034	-
Hypothetical Protein BASYS00031	28394	28242	152	-
Hypothetical Protein BASYS00032	28789	28466	323	-
Hypothetical Protein BASYS00033	29116	28892	224	-
Hypothetical Protein BASYS00034	29926	29120	806	-
Hypothetical Protein BASYS00035	30094	29939	155	-
Hypothetical Protein BASYS00036	30349	30113	236	-
Hypothetical Protein BASYS00037	30903	30346	557	-
DNA polymerase I, thermostable [H]	33482	30930	2552	-
Hypothetical Protein BASYS00039	33630	33466	164	-

Hypothetical Protein BASYS00040	33870	33694	176	-
Hypothetical Protein BASYS00041	34087	33845	242	-
Hypothetical Protein BASYS00042	34698	34087	611	-
Hypothetical Protein BASYS00043	34946	34770	176	-
DNA Primase	36934	34946	1988	-
Hypothetical Protein BASYS00045	37140	36934	206	-
Hypothetical Protein BASYS00046	37492	37364	128	-
Hypothetical Protein BASYS00047	37907	37494	413	-
DNA-Directed RNA Polymerase	40837	38210	2627	-
Hypothetical Protein BASYS00049	41756	40911	845	-
Hypothetical Protein BASYS00050	42045	41827	218	-
Hypothetical Protein BASYS00051	42553	42224	329	-
Hypothetical Protein BASYS00052	43118	42618	500	-
Hypothetical Protein BASYS00053	43485	43276	209	-
Hypothetical Protein BASYS00054	43730	43485	245	-
Hypothetical Protein BASYS00055	43974	43699	275	-

Таблица 75 - Протеомный состав бактериофага Pr 4 - УГСХА, активного в отношении *Proteus* (по данным приложения BASys version 1.0.)

Наименование	Мол. масса, Да	pI
Hypothetical Protein BASYS00001	23953	6,79
Hypothetical Protein BASYS00002	32843	5,7
Hypothetical Protein BASYS00003	66539	7,62
Hypothetical Protein BASYS00004	7245	4,92
Hypothetical Protein BASYS00005	7982	10,55
Peptidase	13215	9,63
Hypothetical Protein BASYS00007	9419	4,35
Hypothetical Protein BASYS00008	9892	10,49
Phage-Related DNA Maturase	72174	6,96
Hypothetical Protein BASYS00010	15142	7,35

Hypothetical Protein BASYS00011	35935	4,63
Hypothetical Protein BASYS00012	139869	6,85
Hypothetical Protein BASYS00013	108927	5,38
Hypothetical Protein BASYS00014	23624	8,89
Hypothetical Protein BASYS00015	3749	10,78
Tail Tubular Protein B	92578	5,42
Hypothetical Protein BASYS00017	27466	6,62
Hypothetical Protein BASYS00018	3394	6,62
Hypothetical Protein BASYS00019	40444	4,99
Hypothetical Protein BASYS00020	32160	3,92
Head--Tail Joining Protein	57725	5,32
Hypothetical Protein BASYS00022	7196	10,57
Hypothetical _C	18742	6,62
Hypothetical Protein BASYS00024	10878	9,63
Hypothetical Protein BASYS00025	35410	7,06
Hypothetical Protein BASYS00026	4003	7,08
Hypothetical Protein BASYS00027	11778	8,08
Conserved Hypothetical Protein	37886	7,53
Hypothetical Protein BASYS00029	15439	10,39
Hypothetical Protein BASYS00030	39003	6,71
Hypothetical Protein BASYS00031	5538	3,81
Hypothetical Protein BASYS00032	11408	4,28
Hypothetical Protein BASYS00033	8410	6,67
Hypothetical Protein BASYS00034	29386	4,55
Hypothetical Protein BASYS00035	5588	4,8
Hypothetical Protein BASYS00036	9031	8,65
Hypothetical Protein BASYS00037	21449	5,29
DNA polymerase I, thermostable [H]	97368	6,49
Hypothetical Protein BASYS00039	6135	3,82
Hypothetical Protein BASYS00040	6757	10,5

Hypothetical Protein BASYS00041	9428	5,12
Hypothetical Protein BASYS00042	23289	10,26
Hypothetical Protein BASYS00043	6422	6,51
DNA Primase	74771	6,26
Hypothetical Protein BASYS00045	8028	9,63
Hypothetical Protein BASYS00046	5196	11,71
Hypothetical Protein BASYS00047	15818	10,28
DNA-Directed RNA Polymerase	99626	6,83
Hypothetical Protein BASYS00049	32074	4,82
Hypothetical Protein BASYS00050	8298	4,84
Hypothetical Protein BASYS00051	12585	3,35
Hypothetical Protein BASYS00052	19922	4,08
Hypothetical Protein BASYS00053	8341	4,01
Hypothetical Protein BASYS00054	9433	6,22
Hypothetical Protein BASYS00055	10622	10,55

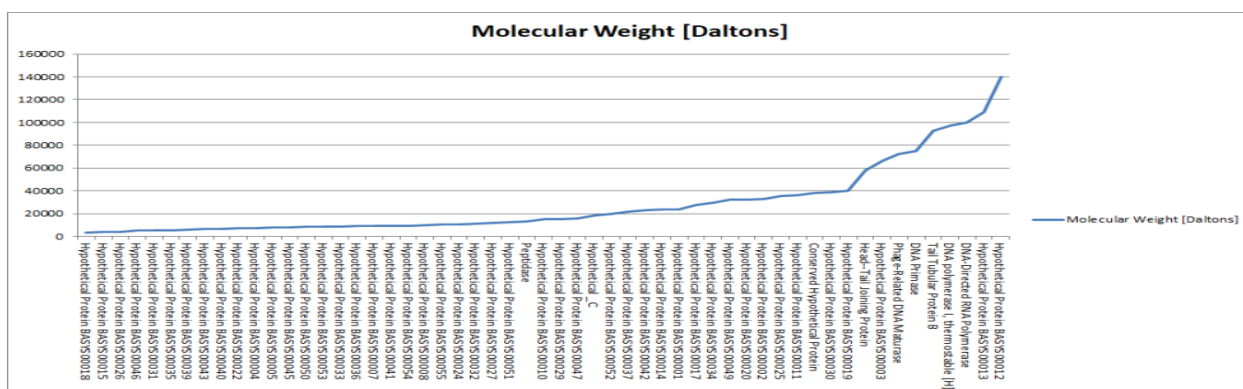


Рисунок 57 - График распределения белкового состава Proteus phage Pr 4 - УГСХА по молекулярной массе (по данным приложения BASys version1.0.)

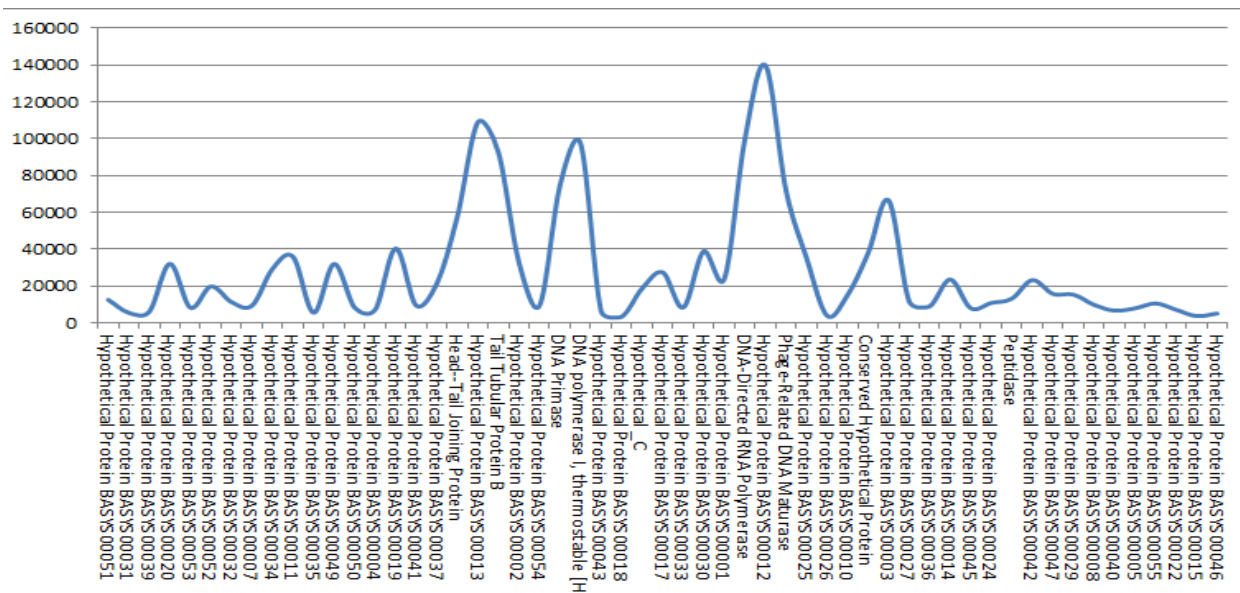


Рисунок 58 - График распределения белкового состава Proteus phage Pr 4 - УГСХА по молекулярной массе в зависимости от рI (по данным приложения BASys version 1.0.)

По каждому из протеинов Proteus phage Pr 4 - УГСХА был проведен биоинформационный анализ (таб. 76- 129 и рис. 59-216)

### BASYS00001

Таблица 76 - Данные о протеине BASYS00001 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 15:59:32 GMT
Entry ID	BASYS00001.1
Accession No.	BASYS00001
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	975-331 (Counterclockwise)
Centisome Position	2.19
Gene Name	BASYS00001

Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gtggtttaaataacaggatatggtatggtagaaataactaggaggtaagggtagtcatt gtcagaccataacatgttctatgtagatgtggaggata
Gene Sequence	atgtttttaataacaccttattagatacgcagaatgaagatgtaggtttacagcttctt cgtatagaggcaatagcaagacaaggtttagctttacgtggcatgaagacatacacaact tggagttcttaggtttgtctgataaccctactgcacttgagttgttaatgctatgctt aagtatagtatgttcaactattaatattgaaagaactaataactaatttagggcttaaacct ttgacacaccttctctatatatgcaccaggtatcttggtttgatacaaggcagatcgt aggcttgaattgcttgcacatacagaacactattctgtactgcaccttatacagtaat gggtggaatgatacaggttgggtaggcttcaagctaattggcttccatacctgtaccg gaagacttaacatcattagatcaaattaaatgtgatgggtgtcttctttatacctcact atatccggaatatacaagaccaccttatggtggagaccagatattagagagaacatct aatcatttcggtgtactcaacactattggatgattaaagggtgcagcggtacaaatgtg ttatattataaaagcccttagctactacatggaaggctttataa
GC Content [Percent]	37.36
Preceding Gene	BASYS00055
Following Gene	BASYS00002
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00001
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_214_residues MFFNNTLLDTQNEDEVGLQLLRIEAIARQGLALRGMKTYTTWSSLGLSDNPTALELFNAMP KYSMFTINIERTNTNLGLKPFDPSSIYAPGILVCTKADRRLELLAHEHYSCTRTRYLN GVNDTGWGRLQANWSSIPVPEDLTSLDQIKCDGVFFIPHTISGNIQDHPYGGDQILERTS NHFGGTQHYWMIKGAATNVLYYKSPATTWKAL >Mature_214_residues MFFNNTLLDTQNEDEVGLQLLRIEAIARQGLALRGMKTYTTWSSLGLSDNPTALELFNAMP KYSMFTINIERTNTNLGLKPFDPSSIYAPGILVCTKADRRLELLAHEHYSCTRTRYLN GVNDTGWGRLQANWSSIPVPEDLTSLDQIKCDGVFFIPHTISGNIQDHPYGGDQILERTS



	NHFGGTQHYWMIKGAAATNVLYYKSPLATTWKAL
No. of Amino Acids	Translated: 214 ; Mature: 214
Cys/Met Content	1.4 %Cys (Translated) 2.3 %Met (Translated) 3.7 %Cys+Met (Translated) 1.4 %Cys (Mature) 2.3 %Met (Mature) 3.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 23953 ; Mature: 23953
Theoretical pI	Translated: 6.79 ; Mature: 6.79
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available

Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*

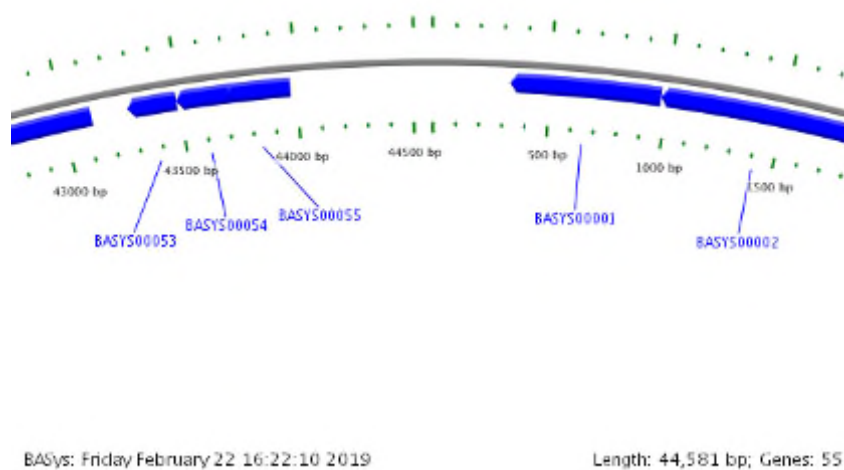


Рисунок 59 -Локализация BASYS00001 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

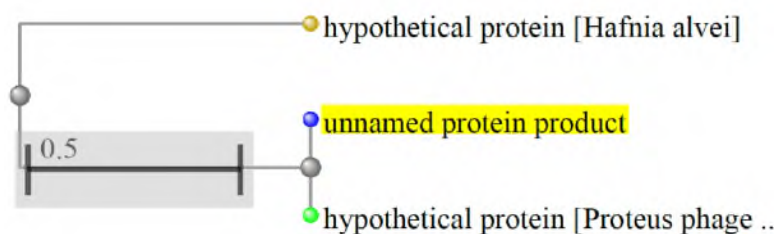


Рисунок 60 -Филогенетическое дерево гомологов BASYS00001 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 61 -Конформационная структура BASYS00001 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## **BASYS00002**

Таблица 77 - Данные о протеине BASYS00002 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:0:3 GMT
Entry ID	BASYS00002.1
Accession No.	BASYS00002
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	1847-975 (Counterclockwise)
Centisome Position	4.14
Gene Name	BASYS00002
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases agtgtaattaagcgaggtaatTTTGGTTtagaggattcatagaaaccttaggaacgg

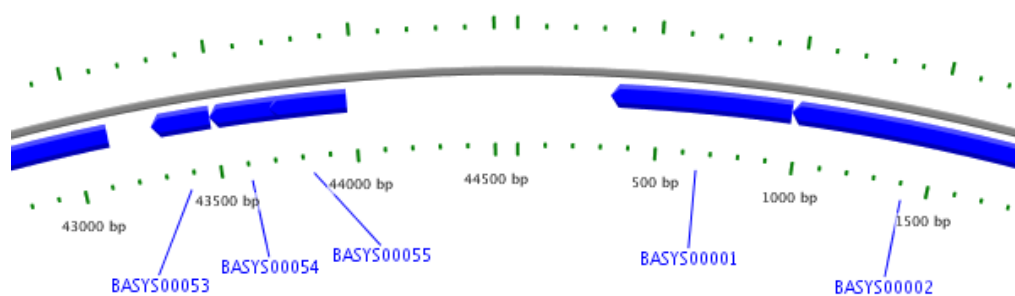
	cgctagccgttcttattcaactttctttatggaggaat
Gene Sequence	atgttacagcgctaggttcttcttggttaaacacacaggtaaacacttatcattaca ttagataagatattaacagcactaaaccctaacaattctaagatagattatctaacaca atagttaatgtaataatcaatcacctcgtgataattccattgctatacaagagaaggaaagt aactctgttcgctttgttacttggacttatggactgaataactcaactaagacttggtt ggtgatgacaggcaatcacctgataagactatgcaattacagaaacaattcttagatgta agaggggattacttcgggttcaggaagcatatatgaatccgctattacttggggttac ttaatgtaatacacttaaatcaattcttggatgactgatgcaagtaggt gattatattgtaacatgacactaccaagttcaaactactgaaagcaaagcagttata tacagtgatactcaactacttcattagatgtctggaagcgtggttacattagagagaaa ctacctaattggtatagtagttataatacacatcttagcactgacctgcaaggacaact acaatgcttctgaattattagctgaaatcaaggaaaatggtggcgataaggtagtactt cttggtagctcaatgtaagagacgcactctgattatctgaattcgaagattacggttc actatcgtgaataaatcagtagtgggtggtgagattgataggatattggttcggttta aatataacaggatattggtatggtagaataactaggaggtagggtagtcattgtcagac cataacatgttctatgtagatgtggagtataa
GC Content [Percent]	36.08
Preceding Gene	BASYS00001
Following Gene	BASYS00003
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00002
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_290_residues MLQRLGSSLVKHTGKHSFTLDKILTALNPNSKIDYLNNTIVNVNQSPRDNISIAIQEKES NSVRFVTWNLWTEYSTKTWFGDDRQSPDKTMQLQKQFLDVRGDYFGFQEAYMN- PAITWGY LTVNPLKYQFFGMTDDAKLGDYIGNMTLTKFKPTESKAVIYSDTQPTSLDVWKRGIYREK LPNGIVVYNTHLSTDPARTTMLAELLAIEIKENGGDKVLLGDFNVRDASALSEFEDYGF TIVNKSVMGGEIDRILVRGLNITGYGMVEILGGKGSLSHDHNMFYVDVEV >Mature_290_residues MLQRLGSSLVKHTGKHSFTLDKILTALNPNSKIDYLNNTIVNVNQSPRDNISIAIQEKES NSVRFVTWNLWTEYSTKTWFGDDRQSPDKTMQLQKQFLDVRGDYFGFQEAYMN-

	PAITWGY LTVNPLKYQFFGMTDDAKLGDYIGNMTLTKFKPTESKAVIYSDTQPTSLDVWKRGIYIREK LPNGIVVYNTHLSTDPARTTTMLAELLAIEKENGDKVLLGDFNVRDASALSEFEDYGF TIVNKSVWGGEIDRILVRGLNITGYGMVEILGGKGSLSHDHNMFYVDVEV
No. of Amino Acids	Translated: 290 ; Mature: 290
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.8 %Met (Translated) 2.8 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.8 %Met (Mature) 2.8 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 32843 ; Mature: 32843
Theoretical pI	Translated: 5.70 ; Mature: 5.70
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic

Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available

Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*



BASys: Friday February 22 16:22:10 2019

Length: 44,581 bp; Genes: 55

Рисунок 62 - Локализация BASYS00002 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА



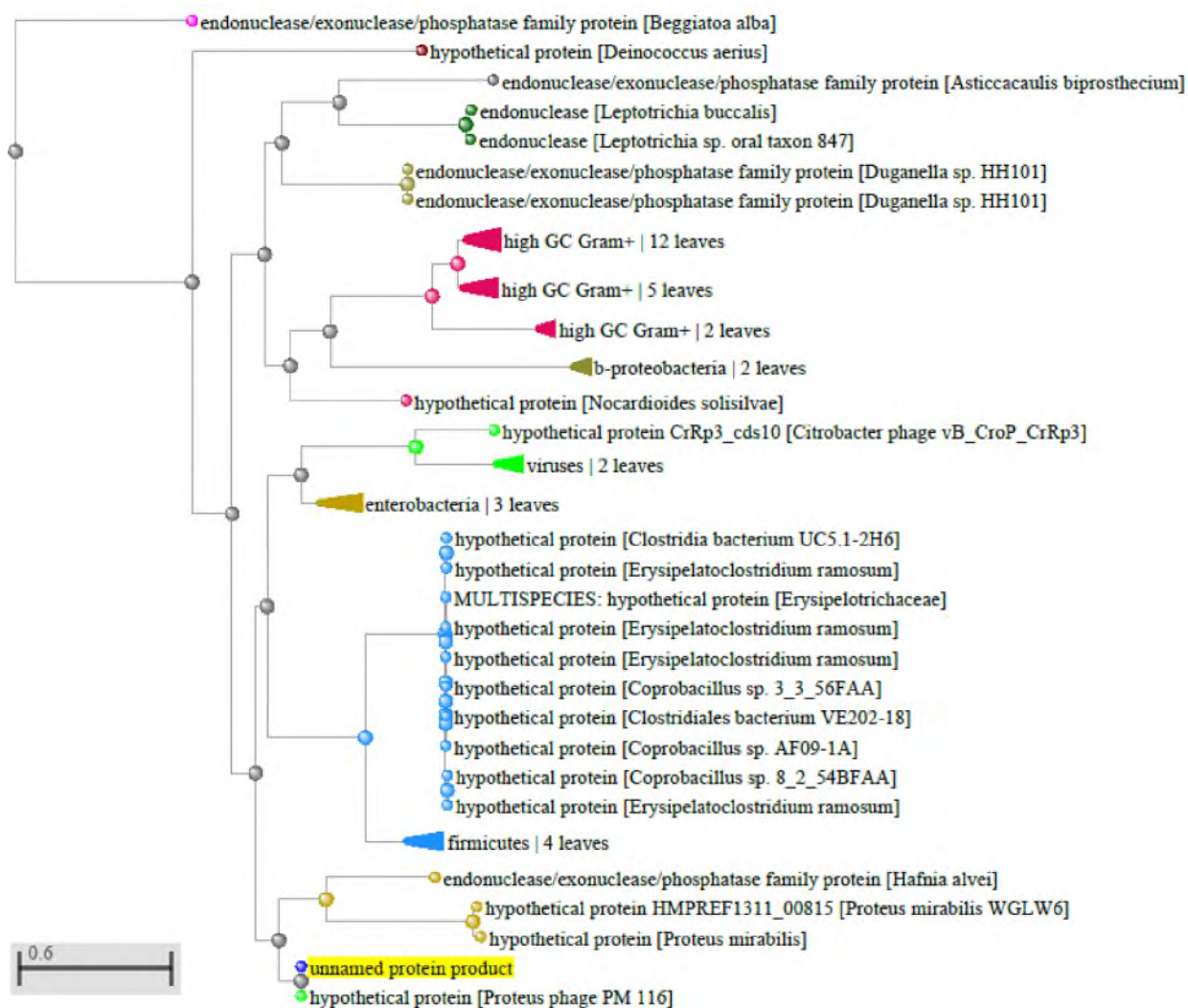


Рисунок 63 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00002 бактериофага Pr 4 - УГСХА

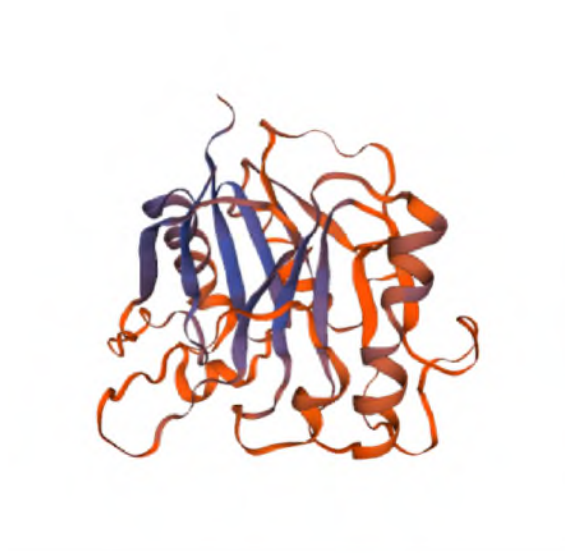


Рисунок 64 - Конформационная структура BASYS00002 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00003**

Таблица 78 - Данные о протеине BASYS00003 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:0:33 GMT
Entry ID	BASYS00003.1
Accession No.	BASYS00003
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	3750-1906 (Counterclockwise)
Centisome Position	8.41
Gene Name	BASYS00003
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gacaacaaggatgctttgataaacctgatgctactaagttaggtttgtatattcttgag ctagaaagaggttactaatcatcacgtaaccaatactatca
Gene Sequence	gtggcttacctatttagagaccactatagaagagataagatagttggcggtttcttgacc gccctattattcgccaacattcatagggagtgttgggtaataataggaggtatcatgtca ttgactaaaccaactactgataaaataaacatggttttactattttatcagaagtaata gagtcctatattaagaaactaatgggtataccttctgtaaccaatgttgtttgatttgggt gcagaccctacaggtgtttctcctaaggttgctatagataaagcaattacaagcgt ggtataggtggagtgttttttccaaaaggtatatatgtgactcaaggtaccataac ctattacaaggtcagactttaaagggttatgggttactttcaaatcagatttatccatt acagcagattccttatttaatatagagcaagataatatttctatcttaggtaacataatt attgatgggtgatgtatgaaataggtgatagatccagatattataacaggaattcgt gtaggttctactcatcaagtcacaaactttacatgtgataaagtcacatttataggtagt gtttatggcttatggattactcattacgtgattctgttatcagtaactgttatgctttt aggtgcggaaatggttttgggttgcatctaatacaacaggaatttagatataaatggt gtgtataatgttaaattttctaagtgttgcagaggaatgtggttatacatttctaggc acagatcaatcacctaccatctgctaagtgtggtttcaaaattacagacatagctatt cgtaacttgtatatgaagattgtgtagctcgtagaaattatacacatggttttaactat catgggcataactattcaagtgaccagatggttttatacaagaaggattattcattatatt

	<p>cgttgatttctgatgataataacataccagagcaatatacaaaagagtcagatggtaat  ggtttaaagttctggcttttatattggcattgtaggagtagaccagttcataataacacta  caagattgttacgaagtggaataatggagaagctttatcaggcatcactagatagt  acacaaccactaataggctgtctatatctaatttctgtgttaaaggttctcctcgtgtg  aagactaagggtattagggtcaataactctattgtaaattagatagagtgagagatta  aatacaacggcataaccattaagaaatgtacaaggctttatgattacgtaatttattgt  actaaattgtcaggtactcttctgtaaaaggtaattgggatgtaggagcacctaagtta  atgtatgccaatgcagttaataataactaaaactgttattagagatataactcatagttac  acttctccttaaatacagcttccgttattgcaattgaactgttgatttctcagagata  attgtagataataactttgagtaataaaagtacaacaagatgtctcatggatttttc  caaagaagcagtagtttgggattacttctgtgaagattaataacactaacatctttggt  ggaactggacagttcacagtaggtgtgaacaactacagttggtggttctaaatttt  caaggtgtactctgcaaaattgcacaaatggttccgaggaataatggtgagaatgct  atctttataggaaccattttgtaactggcacagttataacaccattattatctttgca  cctagtgaattaagcgaggaattttggttagaggattcatag</p>
GC Content [Percent]	33.22
Preceding Gene	BASYS00002
Following Gene	BASYS00004
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00003
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_614_residues  MAYLFRDHYRRDKIVGGFLTALLFANIHRECWVIIGGIMSLTKPTTDKIKHGFTILSEVI  ESIFKKLMGIPSVTNVVDGADPTGVVSSKVAIDKAITSAGIGGVVYFPGKIYVTQGNHN  LLQGQTLKGYGVTFKSDLSITADSLFNIEQDNISILGNIIIDGGMYEIGDRYPDIITGIR  VGSTHQVTNFTCDKVTFIGSVYGLWITSLRDSVISNCYAFRCGNFGGLASNTTGILDING  VYNVKFSKVAEECGYTFGLTDQSPTTSAKCGFKITDIARNLVYEDCVARRNYTHGFNY  HGHNYSSVPDGFIEGHIHYIRCISDDNNIPEQYTKESDGNLSSGFYIGIVGVPVHNITL  QDCYASGNNGEALYQASLDSTQPLIGLSISNFCVKGSPRVKTKGIRSNNSIVKLDVRDL  NINGIPLRNVQGLDYVIYCTKLSGTLVSKGNWDVGAPKLMYANAVNNTKTVIRDITHSY  TSSLNTASVIAIELVDFSEIIVDNITLSNKSTTKMSHGIFQRSSSFGITCKINNTNIFG  GTGQFTVGVETTTVGGSKLFQGCTLQNCTNGFAGNNGENAIFIGNHFVTGTVITPLLSFA  PSVIKRGNFLEDS</p>

	<p>&gt;Mature_613_residues</p> <p>AYLFRDHYRRDKIVGGFLTALLFANIHRECWVIIGGIMSLTKPTTDKIKHGFTILSEVIE  SIFKCLMGIPSVTNVDFGADPTGVVSSKVAIDKAITSAGIGGVVYFPGKIYVTQGNHNL  LQGQTLKGYGVTFKSDLSITADSLFNIEQDNISILGNIIIDGGMYEIGDRYPDIITGIRV  GSTHQVTNFTCDKVTFIGSVYGLWITSLRDSVISNCYAFRCGNGFGLASNTTGILDINGV  YNVKFSKVAEECGYTFGLTDQSPPTSAKCGFKITDIARNLVYEDCVARRNYTHGFNYH  GHNYSSVPDGFIEGHIHYRCISDDNNIPEQYTKESDGNLSSGFYIGIVGVPVHNITLQ  DCYASGNNGEALYQASLDSTQPLIGLSISNFCVKGSPRVKTKGIRSNNSIVKLDRVRDLN  INGIPLRNVQGLYDYVIYCTKLSGTLVSKGNWDVGAPKLMYANAVNNTKTVIRDITHSYT  SSLNTASVIAIELVDFSEIIVDNITLSNKSTTKMSHGIFQRSSSFGITCKINNTNIFGG  TGQFTVGVETTTVGGSKLFQGCTLQNTNGFAGNNGENAIFIGNHFVTGTVITPLLSFAP  SVIKRGNFGLSDS</p>
No. of Amino Acids	Translated: 614 ; Mature: 613
Cys/Met Content	<p>2.4 %Cys (Translated)</p> <p>1.0 %Met (Translated)</p> <p>3.4 %Cys+Met (Translated)</p> <p>2.4 %Cys (Mature)</p> <p>0.8 %Met (Mature)</p> <p>3.3 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 66539 ; Mature: 66408
Theoretical pI	Translated: 7.62 ; Mature: 7.62
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available

COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available

Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*

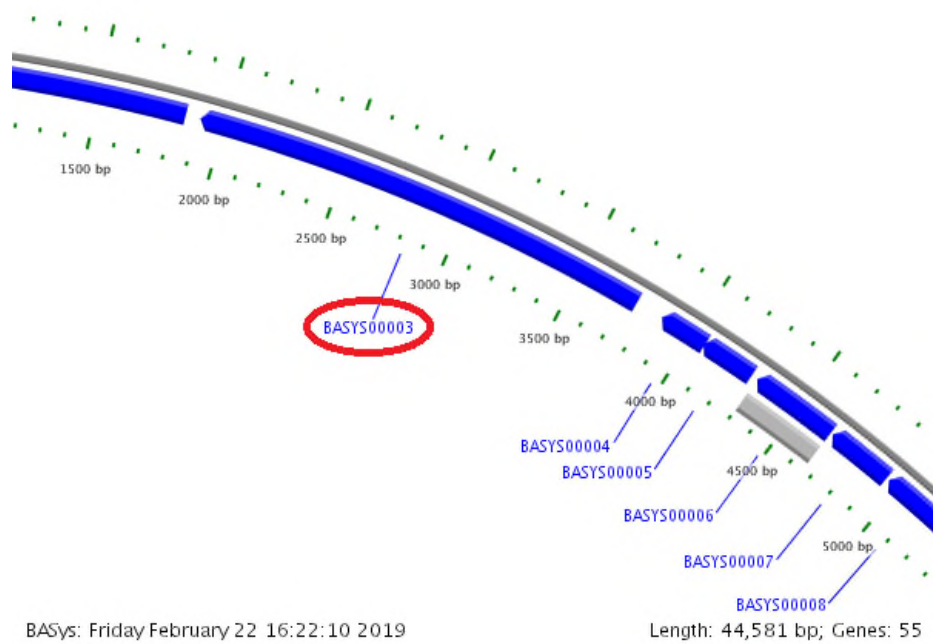


Рисунок 65 - Локализация BASYS00003 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

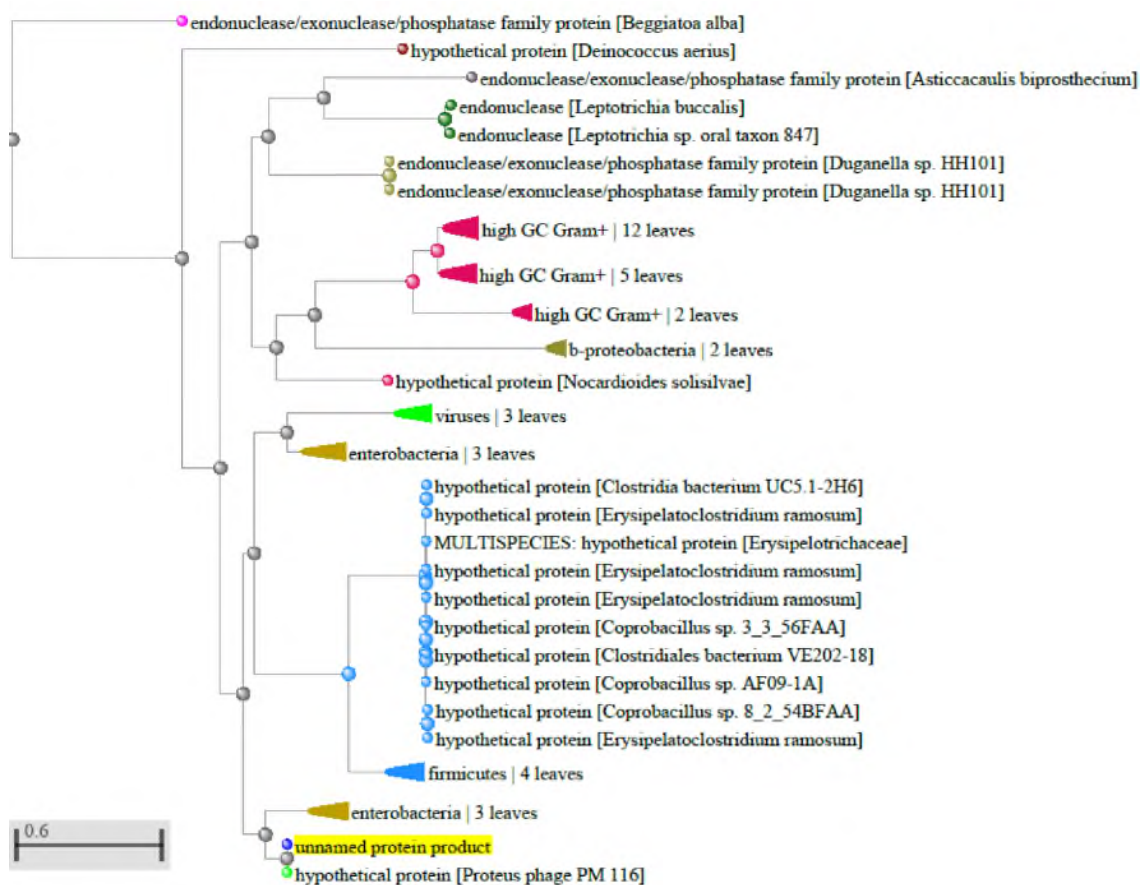


Рисунок 66 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00003 бактериофага Pr 4 - УГСХА

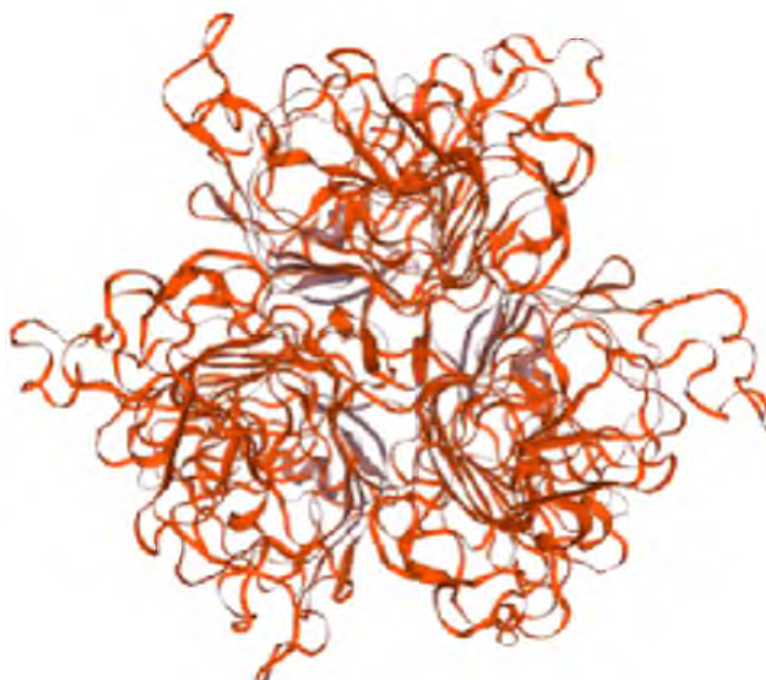


Рисунок 67 - Конформационная структура BASYS00003 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00004**

Таблица 79 - Данные о протеине BASYS00004 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:1:17 GMT
Entry ID	BASYS00004.1
Accession No.	BASYS00004
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	4061-3864 (Counterclockwise)
Centisome Position	9.11
Gene Name	BASYS00004
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gctactgttgcaactatcttagctattcttggtacggcacttggcatggagattggtggt gagcaggctgtcaccgaaatcattgcaagtgattacct
Gene Sequence	gtgcataagctactgctcatcttggcaggcttattgacctgcttaagtcttacaagatt aagaaggagcaagagaatgcacaaactcaagctgacattattaatgataatcctgctggt tggttcttactcacttcggggtgtcaaagcctagcgacacagagcaaaccaatgccagt gaaaccaactgaataa
GC Content [Percent]	42.93
Preceding Gene	BASYS00003
Following Gene	BASYS00005
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available



Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00004
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_65_residues MHKLLLILAGLIDLLKSYKIKKEQENAQTQADIINDNPAGWFSTHFGVSKPSDTEQTNAS ETNTE >Mature_65_residues MHKLLLILAGLIDLLKSYKIKKEQENAQTQADIINDNPAGWFSTHFGVSKPSDTEQTNAS ETNTE
No. of Amino Acids	Translated: 65 ; Mature: 65
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 1.5 %Met (Translated) 1.5 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 1.5 %Met (Mature) 1.5 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7245 ; Mature: 7245
Theoretical pI	Translated: 4.92 ; Mature: 4.92
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available

COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available

Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*

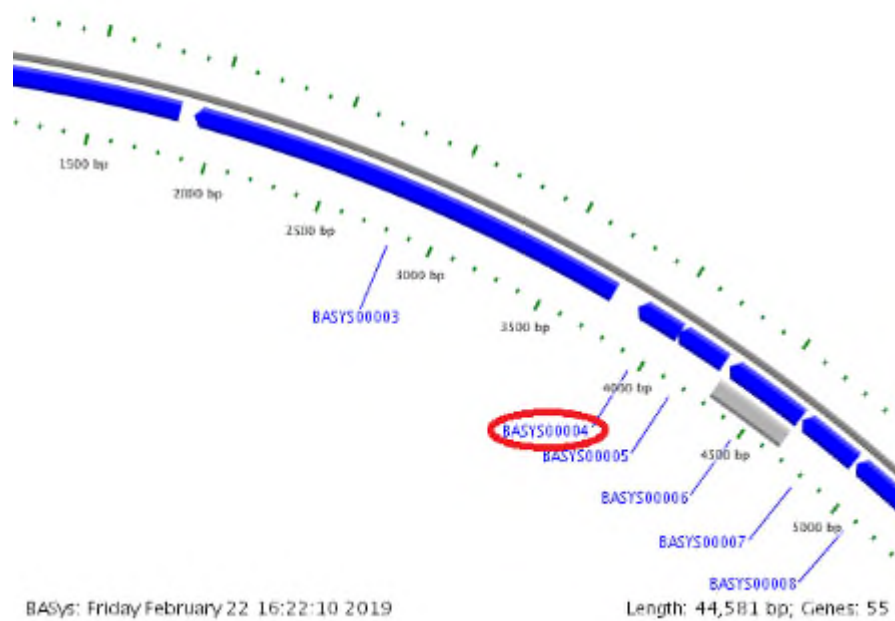


Рисунок 68 - Локализация BASYS00004 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

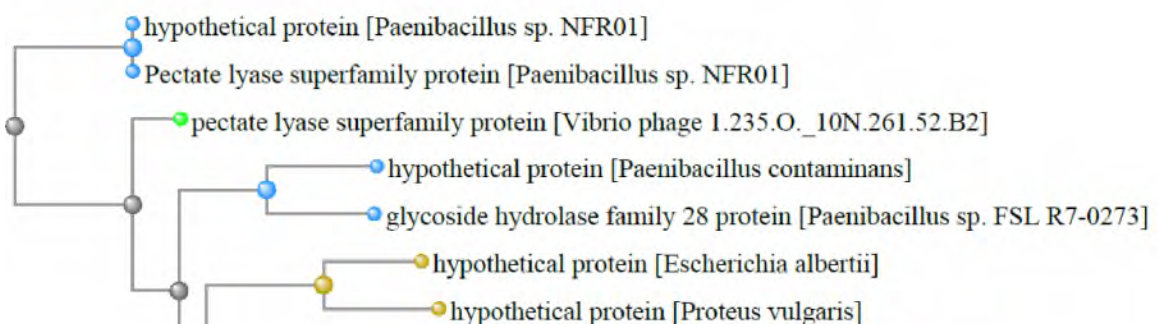


Рисунок 69 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00004 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 70 - Конформационная структура BASYS00004 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00005**

Таблица 80 - Данные о протеине BASYS00005 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:1:32 GMT
Entry ID	BASYS00005.1
Accession No.	BASYS00005
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	4278-4054 (Counterclockwise)
Centisome Position	9.60
Gene Name	BASYS00005
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100	>100_bases

Bases	atggattgggcgctatgcaggccgtttactcacattgatgttcgtgggtataaggctc gttggcgtggtagatgtttagaatggtgtcgtagtagtgc
Gene Sequence	gtgacaaggcaagtcaagcgggtgacttcaaggagtggagtaactacgacaaaatggcac aagagtgggaaaggagaatacatgaagaagatcttaagaacaagaaagtgtaggtgct actgttgcaactatcttagctattcttggtacggcacttggcatggagattggtggtgag caggctgtcaccgaaatcatttgcgaagtgattacctgtgcataa
GC Content [Percent]	44.89
Preceding Gene	BASYS00004
Following Gene	BASYS00006
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00005
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_74_residues MTRQVKRVTSRSGVTTTKWHKSGKGEYMKKIFKNKKVVGATVALILAILGTALGMEIGGE QAVTEIICEVITCA >Mature_73_residues TRQVKRVTSRSGVTTTKWHKSGKGEYMKKIFKNKKVVGATVALILAILGTALGMEIGGEQ AVTEIICEVITCA
No. of Amino Acids	Translated: 74 ; Mature: 73
Cys/Met Content	2.7 %Cys (Translated) 4.1 %Met (Translated) 6.8 %Cys+Met (Translated) 2.7 %Cys (Mature) 2.7 %Met (Mature) 5.5 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7982 ; Mature: 7850

Theoretical pl	Translated: 10.55 ; Mature: 10.55
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0xe1eab54)-
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available

EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	7.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*

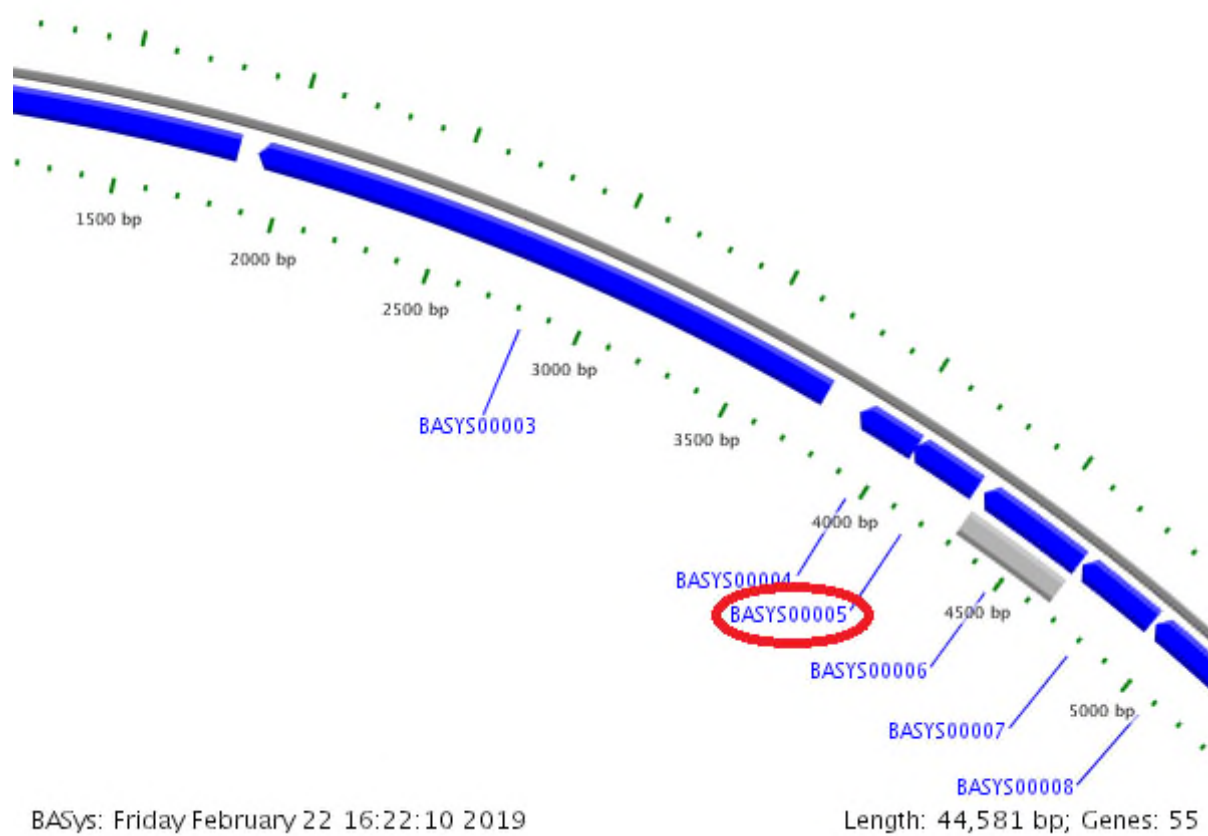


Рисунок 71 - Локализация BASYS00005 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА



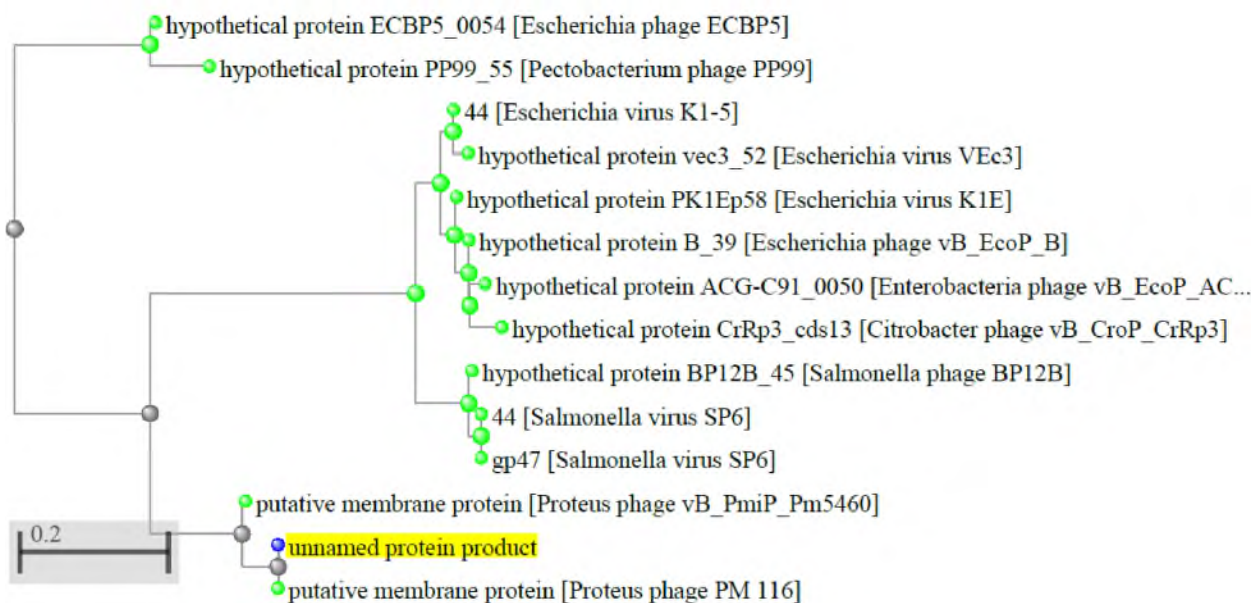


Рисунок 72 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00005



Рисунок 73 - Конформационная структура BASYS00005 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00006

Таблица 81 - Данные о протеине BASYS00006 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:1:43 GMT
---------------	-----------------------

Entry ID	BASYS00006.1
Accession No.	BASYS00006
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	4658-4305 (Counterclockwise)
Centisome Position	10.45
Gene Name	BASYS00006
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgaagagttaactatcgctattgctaaaggtaacctaccagaagatgggtggagtatcttagccactgatattgccgtagttcccgcataaggagtatta
Gene Sequence	atgttaaacaattattttaagagacgtgagtttgcttgaagtgtggctgtggtagcactgttgattatgagttacttcaagtaatcacagatgtacgtgaacactttggcaaacctatcattatcacatcagggcatcgttctttaagcataatgccaatgtaggtggctcgt aactctatgcatcttactggttaaggcagcagatatcaaagtgaaggtagaccctgct gatgtagctgattacttagaaacaaagtatcctgataagtatggtattggcgctatgca ggccgttttactcacattgatgttcgtgggtataaggctcgttggcgtggtag
GC Content [Percent]	41.53
Preceding Gene	BASYS00005
Following Gene	BASYS00007
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Peptidase
Alternate Protein	Not Available

Names	
Sequence	>Translated_117_residues MLNNYFKRREFACKCGCGTSTVDYELLQVITDVREHFGKPIIITSGHRCFKHNANVGGAR NSMHLTGKAADIKVQGVDPADVADYLETYPDKYIGIGRYAGRFTHTIDVIRGYKARWRG >Mature_117_residues MLNNYFKRREFACKCGCGTSTVDYELLQVITDVREHFGKPIIITSGHRCFKHNANVGGAR NSMHLTGKAADIKVQGVDPADVADYLETYPDKYIGIGRYAGRFTHTIDVIRGYKARWRG
No. of Amino Acids	Translated: 117 ; Mature: 117
Cys/Met Content	3.4 %Cys (Translated) 1.7 %Met (Translated) 5.1 %Cys+Met (Translated) 3.4 %Cys (Mature) 1.7 %Met (Mature) 5.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 13215 ; Mature: 13215
Theoretical pI	Translated: 9.63 ; Mature: 9.63
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Function unknown (code S)
COG ID	<a href="#">COG3108</a> Uncharacterized protein conserved in bacteria

Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

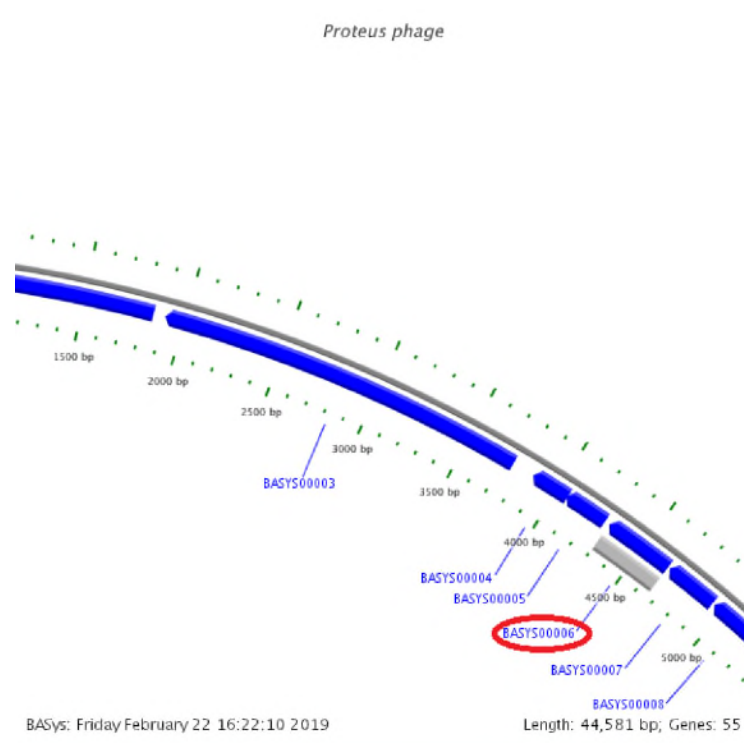


Рисунок 74 - Локализация BASYS00006 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

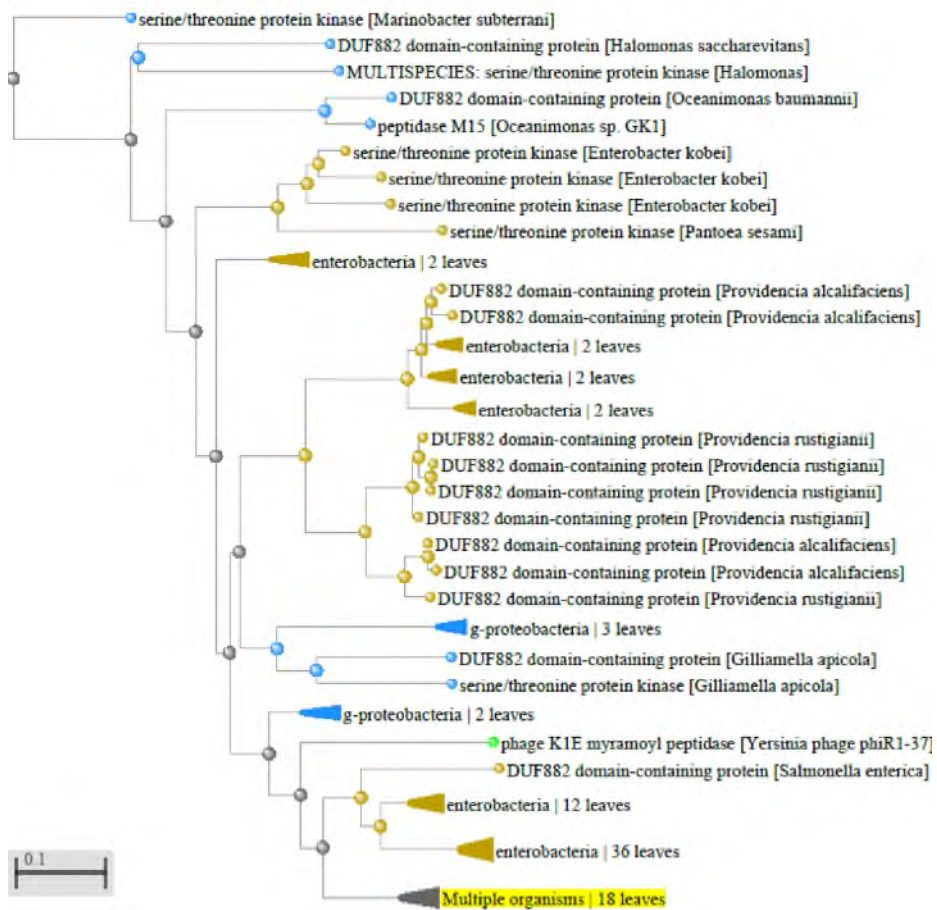


Рисунок 75 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00006 бактериофага Pr 4 - УГСХА

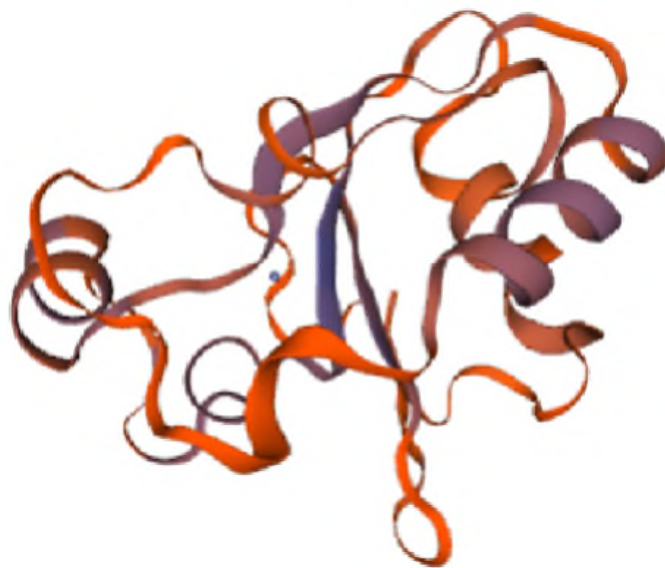


Рисунок 76 - Конформационная структура BASYS00006 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00007**

Таблица 82 - Данные о протеине BASYS00007 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:2:3 GMT
Entry ID	BASYS00007.1
Accession No.	BASYS00007
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	4937-4668 (Counterclockwise)
Centisome Position	11.07
Gene Name	BASYS00007
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tagaactacgtgtacaggttgctgttggtagtagtaagccagaagataaatggtctactttaa aacaagcatctgaaatcacccagcataaggagaataaca
Gene Sequence	atggcatatgcagattcagtaacaggtcaagctttccgagtaaaagcagtacctaccact gcaaccgctttggtgtacctgtagtaggagaaagaggaactaactaagaagactctgac ctgaaccagtatcacctatctggttaagcaacttggtgctatggttgggttcatggaaggc gaagagttaactatcgctattgctaaggtaacctaccagaagatggttggagtatctta gccactgatattgccgtagttcccgcataa
GC Content [Percent]	44.44
Preceding Gene	BASYS00006
Following Gene	BASYS00008
Operon Status	Not Available

Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00007
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_89_residues MAYADSVTGQAFRVKAVPTTATALVVPVVEKEELTKKDSLQYHLSGKQLGAMVGF- MEG EELTIAIAKGNLPEDGWSILATDIAVVPA >Mature_66_residues LVVPVVEKEELTKKDSLQYHLSGKQLGAMVGFMEGEELTIAIAKGNLPEDGWSILATD IAVVPA
No. of Amino Acids	Translated: 89 ; Mature: 66
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 3.4 %Met (Translated) 3.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 3.0 %Met (Mature) 3.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9419 ; Mature: 7080
Theoretical pI	Translated: 4.35 ; Mature: 4.14
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown



Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available

Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

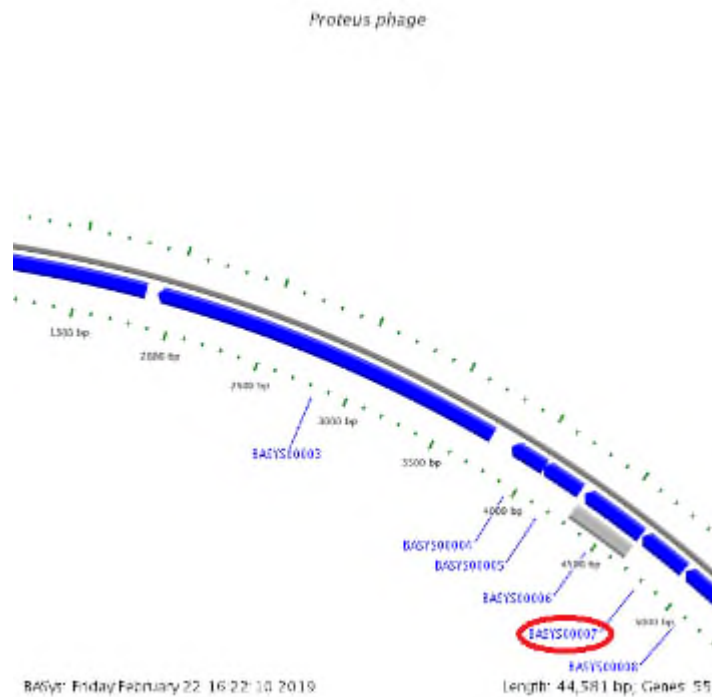


Рисунок 77 - Локализация BASYS00007 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

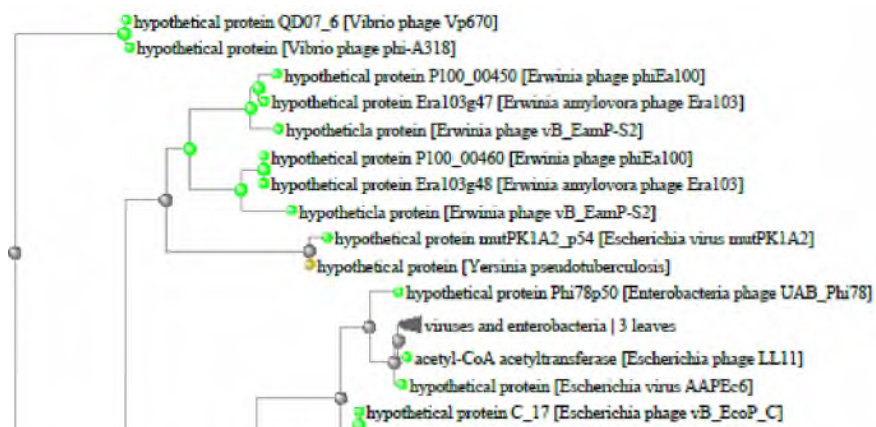


Рисунок 78 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00007



Рисунок 79 - Конформационная структура BASYS00007 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00008**

Таблица 83 - Данные о протеине BASYS00008 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:2:17 GMT
Entry ID	BASYS00008.1
Accession No.	BASYS00008
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	5224-4949 (Counterclockwise)
Centisome Position	11.72
Gene Name	BASYS00008
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases atgtagacctaggtaaactaggtataccttatgaggagggtactacagtacccgaccttat tctttctttctttatattctattataataggagatata

Gene Sequence	atgagtaatgattatggcaataaagggtttaccaataaacaccctcgcagtatgaagcaa cccaaatcatctcacttagcagttccagttgtgtaaaggctgatgtagagaaaaaggca agtgtaattaatgatgcaaaaagtctggtaaacagaatgggtctttctaatttctaat aaagaattagaactacgtgtacaggttgctgttgtagtaagccagaagataaatggctc actttaaacaagcatctgaaatcaccacagcataa
GC Content [Percent]	36.96
Preceding Gene	BASYS00007
Following Gene	BASYS00009
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00008
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_91_residues MSNDYGNKGFTNKHPRSMKQPKSSHLAVPVVVKADVEKKASVINDATKSGKQNGAFLISN KELELRVQVAVGSKPEDKWSTLKQASEITPA >Mature_57_residues DVEKKASVINDATKSGKQNGAFLISNKELELRVQVAVGSKPEDKWSTLKQASEITPA
No. of Amino Acids	Translated: 91 ; Mature: 57
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.2 %Met (Translated) 2.2 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9892 ; Mature: 6156
Theoretical pI	Translated: 10.49 ; Mature: 9.21
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available

Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

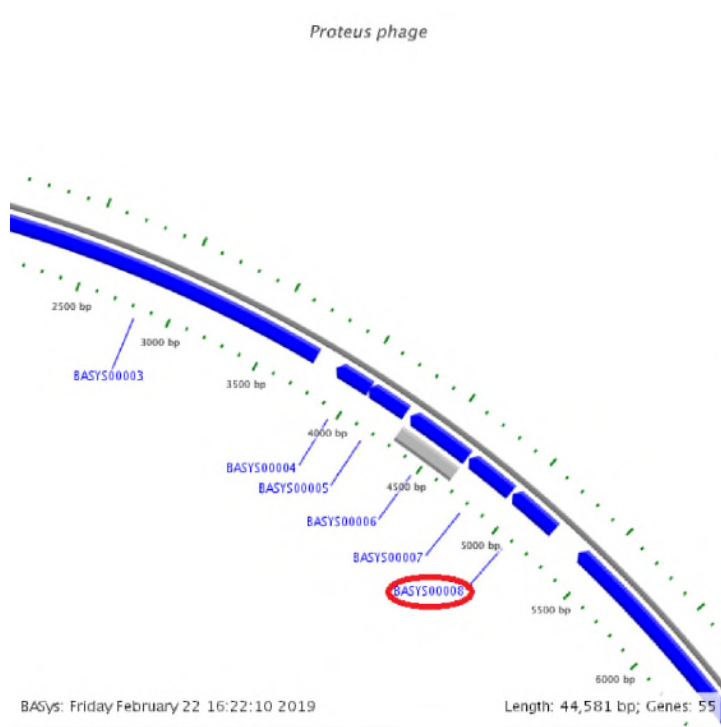


Рисунок 80 - Локализация BASYS00008 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

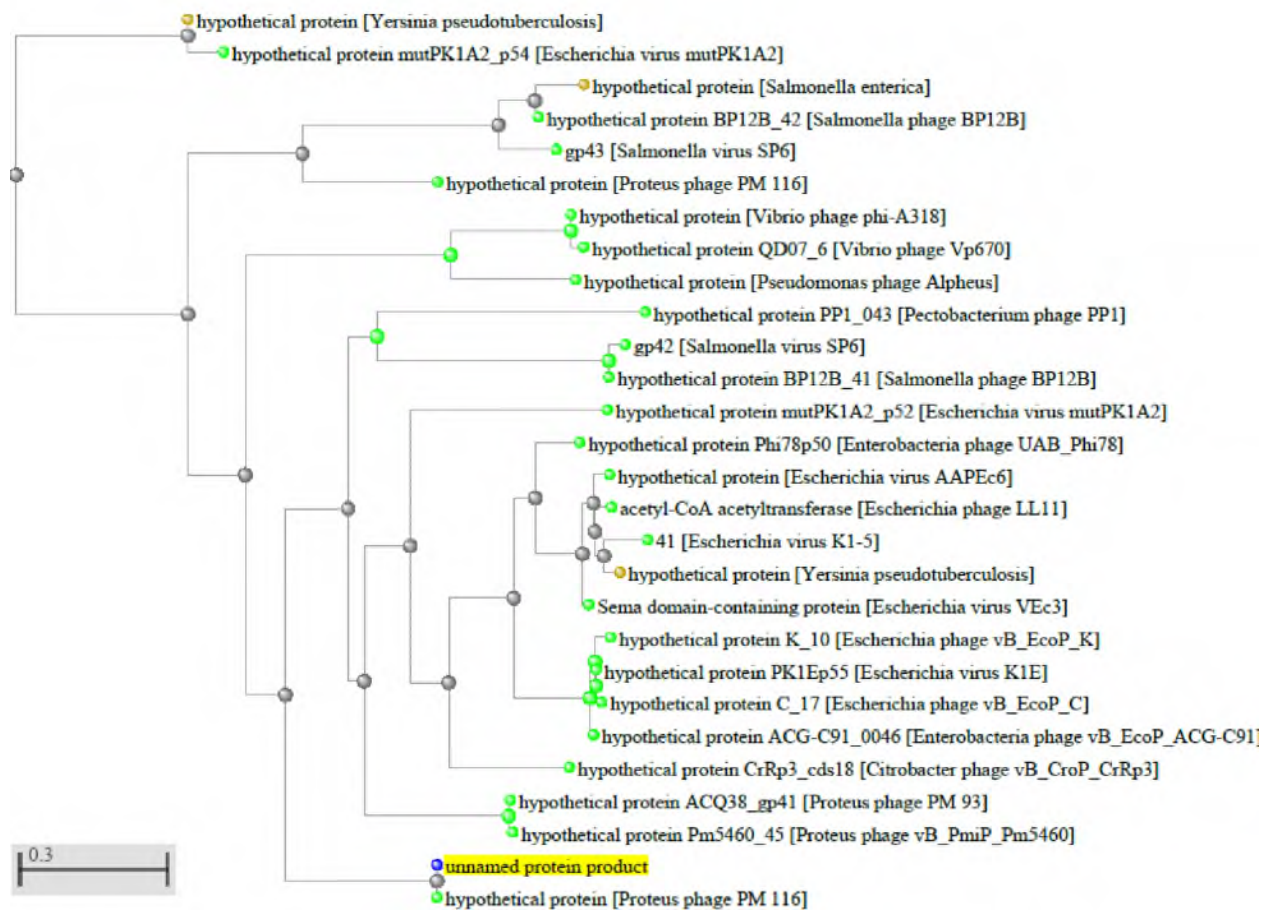


Рисунок 81 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00008 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 82 - Конформационная структура BASYS00008 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00009**

Таблиц 84 - Данные о протеине BASYS00009 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:2:35 GMT
Entry ID	BASYS00009.1
Accession No.	BASYS00009
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Dat	bases
Gene Position	7289-5391 (Counterclockwise)

Not Available



Centisome Position	16.35
Gene Name	BASYS00009
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ctgtacaacaagaagagtctaagttatctaagcgcttgctcaaatcaaggcagcttctc agggcaaggttattaactttacagatgtaaggaggctta
Gene Sequence	atggctagagcaagagagtcacaagcggaagctcttgctcgatgggaagctctgcatgag ttacaacaacattcccgtatacaattgcagggtctttcttttgctcaggttgaatc aatacattaatcactggtaacctgacttaaatcgagtacaagctgatatccttaagttc ttatttagtggaacaaatcgcgatgtagaagcacagcgtggcaagctaagactacc attgcagctatctatgctgattccgtatcattcatgaaccacataagcgtatcatgatt gtgtcacaacagccaagcgtgcagaggaaattgcaggtgggttatcaaaatattccgt gggttagatttctggagtttatgctccctgacatctatgcaggtgacaaagcttctatc aaaggctttgagattcactatactttacgtgtagtgataaatcaccatcagttgcatgt tactcaattgaatctggatgcaaggtgctcgtgcagatatcatcttagcagacgacgta gagtcattacagaactcaaggacggcagcaggtcgtgctttgtagaggatttaactaaa gagtttgaatctatcaaccaatttggtgatattatctacntaggtacacctcaagtggt aactctatatacaacaattacctgctcgtggttatcaaatccgtatatggcctggctgt tatcctactttagagcaagaagcatggttatggtagcttctagctcctatgattaagcag gatatgacagaagaccctagcttacgtcatgggttatggtattgatggaacacaaggtgct cctacttgccctgagatgtatgacgatgagaagcttattgagaaggagatatacaaggt acagctaagttccagttacagttatgctcaacacaagactgctggacgctgacagatat cctttaaactcaatcagttatcatgatgtcattcggcacagagcaattaccagagatg cctgtgtggagtaatgactcaataaacttaattggagacgcacctcgtttgtaataag ccatcagacttctgtatcgcgccgtacagcgtccttatgagtgccgtagtgtaacagt aagattatgtacattgaccctgctggcggtggaagaacggagatgagacaggtgtggca attgtattcctgttaggtacattcattacgtatataaagtgtttggttcaaggcggga tatggctcagagcctcttagtcgattgtacggaagcaagaatgcaggtgtacgtgag gtttttattgagaagaacatgggtcacggtgcatatgacgctgtaattaagccatacttt gagcgtgagtgccctgtgactattggtgaagattatgcacatggtcagaagaggtacgt atcattgatacacttgaccattaatatctgcacacagaatcatattcaacacagaaatg attaagcaagatattgatagcgtacagcattatcctcttgagacagctatgagttatagt ctgtttgcagatgtctaataatcaaatggagaaaggttccttctgcatgatgaccga ttagacgctctgtatggcgtgtaaggcaacttacttctcagatagactatgacgaggtt aatcgtataaaccgctgagaatgcaggagatgcgcatcttggaatgatgatgac cctgcaagacgtagagaattcttcacaggacaagaccaggttacaggagaagtacaac tgttcagtgccgatgcagaagcgagttatggtcaaggaaacctattctgcactaaaagt cgaaatgtaatttctcaaggatttcaaggctttattaa

GC Content [Percent]	41.97
Preceding Gene	BASYS00008
Following Gene	BASYS00010
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Phage-Related DNA Maturase
Alternate Protein Names	DNA Maturase B ; Phage DNA Packaging
Sequence	<p>&gt;Translated_632_residues  MARARESQAELARWEALHELQQTFPYTIAGLLSFAQVVINTLITGNPDLNRVQA-DILKF  LFSGNKYRMVEAQRGQAKTTIAAIYAVFRIIHEPHKRIMIVSQTAKRAEEIAGWVIKIFR  GLDFLEFMLPDIYAGDKASIKGFEIHYTLRGSDKSPSVACYSIESGMQGARADIILADDV  ESLQNSRTAAGRALLEDLTKEFESINQFGDIYLGTPQSVNSIYNNLPARGYQIRIWPGR  YPTLEQEACYGDFLAPMIKQDMTEDPSLRHGYGIDGTQGAPTCEPMYDDEKLIE-KEISQG  TAKFQLQFMLNTRLLDADRYPLKLNQLIMMSFGTEQLPEMPVWSNDSINLIG-DAPRFGNK  PSDFLYRAVQRPYEWRSVQRKIMYIDPAGGGKNGDETGVAVFLLGTFIY-VYKVFQVQGG  YGSEPLSRIVREAKNAGVREVFIEKNMGHGAYDAVIKPYFEREWPVTIGEDYAHGQ-KEVR  IIDTLEPLISAHRIIFNTEMIKQDIDSVQHYPLETRMSYSLFAQMSNITMEKGCLRHDDR  LDALYGAVRQLTSQIDYDEVNRINRLRMQEMRDYLEMMHDPARRREFFTGQDH-GYRRSTN  CSVAMQKRVIYGGTYSRTKSRNVISSRISRLY</p> <p>&gt;Mature_631_residues  ARARESQAELARWEALHELQQTFPYTIAGLLSFAQVVINTLITGNPDLNRVQADILKFL  FSGNKYRMVEAQRGQAKTTIAAIYAVFRIIHEPHKRIMIVSQTAKRAEEIAGWVIKIFRG  LDFLEFMLPDIYAGDKASIKGFEIHYTLRGSDKSPSVACYSIESGMQGARADIILADDVE  SLQNSRTAAGRALLEDLTKEFESINQFGDIYLGTPQSVNSIYNNLPARGYQIRIWPGRY  PTLEQEACYGDFLAPMIKQDMTEDPSLRHGYGIDGTQGAPTCEPMYDDEKLIE-KEISQGT  AKFQLQFMLNTRLLDADRYPLKLNQLIMMSFGTEQLPEMPVWSNDSINLIG-DAPRFGNKP  SDFLYRAVQRPYEWRSVQRKIMYIDPAGGGKNGDETGVAVFLLGTFIYVYKVFQVQG-</p>

	<p>GY  GSEPLSRIVREAKNAGVREVFIEKMNMGHGAYDAVIKPYFEREWPVTIGEDYAHGQKE-  VRI  IDTLEPLISAHRIIFNTEMIKQDIDSVQHYPLETRMSYSLFAQMSNITMEKGCLRHDDRL  DALYGAVRQLTSQIDYDEVNRINRLRMQEMRDYLEMMHDPARRREFFTGQDH-  GYRRSTNC  SVAMQKRVIYGGTYSRTKSRNVISSRISRLY</p>
No. of Amino Acids	Translated: 632 ; Mature: 631
Cys/Met Content	0.8 %Cys (Translated) 3.6 %Met (Translated) 4.4 %Cys+Met (Translated) 0.8 %Cys (Mature) 3.5 %Met (Mature) 4.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 72174 ; Mature: 72043
Theoretical pI	Translated: 6.96 ; Mature: 6.96
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00217</a> SUGAR_TRANSPORT_2
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available

Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination	9.0

Priority	
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

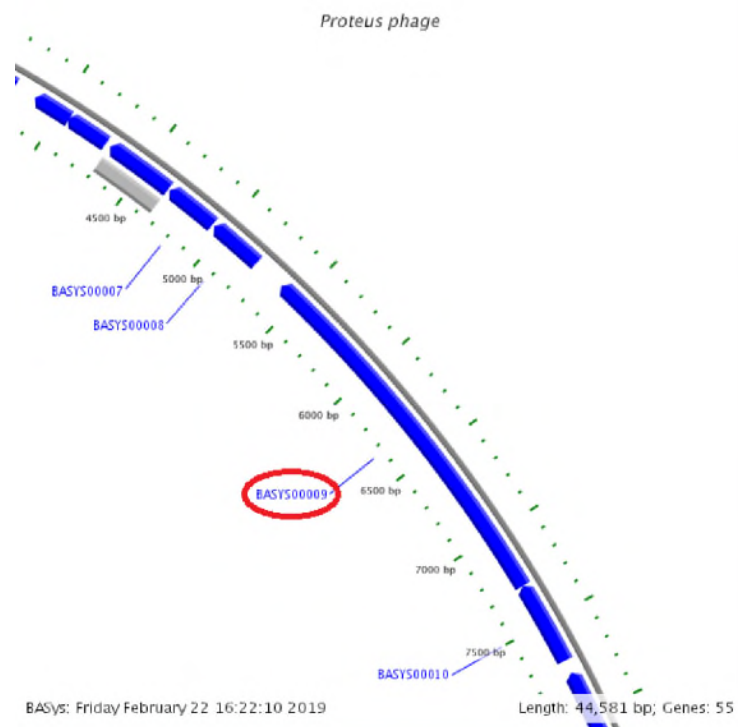


Рисунок 83 - Локализация BASYS00009 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

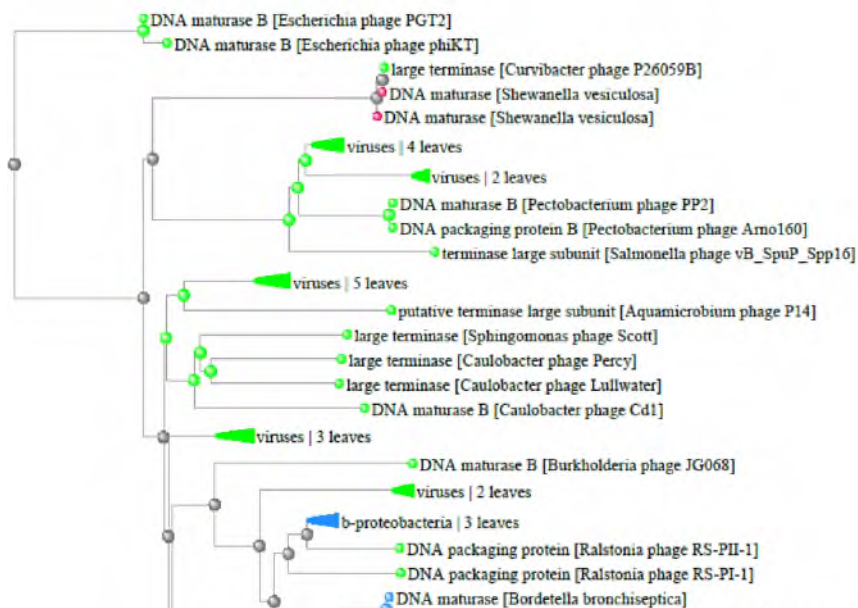


Рисунок 84 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00009 бактериофага Pr 4 – УГСХА

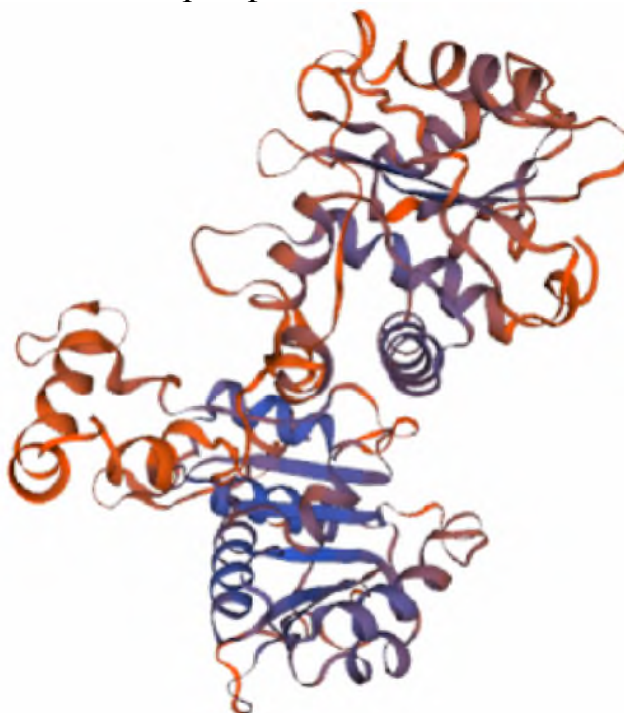


Рисунок 85 - Конформационная структура BASYS00009 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00010**

Таблица 85 - Данные о протеине BASYS00010 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:3:21	M T
Entry ID	BASYS00010.1	
Accession No.	BASYS00010	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	7711-7289 (Counterclockwise)	
Centisome Position	17.30	

Gene Name	BASYS00010
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tgcagagtgactggtaaactaagatagcataaggaggtgatatgattaactccgaactg gtagacacagtgaagactgcaccgcctgttctagtgtctg
Gene Sequence	gtgggtacttccttgggtgtcagttgggataactgggtacttattgcaacgtttattata ccgtgttcagattggagattgggtatatacaaagtataagttatggaaggagagacatg agcataaataatagacatgcagcatcagaagatgatgttggtatccttcacatgcaatc actaagttattaatacgaaggcaaaagcgattttagatgcaattgaagaagaccctgat gcagcgattgcattagtatctggtaaagatatgggtgctatgtgtaaatgggtgctagat aatggatcactgctactctgctgtacaacaagaagagtctaagttatctaagcgcttg gctcaaatcaaggcagcttctcagggcaaggttattaactttacagatgttaaggaggct taa
GC Content [Percent]	39.24
Preceding Gene	BASYS00009
Following Gene	BASYS00011
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00010
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_140_residues MGTSLVSVGITGYLLQRLFIPCCRLEIGYIQSISYGRRDMSINNRHAASEDDVGILHSAI TKLFNTKAKAILDAIEEDPDAAIALVSGKDMGAMCKWVLDNGITATPAV- QQEESKLSKRL AQIKAASQGKVINFTDVKEA >Mature_139_residues GTSLSVSVGITGYLLQRLFIPCCRLEIGYIQSISYGRRDMSINNRHAASEDDVGILHSAIT KLFNTKAKAILDAIEEDPDAAIALVSGKDMGAMCKWVLDNGITATPAVQQEESKLSKR- LA QIKAASQGKVINFTDVKEA

No. of Amino Acids	Translated: 140 ; Mature: 139
Cys/Met Content	2.1 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 5.0 %Cys+Met (Translated) 2.2 %Cys (Mature) 2.2 %Met (Mature) 4.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 15142 ; Mature: 15010
Theoretical pI	Translated: 7.35 ; Mature: 7.35
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available



Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

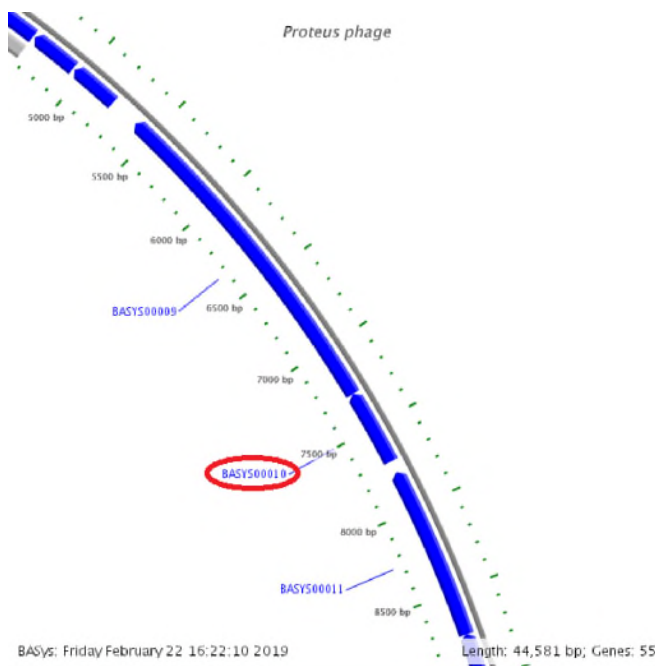


Рисунок 86 - Локализация BASYS00010 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

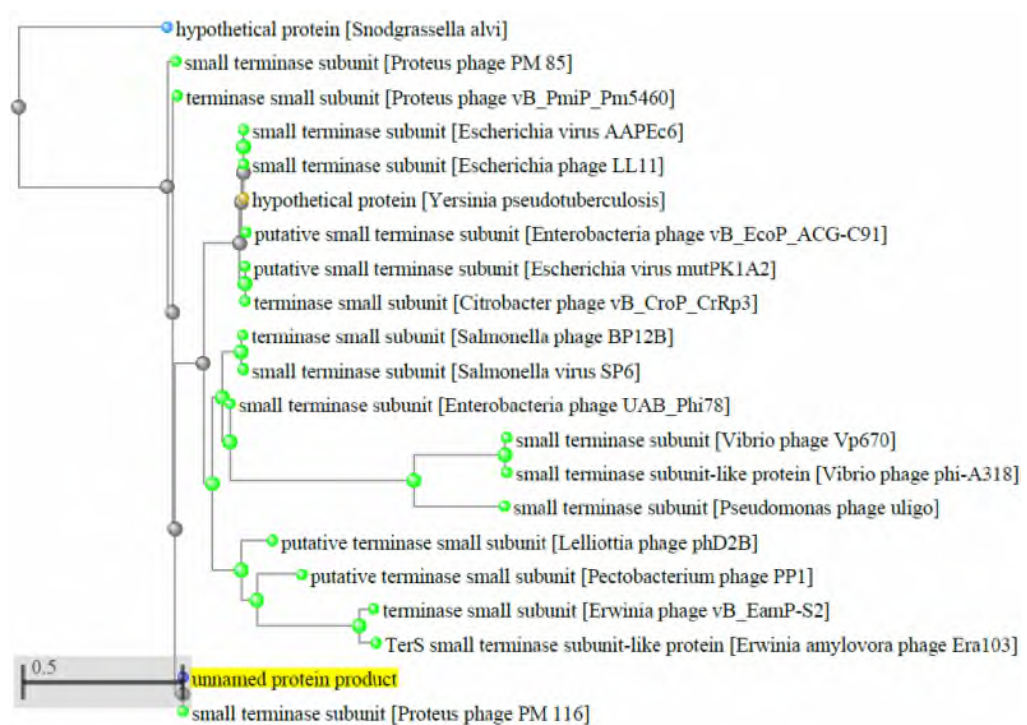


Рисунок 87 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00010 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 88 - Конформационная структура BASYS00010 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00011**

**Таблица 86** - Данные о протеине BASYS00011 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:3:41 GMT
Entry ID	BASYS00011.1
Accession No.	BASYS00011
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	8741-7779 (Counterclockwise)
Centisome Position	19.61
Gen	Name
Alternate Gene Names	Not Available

BA  
SY  
SO  
OO  
11

Upstream 100 Bases	>100_bases ctacacggcaattagtagacaaggtagacgccttgctccttggctaacacaattggcg taggtcaaatgactaaagccagtggtgattattggagga
Gene Sequence	ttgatgagttatacctttactgaacatacagctaattggactcaagtgacctttccttt agattctctggctcagacaaggggtacttacgtacctctgatattatagttgagcgtaaa gaagatgattgggtcgctattcaaggtgggaggttaactggtacacaccagattaccttt aggggtgccaccaacagcaggtactatgctaaggataagcgtgtgttgataaagaaaag aactatgcagagtttgatagaaacgtcatgttagatatgaaatccttaaatggttccttt atccacattagaaatctcacaagagttacttgatggttttatccagatggttatctt gtaaagcagaatgttgattgggggtgtaataagattattaacctaggagatggaactgac ccaaaagatggagtaataaaggtcagcttgattctgttgataacactcagacagcttg aaccaacagcaagatatcttgattgatggattaagaagagctatgacatctggtattgca cacagaactattccttgggtttatacttcacagcaaggtggtagttagagatagctcca ccttatatcttgatagtgattattgtattcatcaatggtgtgtttcaacatgaactcaa ggtgcatatgtaatacagagtaataagataatcctatctgaaccactactaaaggagat gaagtatacgtacttattggtagtcgtattgctcaccagacaaaagctcttgggtttac tttaaatagatgcagaagaagggcagaccaaagtagatgtaggtactagtttcctctct attgaggtatacctagatggtttgatcaaccagatgatgcatatgttgttgagggtagc tctttactttcacagaaccactactgcttcagagtgactggtaacttaagatagca taa
GC Content [Percent]	37.80
Preceding Gene	BASYS00010
Following Gene	BASYS00012
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00011
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_320_residues MMSYTFTEHTANGTQVTFPFRFSGSDKGYLRTSDIIVERKEDDWVAIQGWEVTGTH- QITF RVPPTAGTMLRIRRVVDKEKNYAEFDRNVMLDMKSLNGSFIHLLAISQELLDGFYPDGYF VKQNVWDWGGNKIINLGDGTDPKDGVNKGQLDSVDNTQTAWNQQQDILIDGLR- RAMTSGIA

	<p>HRTIPWVYTSQQGGELEIAPPYIFDSVIVFINGVFQHELKGAYVIQSNKIILSEPLLKGD  EVYVLIGSRIASPDKSSWVYFKIDAEEGQTKVDVGTSFSLIEVYLDGLYQPDDAYVVEGS  SFTFTEPLPACRVTGKLIKIA  &gt;Mature_320_residues  MMSYTFTEHTANGTQVTFFRFRFSGSDKGYLRTSDIIVERKEDDWVAIQGWEVTGTH-  QITF  RVPPTAGTMLRIRRVVDKEKNYAEFDRNVMLDMKSLNGSFIHLEISQELLDGFYPDGYF  VKQNVDWGGNKIINLGDGTDPKDGVNKGQLDSVDNTQTAWNQQQDILIDGLR-  RAMTSGIA  HRTIPWVYTSQQGGELEIAPPYIFDSVIVFINGVFQHELKGAYVIQSNKIILSEPLLKGD  EVYVLIGSRIASPDKSSWVYFKIDAEEGQTKVDVGTSFSLIEVYLDGLYQPDDAYVVEGS  SFTFTEPLPACRVTGKLIKIA</p>
No. of Amino Acids	Translated: 320 ; Mature: 320
Cys/Met Content	0.3 %Cys (Translated) 1.9 %Met (Translated) 2.2 %Cys+Met (Translated) 0.3 %Cys (Mature) 1.9 %Met (Mature) 2.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 35935 ; Mature: 35935
Theoretical pI	Translated: 4.63 ; Mature: 4.63
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available

COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available

Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

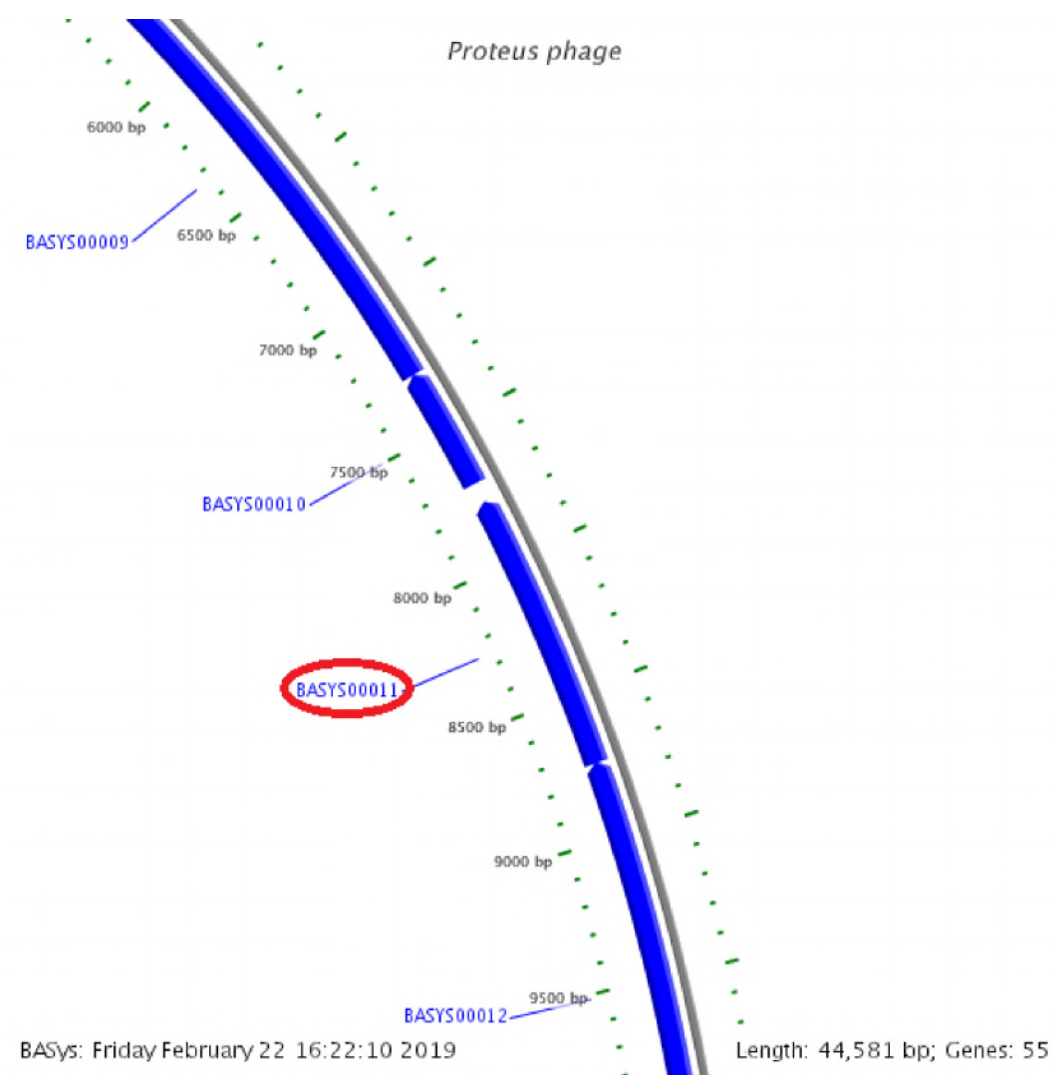


Рисунок 89 - Локализация BASYS00011 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

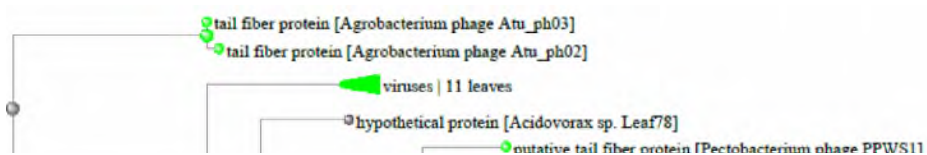


Рисунок 90 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00011 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 91 - Конформационная структура BASYS00011 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00012**

Таблица 87 - Данные о протеине BASYS00012 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:4:14 GMT
Entry ID	BASYS00012.1
Accession No.	BASYS00012
SWISS PROT (AC and ID)	Not
Other Databases	Not Available
Gene Position	12559-8738 (Counterclockwise)
Centisome Position	28.17

Av  
ai-  
la-  
bl  
e



Gene Name	BASYS00012
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tctaccagagtgggtaagattaagattaactagtgttatactcaaggttgccaacactg ttggacagtctttatgaataacattacttaaggagtaac
Gene Sequence	atggctgagttagataaccaatcttgggttggtgctagcaggcgttttctacaacctacc ttttctcaagttgcagaagctaaccgtaagttagaagaacaacgtgctaatagataaggctc atggagactgcacttgagaatgaatgggctattccagcaatggaacgtgcccttaataga agtcagactgagttgagcctgatgaaggttatgtagtaaaccaagaaacaaagatgaa ctagctaagaagtatggctttgatgatcaagagagatattagaaggcgtacaatctgag gctgagttgcaattaaagttgctaatagctcaagctgattagaagaaatcagatacta gctcgtaatggttgaaaggtttgggtgctcaaatgactgccgcttgtttgacctgtt ggttggggtgtctctattgcagggtgctcctgttgctggtgcaatcaagctgaaaagagta ggtaacatagctaagatggctaccattgcagggtggagaatccgcattagaggctata attaaccaagggtgactactacagagatgtagatgatactttatgtctgctggatttgg gttcatggcggtactatcggtgctgtttcaagactaagagctaaaggctgagat gaaggctcattgatgatcctaaagcagatgtagatgggcttgatacagtgattaaaggt gctgatgagttgatgatctgatcctaaagctgaagagaagctatggagatgatgagc tacctggctatgctgatgtagctcctatgaaggctgggtattttgataacacaatgtct gttgaagacatattgataacttaaaatcaaataccaatgttcgtatgtctggtaaagag aaagctagcttacgttctgagataagaaacttagaacaagaagtagctaccatgcaaggt cgaaaggtagatgagctagccgaagcttccgctaagggttggtgctccaaggaataaagga gaacgattagacctagatgtacagaagcgtatcttagcaagaagatgatgaacctatt gctgatatgacagcaagactgaagagttaaagggtcaaactgctcgtgctgagaatgct aataaggctaaagatgaactgaaaaggtttacttctttaaccaaggaacaacaattaa gagttaggtttagataaaccacctgctgctgttgatgacaagtgagcttcaacaagcc ttaaaggagattagatccaagagagctaaagacaccaacagagcaacatgcagagatgaag gctaaggaagaagcaaaggtatcagatgaagtacctaagcaaagagacgatacactatct gctgctcgtgtaaggattcagagatacaagggtgaacagttgatctctcagataaaatg gaagacctatgagtgaaactagcaagtgaggctatgactcctaatgtcaagccagtaaac ttggctggtttagggtctgtatcttctgttattcttaattcaaagaaccctgtattccgt ggcttggtttacgtctactagagaatgcacagggtgtagttatcaaggtaagacagct tctattcttctaacctcaatgctaacataatccgctctgctgagaagaacagatacaat gatgggttctctatgttcatcaaggataataactgagagcaatagacttcttaactct gctgtaactcgtgattcaataatcagatatacacagccattgctcgtggtattccagat gatacactcgtggtgtaagatggcagcagaagggtggccgataaattgaagaaagct cttgatattcgaagcaagctggtgaggctggctttgaagatatcaaggcagctaaagac tacctgacagttatctacgatggtataagggtaacagaagctatcaataaactggtagt aatgaagctgtattgttactatctaaaggttatcaaacaggtaagtaggtcttgg aagaaggcagcagatgccttagctagagtacaattactacgtgcatctgattctacttta tcaggctgtagcttttgacctgtaactctcagcaacaacaagctcagcttattgaa gattgaagaaagcaaaagctaccacatcattgataactcattgaaggtacagag

	<p>ttaaagagatggcagagtctatttctaactcgtgctaaagcaagtatgggtatcaacact  caagctgagtacaatggatgaaggtacaagatttacttaataactaacgtaggtgagata  gttgagaactatactaaagaggcagcaggtgggtgctgctctggcttctatgggattcct  acaaggcaagctgtatacaatgcaatagatgcaggagaacgtgcccgtcgaatatggtt  ggctctgatgcaaaagctatcaaacagctacgtgctgaggctgatatgcttagagattct  gtgcgattaatctatggaactatagatgctgacctaattctggcatcgtaaagggt  acaagacgtgtacgtgaattgactacactgttacgcttaggtcaaattgggattcgctcag  ttacctgaattggctcgtgctatttctaagatgggattaggtactgtccttaagtcaata  ccagctacacgcttctacgtctcgtgctggacgtgaaggtggtagcggctcaaggtaaa  ttactgaacctgaattaagagagatggaggagttaattggatatattgggaagataac  tggcttactgggtggaatattcgtcatgatgagttggtagctgctgataatcttgg  agattgtccgctattattgataacggccttgctatgggtagccgtgtaacttgggtg  tctggcttaaggcaattcaaggtggctcagaaaagatagtagctcgttctattaataaa  agactcaaagaacatctatcaggtgaacgtgtacttccagaaaagacctagatgaagta  ggcttaagtcagatgttatgaaaagacttaagcgtcactttgatgataaccctgcttat  actgactacaatggacagcaagttcgtatgatgaactttgatgctatggaaccagacctt  agagaaatcgtaggtgttgggtcagacgtatggcaggtagattgatacagcgtcacttc  attggatgaaggtatctggatgaataaatgggtgggcaaggcacttactcaatttaa  tcattctctattgtatctattgagaaaacagcttatccatgatttgcgtgggtgataagata  caggcagcacaatcctagcttggctactttattagcttatgcttctatgctacacag  atgcagatgcaagcaataggtagatccgatagagacaagttcctcaaggagaagttgat  gagcgaacatggcatttgggtatattaacaagatgccacaagtagcaggcttgggtctt  gggtggatgctctagctacatttgggttctcctgattcacttatgaatgcacctagt  cgtatgggttaccctcacaaggttgggtgacttgggtgctgggtgaggtgaattgg  gatgctgttgatgtatctcaagcatttccaagatgtcagtggtgatgatgatctct  acacggcaattagtagacaaggttagacgccttcttcttggctaacacaattggcgta  ggtcaaatgactaaagccagtggtgatttattggaggattga</p>
GC Content [Percent]	41.16
Preceding Gene	BASYS00011
Following Gene	BASYS00013
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00012
Alternate Protein Names	Not Available

Sequence	<p>&gt;Translated_1273_residues</p> <p>MAELDNQSWVGASRRFLQPTFSQVAEANRKLLEEQRANDKVMETALENEWAIPAMER- RALNR</p> <p>SQTEFEPDEGYVVNQETKDELAKKYGFDVSREILEGVQSEAEIQFKVANAQADLERNQIL ARNGLKGFQAQMTAALFDPVGVGWSIAGAPVAGAIKLRVGNIAKMATIAGVENAA- LEAI</p> <p>INQGDYYRDVDDIFMSAGFGVVMGGTIGAVSRLRAKGRADEGSFDASKADVDGLD- TVIKG</p> <p>ADEFDVSASKAVREAMEYDAYMAMRDVAPMKAGDFDNTMSVVR- HIDNLSNTNVRMSGKE</p> <p>KASLRSEIRNLEQEVATMQGRKVDLAESAQKVGAPRNKGERLDDVQKRILARKYDEPI ADMTARLEELKVKLARAENVNKAKDELKRFTSLTKEQQLKELGLDKPPRRVDMTSAVQ- QA</p> <p>LKEIRSKRAKTPTEQHAEMKAKEEAKVSDEVKQRDDTLAARVKDSEIQGEQFDLSDKM EDLMSELAASEAMHSNVKPVNLAGLGSVSSVILNSKNPVFRGLGLRLLLENAQGGSYQGK- TA</p> <p>SILSNLNANIIRSAEKNRYNDGFSMFIKDNRLRAIDFLNPAVTRDFNNTAIARGIPD DTPRGVKMAAEGADKLDKALDIRKQAGEAGFEDIKAAKDYMPVIYDGIKRVTEAINKLGS NEAVIALLSKGYQTGKYGLGKKAADALARVQLLRASDSTLSGRVAFDRVISQQQQAQLIE DLKAKVDPDHIIDNFIETELKEMAESISNRAKASMGINTQAEYNGMKVQDLLNTNVEI VENYTKAAGGAALASMGFPTRQAVYNAIDAGERAGRNMVGSDAKAIKQL- RAEADMLRDS</p> <p>VRLIYGNTIDADPNISGIVRGTRRVRELTLLRLGQMGFAQLPELARAISKMGLGTVLKSI PATRFLRSRAGREGGTAQGLLEPELREMEELIGYIGEDNWLTGWNIRHDEFGE- SADNLG</p> <p>RLSAIIDNGLAMGSRVNLWLSGFKAIQGGSEKIVARSINKRLKEHLSGERVLPQKDLDEV GLSADVMKRLKRHFDDNPAYTDYNGQQVRMMNFDAEPDLREIVGVGVRMAGR- LIQRHF</p> <p>IGDEGIWMNKWWGKALTQFKSFSIVSIEKQLIHDLRGDKIQAAQILAWSTLLAYASYATQ MQMQAIGRSDRDKFLKEKFDERNMAFGVFNKMPQVAGFGLGGDALATFGLLPDSLM- NAPS</p> <p>RMGYRSQGFGLVAGAGVIGDAVDVSQAFKYSVGGDDVSTRQLVDKVRRLVPLAN- TIGV</p> <p>GQMTKASVDLLED</p> <p>&gt;Mature_1246_residues</p> <p>NRKLEEQRANDKVMETALENEWAIPAMERALNRSQTEFEPDEGYVVNQETKDELAK- KYGF</p> <p>DVSREILEGVQSEAEIQFKVANAQADLERNQILARNGLKGFQAQMTAALFDPVGVGWSI- SIA</p> <p>GAPVAGAIKLRVGNIAKMATIAGVENAALEAIINQGDYYRDVDDIFMSAGFGVVMGG- TI</p> <p>GAVSRLRAKGRADEGSFDASKADVDGLDVTIKGADEFDVSASKAVREAMEYDAY- MAMRDV</p> <p>APMKAGDFDNTMSVVRHIDNLSNTNVRMSGKEKASLRSEIRNLEQEVATMQGRKVD- DELA</p> <p>EASAKVGAPRNKGERLDDVQKRILARKYDEPIADMTARLEELKVKLARAENVNKAKDEL</p>
----------	---

	<p>KRFTSLTKEQQLKELGLDKPPRRVDMTSAVQQALKEIRSKRAKTPTEQHAEMKAKEEAKV  SDEVPKQRDDTLAARVKDSEIQGEQFDLSDKMEDLMSELASEAMHSNVKPVN-  LAGLGSV  SSVILNSKNPVFRGLRLLENAQGGSYQGKTASILSNLNANIIRSAEKNRYNDGFSMFI  KDNNLRAIDFLNPAVTRDFNNQIYTAIARGIPDDTPRGVKMAAEGGLADKLLKALDIRKQA  GEAGFEDIKAAKDYMPVIYDGIRVTEAINKLSNEAVIALLSKGYQTGKYGLGKKAADAL  ARVQLLRASDSTLSGRVAFDRVISQQQQAQLIEDLKKAKVPDHIIDNFIEGTELKEMAES  ISNRAKASMGINTQAEYNGMKVQDLLNTNVGEIVENYTKAAGGAALASMGFPTRQA-  VYN  AIDAGERAGRNMVGSDAKAIKQLRAEADMLRDSVRLIYGNTIDADPNSGIVRGTRRVREL  TLLRLGQMGAQLPELARAISKMGLGTVLKSIPATRFLLSRAGREGGTAQGKLEPELR  EMEELIGYIGEDNWLTGWNIRHDEFGESADNLGRLSAIIDNGLAMGSRVNLWLSGF-  KAIQ  GGSEKIVARSINKRLKEHLSGERVLPQKDLDEVGLSADVMKRLKRHFDDNPAYT-  DYNGQQ  VRMMNFDAMEPDLREIVGVGVRMAGRLIQRHFIFGDEGIWMNKWWGKALTQFKSF-  SIVSI  EKQLIHDLRGDKIQAAQILAWSTLLAYASYATQMOMQAIGRSDRDKFLKEKFDERN-  MAFG  VFNKMPQVAGFGLGGDALATFGLLPDSL MNAPS RMGYRSQGFGLVAGAGVIG-  DAVDVSQ  AFAKYVSGDDDSTRQLVDKVRRLVPLANTIGVGQMTKASVDLLED</p>
No. of Amino Acids	Translated: 1273 ; Mature: 1246
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 3.6 %Met (Translated) 3.6 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 3.6 %Met (Mature) 3.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 139869 ; Mature: 136847
Theoretical pI	Translated: 6.85 ; Mature: 7.07
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available

Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available

Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

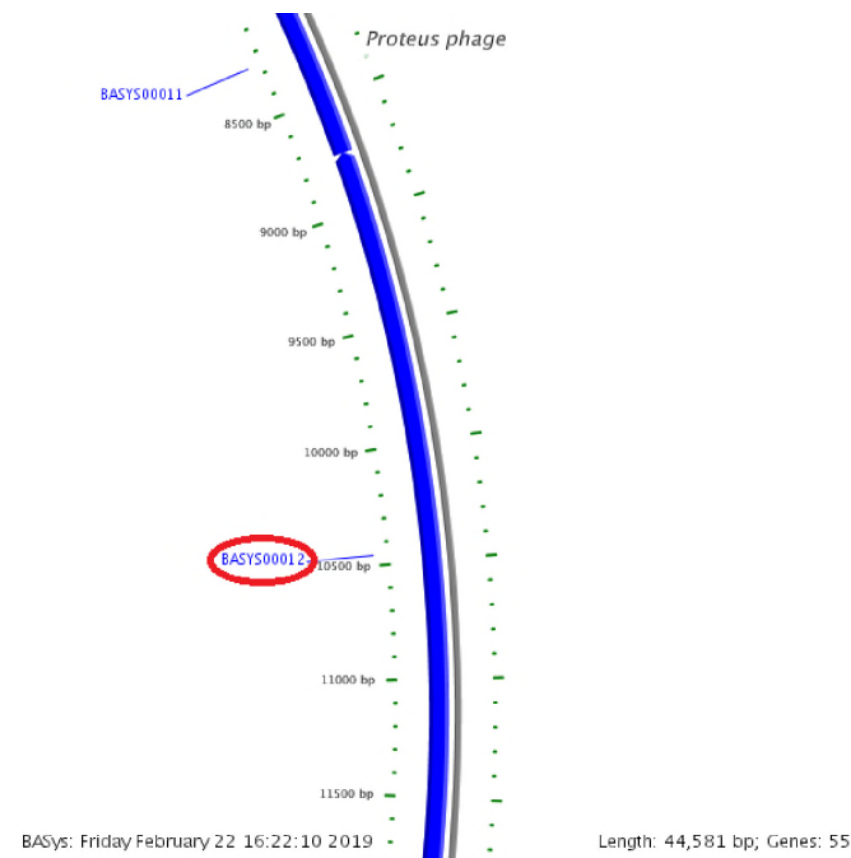


Рисунок 92 - Локализация BASYS00012 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

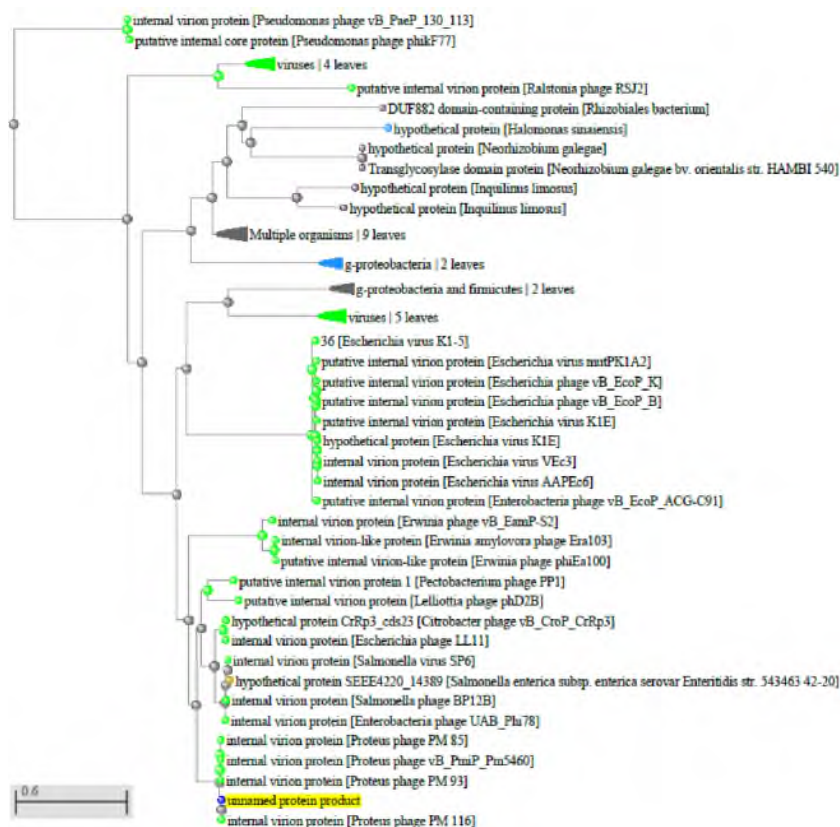


Рисунок 93 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00012 бактериофага Pr 4 - УГСХА

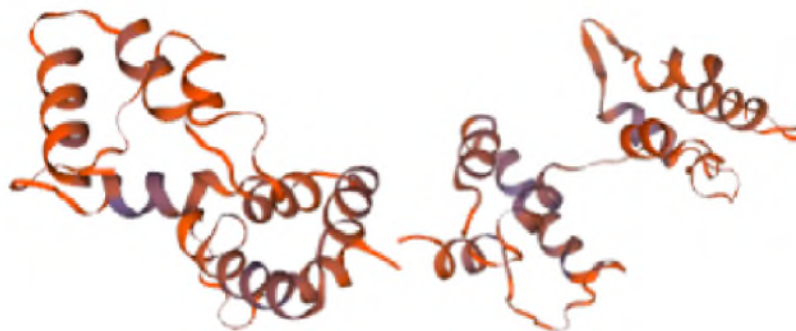


Рисунок 94 - Конформационная структура BASYS00012 бактериофага Pr 4 - УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00013**

Таблица 88 - Данные о протеине BASYS00013 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:5:32 GMT
Entry ID	BASYS00013.1
Accession No.	BASYS00013
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	15578-12627 (Counterclockwise)
Centisome Position	34.94
Gene Name	BASYS00013
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cagatattggtaagaacttgagtaaatcttactttgagtctagacctgcacgaagtacaa taggtatgcttaaagggtgtaaactaaataaggagtaat
Gene Sequence	atggctattgaaagaagtgaggtacaaggcctgcaaccagtgaaccaacaggtgttact cgtggctctgctacctcaacaatacaagttggtacacctgcttgacctagtaaatct tcttctgactgaccttaagtcagcaggtgccttcgctaaggttggcaccgacatt atgaatcaggcagttgaagatgataaggttagacaatatgacctgctatgcaaggttta ctaccatctgatgatgcaactcgtgggtgactcgtgctcatatgcttgtaacattacag aatgatgttgtttcacagacaacttatctctctgatgaagctaagcgtttccaaggtaca gatgaggaatgggagcaactagttgtagattcacgtaatgggtgtacaggataagttatgg aagcaatatcctgagctacaagggtgaccttgatacaatgaagatggcactaatgctttc atggagcaacaacctaaagatattctctgcaagagcaagtgctaagttacaaagagaagca caagagcgtactgatgcaatgcgctctcgtatcattatggttactgagggtttgtctggt aagccattagatcggcactacatcagctcaactgaagctattactatgcaattgact aagcctgaatatgaggagttggttgcaaatagcaatggagcgtgcatctattggtgat ggtactttagttgatggtactaagtctctaaagatgcacaagggtttccttatatgag cgcaatggtaaaactcatgactgctgagatatcagctaaccgtacatgggaggctcagaat caggtaacattattccagaagaagattcagcaatcaaagcttatgaggcaggagagtta agtaagtctgagatgctacagattatggaaaatcataacagaatgtctggtggtactgct



	<p> tggctgatagtgaaatcaatcactatgtgataaagtagcaaaacaacatgctgataat  gcaaatctacaagacttattagcgagaggtactgggtgcatctccttgggattacaggat  atctcagagaaagaccgtaagacttatgcagaagctattatgggtgtgtacactaaatta  gcagaagatgagattgctgactgggtgctcaagggaagaagcagaagctatccgtgga  cgttatgagcaaatgcgttatatgaaattaggtcaacagttaatcaaagaccctaatac  aaagctcgttatgactcattgatgcagatgtcctctgtaacctagctgatgaaagta  gaaccagaagcattacagacattgatgagggctagagattcaataccagaagatgaaga  cgtgcagtcatgggtgatgaagagtatgcctctgtagagaactatgacttcgctactcgc  attggtatgaacacagctcagtctattgagtttctcaacgtgcttctcgtagtaagaat  cttcaggtagtggtataaaagagtttaagtgaagaagtagagagcgttgtgatagtgta  gctggtagtagtggttaacactaggtgataacatgagtgatgctggacgtgacattatg  ttagatgatgcaatgaatgttgctcgtgatgaaagttgcaggttaatacaataataca  atcaaacgtcacttagaatcttcttaagactcaatatacacaatggcagagggcttc  tcaatcaagggtgacttgtagctgggtgatccgtggattaggagacactatagataca  ggtaacaatacagaagatacagcaagagctttacgtttgtacatggataagtacaagcaa  gagctacttgatgcatctggggccttgaagagaagacctattctatgatgtggatg  aaacgtggtatgtttgtatacgcgggtggctccgctcaaataccactaacacaggctatg  cctttatctatatacaaggtaacaactcttcaagaagattcaatgctaaagtttaag  gagcgagaagatgctaagaaagcttttgaggaacagcagttatctcgttttgctatggc  gctatggctaggggagactacctaagctaaagcacctactgctcaagaagtagcagct  atgggtatctctaactcttagtatctgatggtttcaagaaggcgtatgttgcctact  aactttgagtttgatataagaagaataacgcagacttcattaactatgtagctaagaca  gagaatggagataatgtaggtcttgataaggttgctggtgattcactccttacaagat  gcacatggtcattccgtcggctacggctcattcatcacaccacaagagaatctaaggt  tacattatgattggtgatgagaaagttcctttgaagatgggcgttctgagttaacacca  gagcgagcaatgcgactgcttgagcaggacttaagaacatatacctactacatctgac  tggaaggtccattgatgagatgcaccctacagtgcagaggggtatcatggatttaaca  tataacctaggtaaagggtatcagtaaatcacctcgtgctcttgctcattcaaagct  ggaaactttggtgatgggttatagagatgtagccactcatctacagaaggtaaacgt  agtggggcctttggcaagaagagcaagtgcttataacatggctatgggtaagattta  cctaagatacagaagtagaagtaaggaagatggttctatgtatgtaagtttagccgt  gcatttgtaagatgatcagtgcaagtaactgaatcgtagataaagatggctgg  ctacaagttattctgctaaggaaggcagtctacattcatctaccagatgggtaagatt  aagattaactag </p>
GC Content [Percent]	41.02
Preceding Gene	BASYS00012
Following Gene	BASYS00014
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available

Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00013
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_983_residues</p> <p>MAIERSEVQGLQPVTGTRGSATSTIQVGTPLDRSKSSFVTDLLSAAGAFKVGTDI  MNQAVEDDKVRQYDRAMQGLLPSDDATRGGTRAHMLVQLQNDVVSQTTYLS-  DEAKRFQGT  DEEWEQLVVDSRNGVQDKLWKQYPELQGDLDTMKMTNMFMEQQPKIFSARA-  SAKLQREA  QERTDAMRSRIIMVTEGLSGKPLDAALHQLQREAITMQLTKPEYEELVAQIAMERASIGD  GTLVDGTKSLKDAQVSLYERNGLMATAEISANRTWAAQNQVTLFQKKDSAIKAYEA-  GEL  SKSEMLQIMENHNRMMSGGTAWSDSEIKSLFDKQVAKQHADNANLQDLLARGT-  GASPLGLQD  ISEKDRKTYAEAIMGVYTKLAEDEIARTGAQGEEAEAIRGRYEQMRYMMLGQQLIKDPNI  KARYDSLMQMSSANLADMKVEPEALQTLMRARDSIPEDARRAVMGDEEYAFVENYD-  FATR  IGMNTAQSIEFAQRASRSKNLSGKSVIKELSEEVESVVDVSVAGGSWLTLDNMSDVGR-  DIM  LDDAMNVARVMKVAGNNNTIKRHLESFLKTQYTQMAEGFFNQGVLRGDIRGLGD-  TIDT  GNNTEDTARALRLYMDKYKQELLDASGGLEEKDLFYDVMKRGMFVIRGGSAQIPLT-  QAM  PLSYIKGQQLQEDYNAKVKEREDAKKAFEEQQLSRFGYGAMARGDYLKAKAPTAQE-  VAR  MGISNFLVSDGFKEGASLPTNFEFGYKKNADFINYVAKTENGDNVGLDKVAGVFT-  PYKD  AHGHSVGYGHFITPQEKSNGYIMIGDEKVPFEDGRSELTPERAMRLEQLDKKHIPTTSD  WKVPFDEMHTVQRGIMDLTYNLGKGGISKSPRALASFKAGNFGDGFIEMLATS-  STEGKR  SGLLARRASAYNMAMGKDLPKITEVEVKEDGSMYVKFSRAFGKDDISASNLN-  RIDKDGW  LQVYSAKEGSLHSSTRVGKIKIN</p> <p>&gt;Mature_982_residues</p> <p>AIERSEVQGLQPVTGTRGSATSTIQVGTPLDRSKSSFVTDLLSAAGAFKVGTDIM  NQAVEDDKVRQYDRAMQGLLPSDDATRGGTRAHMLVQLQNDVVSQTTYLS-  DEAKRFQGT  EEWEQLVVDSRNGVQDKLWKQYPELQGDLDTMKMTNMFMEQQPKIFSARASAKLQ-  REQ  ERTDAMRSRIIMVTEGLSGKPLDAALHQLQREAITMQLTKPEYEELVAQIAMERASIGDG  TLVDGTKSLKDAQVSLYERNGLMATAEISANRTWAAQNQVTLFQKKDSAIKAYEA-  GELS  KSEMLQIMENHNRMMSGGTAWSDSEIKSLFDKQVAKQHADNANLQDLLARGT-</p>

	<p>GASPLGLQDI  SEKDRKTYAEAIMGVYTKLAEDEIARTGAQGEEAEAIRGRYEQMRYMKLGQQLIKDPNIK  ARYDSLQMSSANLADMKVEPEALQTLMRARDSIPEDARRAVMGDEEYAFVENYD-  FATRI  GMNTAQSIIEFAQRASRSKNLSGSGVIKELSEEVESVVDVSVAGGSWLTLDGNMSDVGR-  DIML  DDAMNVARVMKVAGNNNTIKRHLESFLKTQYTQMAEGFFNQGVLRGDIRGLGD-  TIDTG  NNTEDTARALRLYMDKYKQELLDASGGLEEKDLFYDVMKRGMFVIRGGSAQIPLT-  QAMP  LSYIKGQQLQEDYNAKVKEREDAKKAFEEQQLSRFGYGAMARGDYLKAKAPTAQE-  VARM  GISNFLVSDGFKEGASLPTNFEFGYKKNADFINYVAKTENGDNVGLDKVAGVFTPYKDA  HGHSVGYGHFITPQEKSNGYIMIGDEKVPFEDGRSELTPERAMRLEQDLKKHIPTTSDW  KVPFDEMHPVQRGIMDLTYNLGKGGISPRALASFKAGNFGDGFIEMLATSSTEGKRS  GLLARRASAYNMAMGKDLPKITEVEVKEDGSMYVKFSRAFGKDDISASNLN-  RIDKDGWL  QVYSAKEGSLHSSTRVGKIKIN</p>
No. of Amino Acids	Translated: 983 ; Mature: 982
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 4.4 %Met (Translated) 4.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 4.3 %Met (Mature) 4.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 108927 ; Mature: 108796
Theoretical pI	Translated: 5.38 ; Mature: 5.38
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available

PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available

Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



Рисунок 95 - Локализация BASYS00013 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

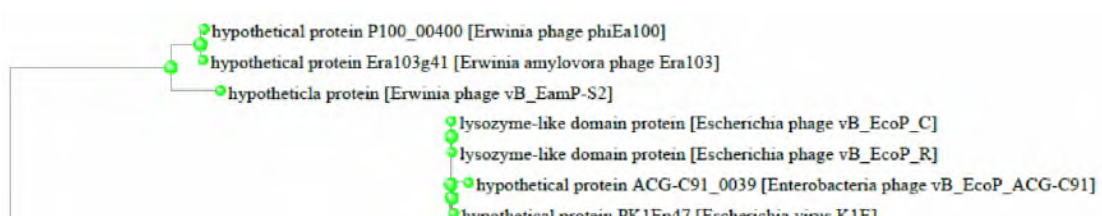


Рисунок 96 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00013 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 97 - Конформационная структура BASYS00013 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00014**

Таблица 89 - Данные о протеине BASYS00014 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:6:33 GMT
Entry ID	BASYS00014.1
Accession No.	BASYS00014
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	16264-15587 (Counterclockwise)

	entisome Position	36 .4 8
Gene Name	BASYS00014	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases tagatgttggtaccgcattattgccaaggctcctacatacattacagcttagagatatag aatgggaaggtacgtacaatcctagtaaacggagggttta	
Gene Sequence	atggcaattgtaggagcaacaactgcggctcttgtagcagtggtgctatgtcttctgca atgagttggttaggtggcagtagctgctggcttctctaactctggtttggctatgggt ggctcacttttgggtgggcttaccagtttccttgatgggtggcactgaggcagaagcctta gcagaggcacaaggagcaatggaaacaacaatgattaacactcgtgagcaatataga caactagctgatatggagcgagttgctaataaagaccatcacgagcagataatgcagaat caaatatcactactacagcaacaaggacaagtagaattattagcagtgcatctgttact ggtggtgcttctatctcatctatgtaggtgacttagcaggacaagctggaagaaaccaa gcacagttaatagataactatgagagaacacagcaaggtttatcaaccaagctaaggca atacaaaactgggtgcaaatgactatgcaacagtttaacaaccttctgcatttagttct cttgtgctggcttgggaagtgcagctaccttatttgcaatttcagatattggttaag aacttgagtaaatcttactttgagtctagacctgcacgaagtacaataggtatgcttaa ggtggtaaactaaataa	
GC Content [Percent]	42.33	
Preceding Gene	BASYS00013	
Following Gene	BASYS00015	
Operon Status	Not Available	
Operon Components	Not Available	
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00014	
Alternate Protein Names	Not Available	
Sequence	>Translated_225_residues MAIVGATTAALGSSGAMSSAMSWLGGSTAGFSNSGLLAMGGSLLGGLTSFLDGGTEA-	

	<p>EAL  AEAQREQWKQQMINTREQYRQLADMERVANKDHHEQIMQIQISLLQQQGQVELLA-  GASGT  GGASISSMLGDLAQAGRNQAQLIDNYERTQQGFQINQAKAIQTGGQMTMQQFNKP-  SAFSS  LVSGLSAATSYLQFADIGKNLSKSYFESRPARSTIGMLKGGKLK  &gt;Mature_196_residues  GFSNSGILLAMGGSLGGLTSFLDGGTEAEALAEAQREQWKQQMINTREQYRQLAD-  MERSVA  NKDHHEQIMQIQISLLQQQGQVELLAGASGTGGASISSMLGDLAQAGRNQAQLID-  NYER  TQQGFQINQAKAIQTGGQMTMQQFNKPSAFSSLVSGLSAATSYLQFADIGKNLSKSYFES  RPARSTIGMLKGGKLK</p>
No. of Amino Acids	Translated: 225 ; Mature: 196
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 4.9 %Met (Translated) 4.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 4.1 %Met (Mature) 4.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 23624 ; Mature: 20997
Theoretical pI	Translated: 8.89 ; Mature: 8.89
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown



Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available

Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



Рисунок 98 - Локализация BASYS00014 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

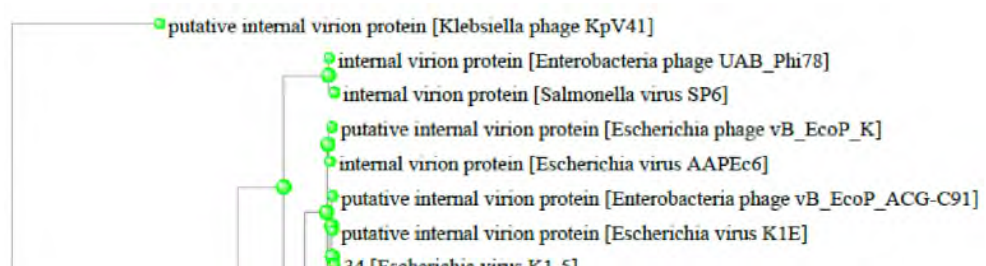


Рисунок 99 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00014 бактериофага Pr 4 - УГСХА

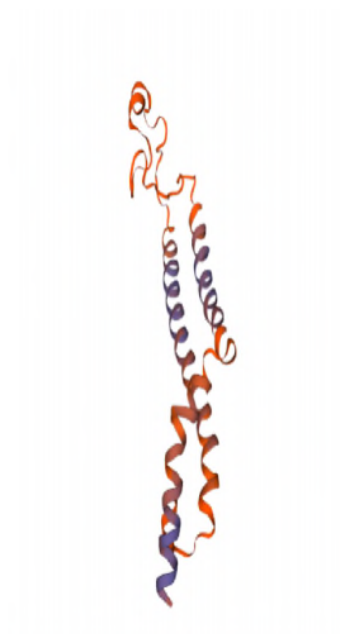


Рисунок 100 - Конформационная структура BASYS00014 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00015**

Таблица 90 - Данные о протеине BASYS00015 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:6:53 GMT
Entry ID	BASYS00015.1
Accession No.	BASYS00015
SWISS PROT (AC and ID)	Not
Other Databases	Not Available
Gene Position	17477-17578 (Clockwise)
Centisome Position	39.20
Gene Name	BASYS00015

avail-  
able

Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttgagatttatcagaaaacaatactgtgtcacccatcaagtgttacagcatgtttcaattg atatacttcactagcatctgagaatgcatcaaaagggtca
Gene Sequence	gtgtcaattgaagatactacagtgaatcggaagaagtcaagaagcgagatgtacgtga gatatcaccgcctctcctgctgttacacagaatctatttga
GC Content [Percent]	41.18
Preceding Gene	BASYS00014
Following Gene	BASYS00016
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00015
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_33_residues MSIEDTTVNRKKSKKRDVRVDITASPAVTQNLF >Mature_32_residues SIEDTTVNRKKSKKRDVRVDITASPAVTQNLF
No. of Amino Acids	Translated: 33 ; Mature: 32
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 3.0 %Met (Translated) 3.0 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 3749 ; Mature: 3618
Theoretical pI	Translated: 10.78 ; Mature: 10.78
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available

Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

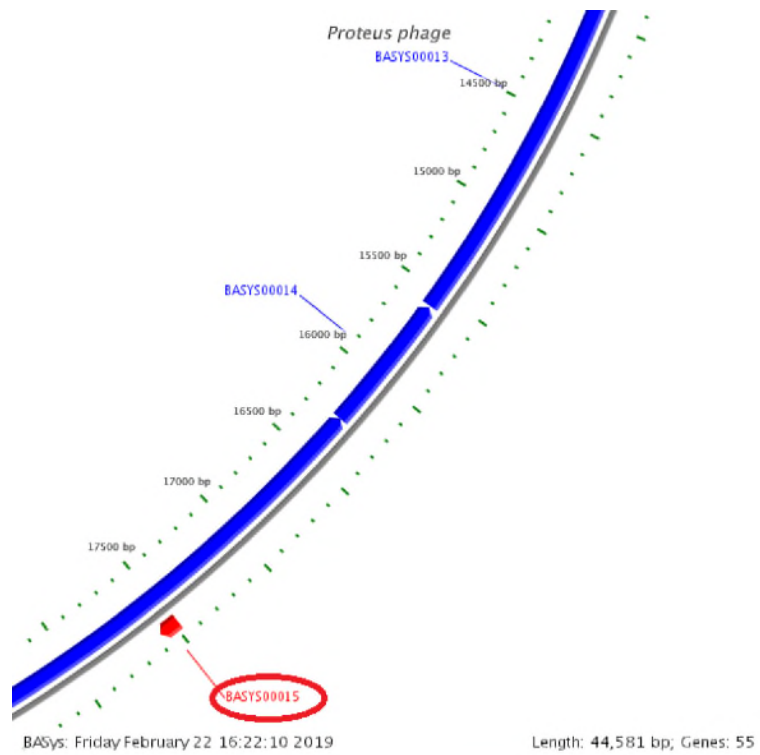


Рисунок 101 - Локализация BASYS00015 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

**BASYS00016**

Таблица 91 - Данные о протеине BASYS00016 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:7:5 GMT
Entry ID	BASYS00016.1
Accession No.	BASYS0001
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	18729-16264 (Counterclockwise)
Centisome Position	42.01
Gene Name	BASYS00016
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttagatgtacaaagtgaacagtcagcacaacgcagacacaacatgtagtacacaatcca acacagcgtatgtttggtattatggctggcggttctaata
Gene Sequence	atgttctgctttcttacaacccttacgacaattatccacctagacctggaggtaat atggaagtacaaggttctttagggagacagatacaaggtatcacacaacaaccctgct gtgcgctagaaggtcaatgtactgatatggtaatatggttctgatgtagttgatgga acaagaccagaatgggttctaagcatatagccaagttaatggaaagtggtacagatgat atggctacgcatcattacagaagaggtgatggtgatgaagagtatttctttattatgaag aaaggagctatactcgcatctttgataaaaaggacgtgagtgatggttcaatctcaa gatgcacctatgacctctttgagggttgaatccccgtgaagatgtgcagtttatg actattgctgatgaacctttgtacttaatagacgtaaggttgtaaagcaagagatgag aagtcacctaaagtcggtgcaacctctctgtatattgtgcttttggtcagtatggtact aagtatgagattatcatcaatggtgaagtgagcagctagtatactacacaagacggtgca gaagcttatcatgtatcttctattcgtacagagaacatagcagaacaattatttaacagc

	<p>ttacaacagtgggataaagtttctcaatatgttgtaaacagagatggactgttatcatt  atcactaaaaagacgggtgataactataaccataacaaccagtgatggcgctaaaggt  aaagacttgggtgctattaataataaagtagcatctactgatttattaccatcaagagca  ccagaaggtataaagtcaagtggtgctactggtagtaaaccagaatcaaggtactgg  ttagaggctgagaagcaagaaggttaacttgggtcatggaaagaaactataggtgcagat  gttacttggtttgataaaggaacaatgccgtacattatagaacgtataggctttaat  gaaggtattgctcagtttaagataaggcaaggtgattgggaagatagaagcgttgggtgat  gatttaactaacctatgccatctttatagatgaagaagtaccacagactttagtggt  atgtttatggttcaaatagattctgtgtaacagcaggagaggcgggtgatctacacgt  acatctcgcttcttgacttctccgattcactgtagtatctcaattgacactgaccc  tttgatgcattctcagatgctagtgaaagtatacaattgaaacatgctgtaacacttgat  ggtgacacagattgtttctgataaatctcaattcactatggcaggtgacaagccactc  actaagagtaatgtaatgctcagacctgttaccaccttgaagtagacaacagagttaag  ccagtagttacaggtgattctgttatgtttgctacaagtgaaggggcttactctggata  cgtgagttttatacagactcatacagtgataccaagaaagcacaacatcacaagccat  gttaacaaactacttcaaggtaatatcactcacatgattgctagtacaatatcaatcgt  gtctttgttattactgataaagataagaatgttgatatgcttatgattggttggcaa  ggaaccgagaaggtacaatctgcttggcatcgttgggttccctgataacacaaaagtg  agagccttattctattctagtgaatattgtatgctctgatggaaagaggtgacactggt  ttattcttagaagctttgacttaggagatgcactgccagaaggactacaagatagagtc  agattagacagacaagttaaggtgactttaaatgacctgctaataatgatgtagggaa  tcatcaccattaccttatgatgttgataatgccacaatgtagagtgtgtattacttcaa  ggtcatgaaggttatgttgggtgctctttctatttacgtatgaaccagagacaagaaga  ttgtatactaagttgacatgaatgatgagaatgcaatgtctgtggcatatgttggttat  gtgtactcagttgattgaacctacaccagttgttatcaaagataatcaggaacgtgtg  tcttatatagatgtacctactgttgggttgggtcaccttaacttctgattgtaccctgat  ttcaaagtgctattaagaatattcgtagtggcaaagtaagatatgcacttgccttctaat  agaagaggtggtgctagaacaacgttgttgggttatgtgaaacctctgatggtgtcttt  aagtttctgtgagagcaaagagtatagatgttgtgtaccgcattattgccaaggctcct  catacattacagcttagagatagaaatgggaaggtacgtacaatcctagtaaaccggagg  gtttaa</p>
GC Content [Percent]	38.28
Preceding Gene	BASYS00015
Following Gene	BASYS00017
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Tail Tubular Protein B



Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_821_residues  MFLSLTTLTIIHLDLGGNMEVQGSLGRQIQGITQQPPAV-  RLEGQCTDMVNMVDPDVG  TKTRMGSKHIAKLMESGDDMATHHYRRGDGDEEYFFIMKKGAIPRI-  FDKKGRECMVQSQ  DAPMTYFAEVVNPREDVQFMTIADVTFVLNRRKVKARDEKSPKVGATSLVYCAFG-  QYGT  KYEIIIINGEVAASYTTQDGAEAYHVSSIRTENIAEQLFNSLQQWDKVSQYVVNRDGTVII  ITKKDGDNTYTITSDGAKGKDLVAIKYKVASTDLLPSRAPEGYKVQVWPTGSKPESRYW  LEAEKQEGNLVSWKETIGADVTLGFDKGTMPYIIERIGFNEGIAQFKIRQGDWEDRSVGD  DLTNPMPSFIDEEVPQTLGGMFMVQNRFCVTAGEAVISTRTRSRFFDFRFTVSSIDTDP  FDAFSDASEVYQLKHAVTLDGDTVLFSDKSQFTMAGDKPLTKSNVMLRPVTT-  FEVDNRVK  PVVTGDSVMFATSEGAYSGIREFYTDSYSDTKKAQPITSHVNKLLQGNITHMIASTNINR  VFVITDKDKNVVYAYDWLWQGTEKVQSAWHRWVFPDNTKVRALFYSSEILYAL-  MERGDTG  LFLEAFDLGDALPEGLQDRVRLDRQVKVDFKYDHANDVWESSPLPYDVDNAT-  MLECVLLQ  GHEGYVGGSFLLTYEPETRRLYTKFDMNDENAMSVAYVGYVYSVEIEPTPVVIKDN-  QERV  SYIDVPTVGLVHLNLDLYPDFKVSINIRSGKVRYALASNRRGGARNNVVGYVKPSDGVF  KFPVRAKSIDVVYRIIAKAPHTLQLRDIEWEGTYNPSKRRV</p> <p>&gt;Mature_821_residues  MFLSLTTLTIIHLDLGGNMEVQGSLGRQIQGITQQPPAV-  RLEGQCTDMVNMVDPDVG  TKTRMGSKHIAKLMESGDDMATHHYRRGDGDEEYFFIMKKGAIPRI-  FDKKGRECMVQSQ  DAPMTYFAEVVNPREDVQFMTIADVTFVLNRRKVKARDEKSPKVGATSLVYCAFG-  QYGT  KYEIIIINGEVAASYTTQDGAEAYHVSSIRTENIAEQLFNSLQQWDKVSQYVVNRDGTVII  ITKKDGDNTYTITSDGAKGKDLVAIKYKVASTDLLPSRAPEGYKVQVWPTGSKPESRYW  LEAEKQEGNLVSWKETIGADVTLGFDKGTMPYIIERIGFNEGIAQFKIRQGDWEDRSVGD  DLTNPMPSFIDEEVPQTLGGMFMVQNRFCVTAGEAVISTRTRSRFFDFRFTVSSIDTDP  FDAFSDASEVYQLKHAVTLDGDTVLFSDKSQFTMAGDKPLTKSNVMLRPVTT-  FEVDNRVK  PVVTGDSVMFATSEGAYSGIREFYTDSYSDTKKAQPITSHVNKLLQGNITHMIASTNINR  VFVITDKDKNVVYAYDWLWQGTEKVQSAWHRWVFPDNTKVRALFYSSEILYAL-  MERGDTG  LFLEAFDLGDALPEGLQDRVRLDRQVKVDFKYDHANDVWESSPLPYDVDNAT-  MLECVLLQ  GHEGYVGGSFLLTYEPETRRLYTKFDMNDENAMSVAYVGYVYSVEIEPTPVVIKDN-  QERV  SYIDVPTVGLVHLNLDLYPDFKVSINIRSGKVRYALASNRRGGARNNVVGYVKPSDGVF</p>

	KFPVRAKSIDVVYRIIAKAPHTLQLRDIEWEGTYNPSKRRV
No. of Amino Acids	Translated: 821 ; Mature: 821
Cys/Met Content	0.6 %Cys (Translated) 2.8 %Met (Translated) 3.4 %Cys+Met (Translated) 0.6 %Cys (Mature) 2.8 %Met (Mature) 3.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 92578 ; Mature: 92578
Theoretical pI	Translated: 5.42 ; Mature: 5.42
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available

Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available

References	Not Available
------------	---------------

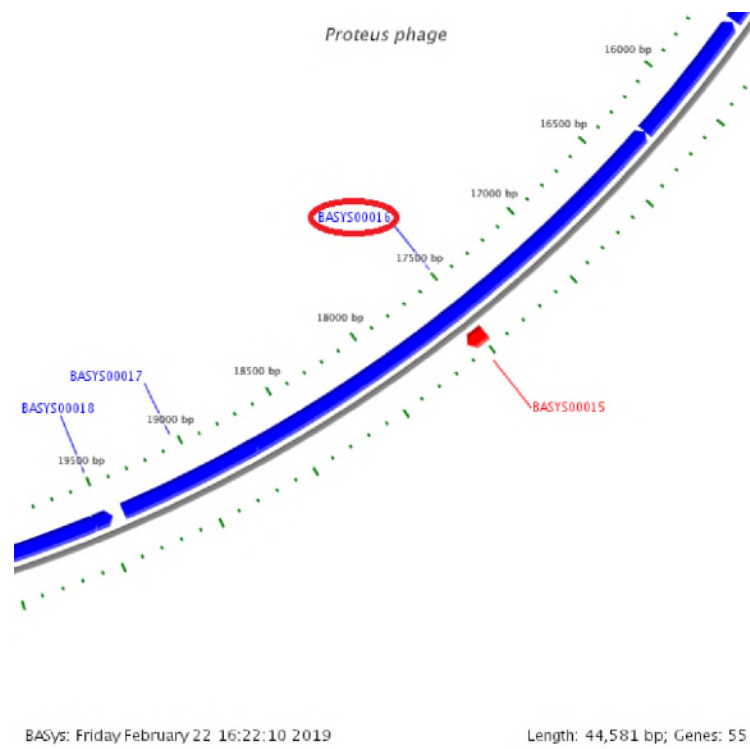


Рисунок 102 - Локализация BASYS00016 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

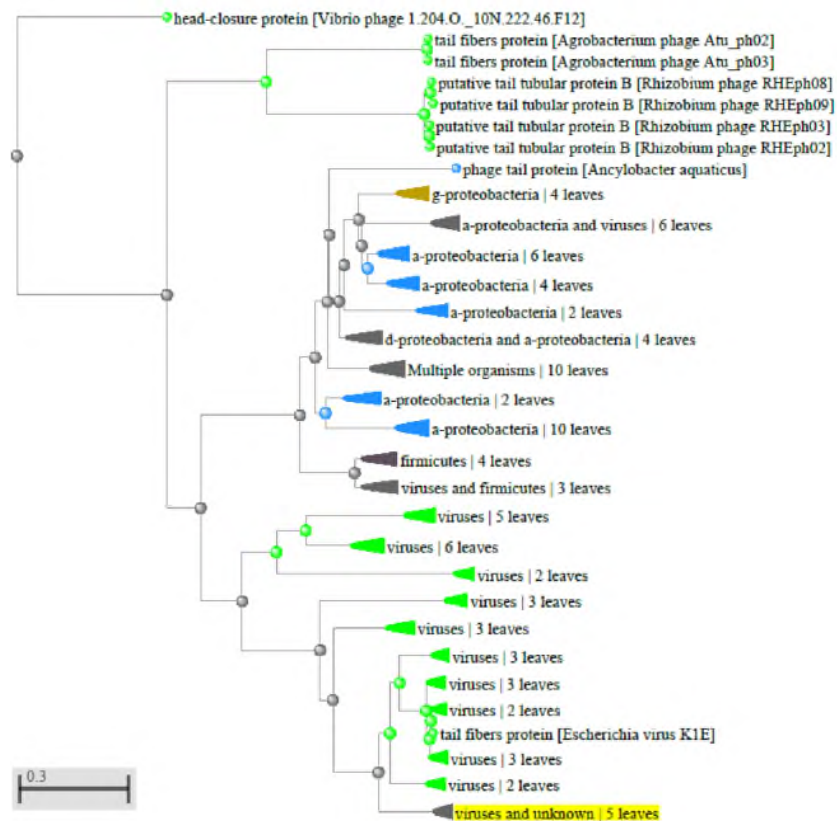


Рисунок 103 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00016 бактериофага Pr 4 – УГСХА



Рисунок 104 - Конформационная структура BASYS00016 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00017**

Таблица 92 - Данные о протеине BASYS00017 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:8:0 GMT
Entry ID	BASYS00017.1
Accession No.	BASYS00017
SWISS PROT (AC and ID)	Not
Other Databases	Not Available
Gene Position	19399-18671 (Counterclockwise)

va  
la-  
bl  
e

Centisome Position	43.52
Gene Name	BASYS00017
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases attgctagtgacatcaaacaactgttatgaagccaacagagtaatacacatgcctgtc tcgtaattcggggcagggttctttgcttaggaggtga
Gene Sequence	atgccaatttcatttgacagtgatgttctgctattatgagtacagcagaatttcaaac atagatacaaaacttgaggctgtaacttatgtatgagctatcggtagagatgggtt gactccttgattcaggtgaccttgatgcagaagatgcaagtaagataattgatattgc tctcaacgtttcagtataaacaagtggtggctgggttcaatcgtgaacctaaactgg aaacttaacctgataactaatgggaagtaacttacctaataactgcttagctgtgtac caatgttatggtttaaataatgacatgaaagtaacatgacacaacgtgcaggtaagctgat tctcttacaggtcacacattgatatgcgtagatagcttaacagagatggcttcatgag cttaccttagttgattgttaccttatgaacattgcctacaactgtaagcaagctatt gcatatcaatcagcagttgaattcattacatctaaagatgcagataagacaaagctaaa gtacatcaaaactattgcacaacaattgttattagatgtacaaagtgaaacagtcagcaca cgagacacaacatgtagtacacaatccaacacagcgtatgttggtattatggctggc ggttcaataatgttctgctttcttacaacccttacgacaattatccacctagacct tggaggtaa
GC Content [Percent]	37.59
Preceding Gene	BASYS00016
Following Gene	BASYS00018
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00017
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_242_residues MPISFSDVSAIMSTAEFQIIDTKLEAVNLCMRAIGRDGVDLSGDLDAEDASKIIDIV

	<p>SQRFQYKQGGGWVFNREPNWKLKPDNTNGEVNLPNNCLAVYQCYGLNDMKVNMTO- RAGKLY SLTGHTFDMRRYVNRDGFMSLTLVLLPYEHLPTTVMQAIAYQSAVEFITSKDADKTKLQ VHQIAQQLLDVQSEQSAQRRHNMLVHNPTQRMFGIMAGGSNNVPAFSYNPYD- NYPPRP WR &gt;Mature_241_residues PISFSDVSAIMSTAEFQIIDTKLEAVNLCMRAIGRDGVDSLDSGLDAEDASKIIDIVS QRFQYKQGGGWVFNREPNWKLKPDNTNGEVNLPNNCLAVYQCYGLNDMKVNMTO- RAGKLYS LTGHTFDMRRYVNRDGFMSLTLVLLPYEHLPTTVMQAIAYQSAVEFITSKDADKTKLQV HQIAQQLLDVQSEQSAQRRHNMLVHNPTQRMFGIMAGGSNNVPAFSYNPYD- NYPPRPW R</p>
No. of Amino Acids	Translated: 242 ; Mature: 241
Cys/Met Content	<p>1.2 %Cys (Translated) 4.5 %Met (Translated) 5.8 %Cys+Met (Translated) 1.2 %Cys (Mature) 4.1 %Met (Mature) 5.4 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 27466 ; Mature: 27335
Theoretical pI	Translated: 6.35 ; Mature: 6.35
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown

Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available



Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

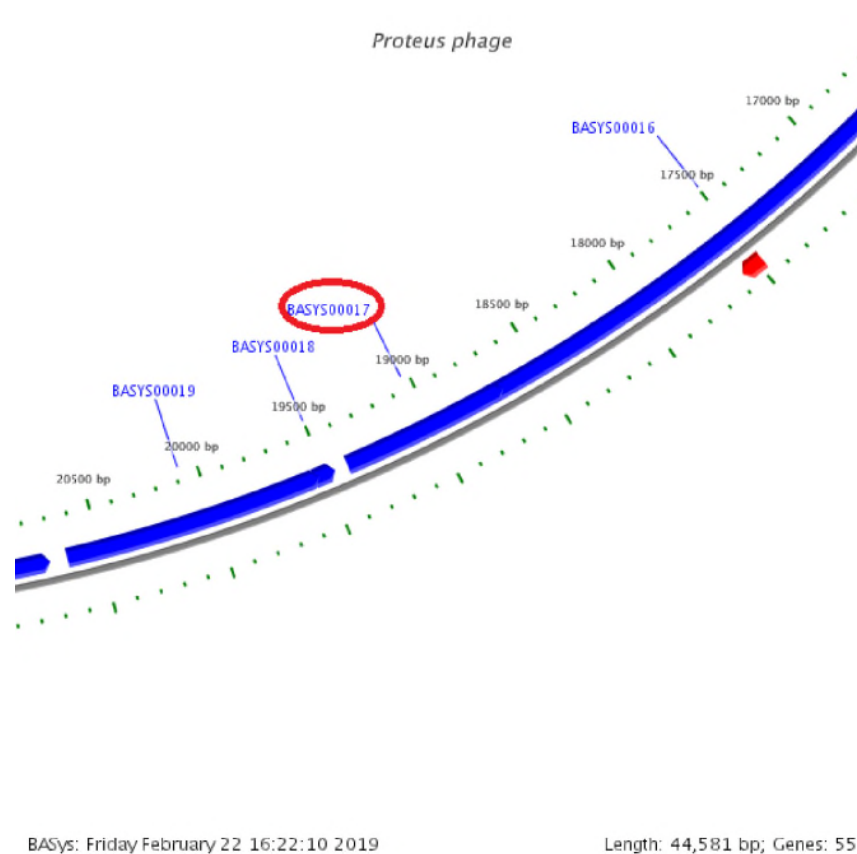


Рисунок 105 - Локализация BASYS00017 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

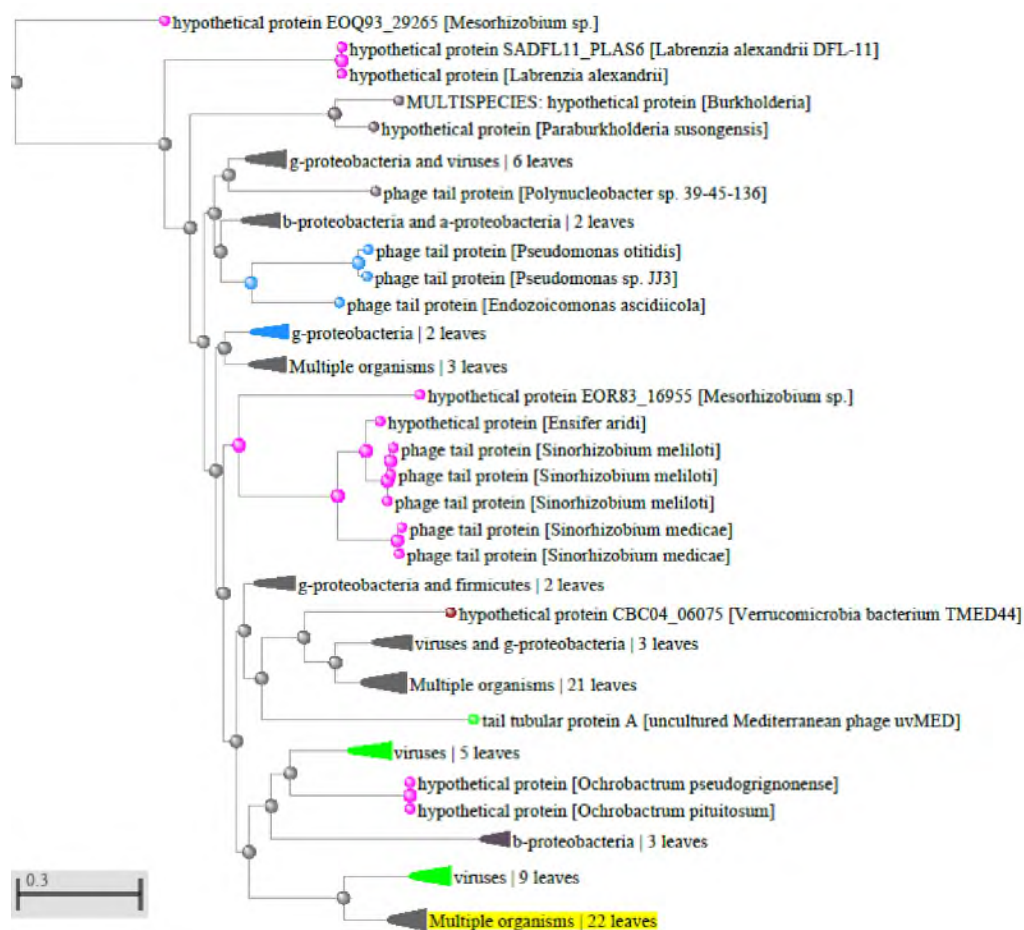


Рисунок 106 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00017 бактериофага Pr 4 - УГСХА

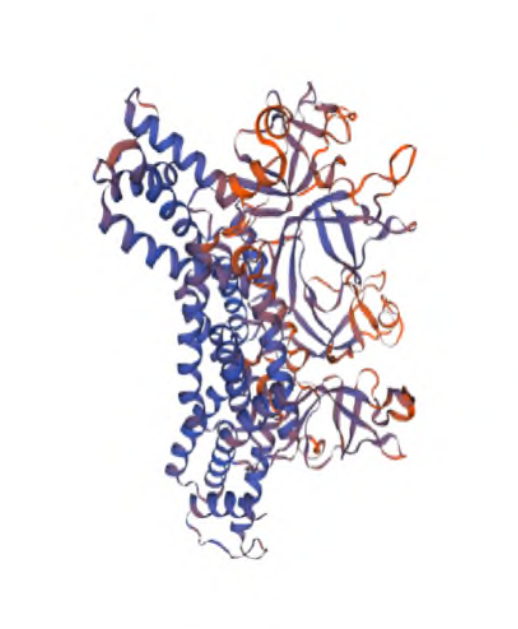


Рисунок 107 - Конформационная структура BASYS00017 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00018**

Таблица 93 - Данные о протеине BASYS00018 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:8:25 GMT	
Entry	D	BASYS00018.1
Accession No.	BASYS00018	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	19550-19455 (Counterclockwise)	
Centisome Position	43.85	
Gene Name	BASYS00018	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases aaacgtgaagttgatggtacagcaagctctcaaggaggaacaaatcatcacacaagtactt aaccgtgctcaacgtaaagctatctacactaagactgtag	
Gene Sequence	gtggtgctgctggcttctgcctgatgatttagtagcggctgttcgtgcagtcattgctagt gacatcaaaactggtatgaagccaacagagtaa	
GC Content [Percent]	46.88	
Preceding Gene	BASYS00017	
Following Gene	BASYS00019	
Operon Status	Not Available	
Operon Components	Not Available	
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00018	
Alternate Protein Names	Not Available	

Sequence	>Translated_31_residues MVLRLLPDDLVAAVRAVIASDIKQTVMKPTE >Mature_31_residues MVLRLLPDDLVAAVRAVIASDIKQTVMKPTE
No. of Amino Acids	Translated: 31 ; Mature: 31
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 6.5 %Met (Translated) 6.5 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 6.5 %Met (Mature) 6.5 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 3394 ; Mature: 3394
Theoretical pI	Translated: 6.62 ; Mature: 6.62
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

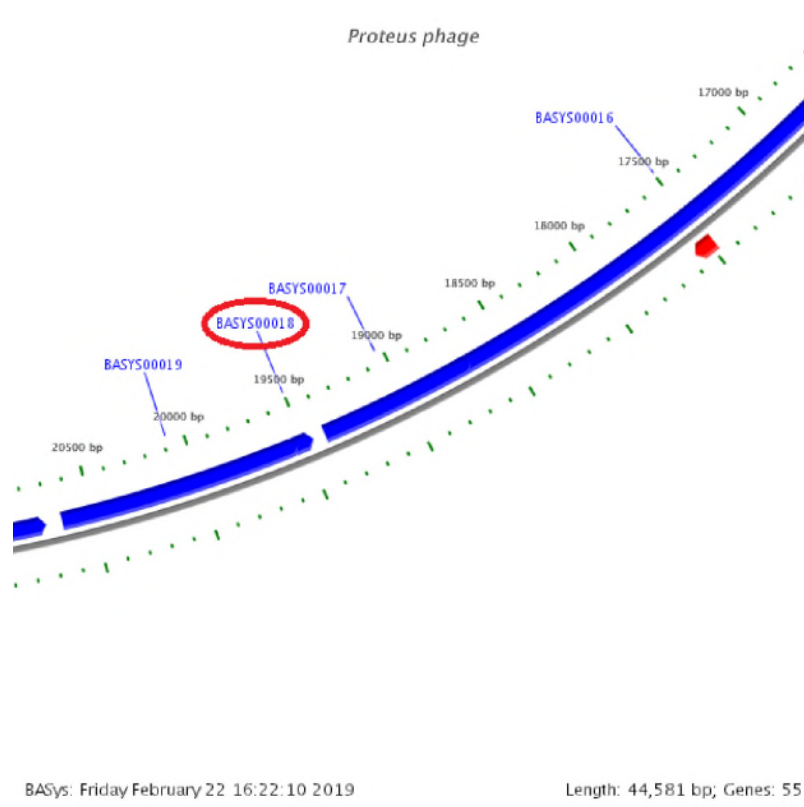


Рисунок 108 - Локализация BASYS00018 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

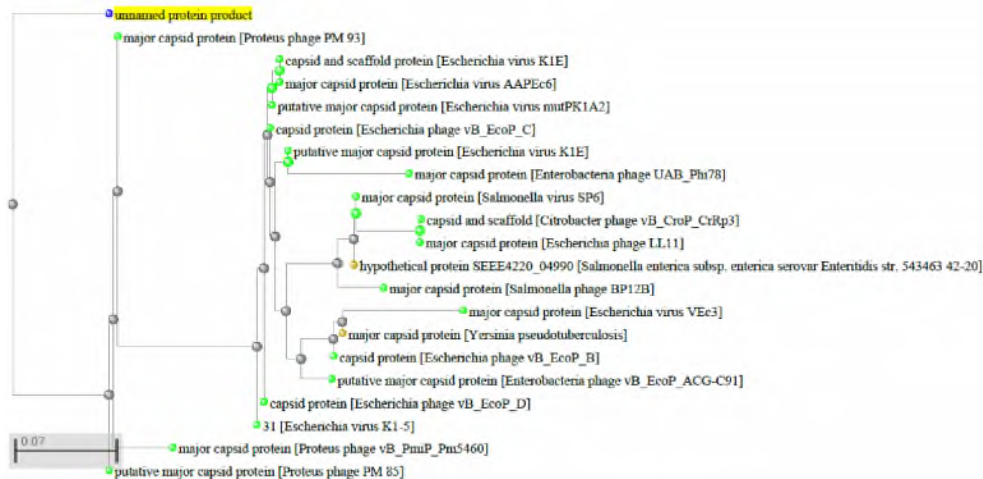


Рисунок 109 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00018 бактериофага Pr 4 - УГСХА

### BASYS00019

Таблица 94 - Данные о протеине BASYS00019 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:8:38 GMT
---------------	-----------------------

Entry ID	BASYS00019.1
Accession No.	BASYS00019
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	20640-19528 (Co
Centisome Position	46.30
Gene Name	BASYS00019
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgtgcaggtatggcgcgaggcctctaattcttaattaaagaccactatagaagggagaaa tcactccctttgttatcaattgattataaggagattac
Gene Sequence	atgagcacacctaataatctgactaatgttgctgtttccgcttctggtaggtggatagc ctactcattgagaaattcaatggtaaggtaatgaacaatacctgaaaggtgagaacatc atgagttatgtatgtacaacagtaacaggtactaatacagtcagcaataaaccta ggtagactgattacaagtgttagctccaggccaatcacctgctgcaactagcactcaa gcagataagaaccaactggtaattgattcaactgtattgccgtaatactgttgctcac ttacatgatgtacaaggcgacattgatagcctgaaacctaactggcagctaaccaagct aaacagttaaaacgtatggaagatgaaatgctgattcagcaaatgattcttgggtgcttg tctaacacagacgttaagcgtctaagcctcgcgttaaaggctatggcttctctatcaat attgaggaagtgaaggtaagctttaattaatcctcagtagtaatggcagcagttgag ttggcattagagaacaattagagcaagaagttgatctccgatgttgccatcttaatg ccttgggcttactcaactgcctacgtgatgcagaccgattgtgataagacataact atagccagctcgttgcaactatccaaggcttctgattatcttcttcaactgcctgtt atcccttaaccgtttccctaaattcaagcaagatcagtcacaccactgtgtgctaat gaggataacggttatcgttatgatagtactgctgatgaatgggtgctgttgctgtctg ttacagcagatgcgttattgggtgcttctattgatgtaactggtgatatcttctat gagaagaaagagaagacttattacattgatacctttatgtcagaggggtctatcccagac cgttgggaagctgtgtctgttaccactaaacgtgaagttgatggtacagcaagctct caaggaggaacaatcatacacaagtacttaaccgtgctcaacgtaagctatctacact aagactgtaggtggtgctcggcttctgcctga

nt  
er  
clc  
ck  
wi  
se;

GC Content [Percent]	41.24
Preceding Gene	BASYS00018
Following Gene	BASYS00020
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00019
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_370_residues</p> <p>MSTPNNLTNVAVSASGEVDSLLIEKFNGKVNQYLGKGENIMSYFDVQTVTGTNTVSN-KYL</p> <p>GETDLQVLAPGQSPAATSTQADKNQLVIDSTVIARNTVAHLHDVQGDIDSLKPKLAAN-QA</p> <p>KQLKRMEDEMLIQQMILGGLSNTDVKRSKPRVKGHGFSINIEVSEGEALINPQYVMAA-VE</p> <p>LALEKQLEQVDISDVAILMPWAYFNCLRDADRIVDKTYTISQSGATIQQFVLSFNCPV</p> <p>IPSNRFPKFKQDQSHHLLSNEDNGYRYDSTADMNGAVAVLFTADALLVGRSIDVTGDI-FY</p> <p>EKKEKTYIDTFMSEGAIPDRWEAVSVVTTKREVDGTASSQGGTNHTQVLNRAQR-KAIYT</p> <p>KTVGGAAASA</p> <p>&gt;Mature_369_residues</p> <p>STPNNLTNVAVSASGEVDSLLIEKFNGKVNQYLGKGENIMSYFDVQTVTGTNTVSN-KYLG</p> <p>ETDLQVLAPGQSPAATSTQADKNQLVIDSTVIARNTVAHLHDVQGDIDSLKPKLAAN-QAK</p> <p>QLKRMEDEMLIQQMILGGLSNTDVKRSKPRVKGHGFSINIEVSEGEALINPQYVMAA-VEL</p> <p>ALEKQLEQVDISDVAILMPWAYFNCLRDADRIVDKTYTISQSGATIQQFVLSFNCPVI</p> <p>PSNRFPKFKQDQSHHLLSNEDNGYRYDSTADMNGAVAVLFTADALLVGRSIDVTGDI-FYE</p> <p>KKEKTYIDTFMSEGAIPDRWEAVSVVTTKREVDGTASSQGGTNHTQVLNRAQR-KAIYTK</p> <p>TVGGAAASA</p>



No. of Amino Acids	Translated: 370 ; Mature: 369
Cys/Met Content	0.5 %Cys (Translated) 2.4 %Met (Translated) 3.0 %Cys+Met (Translated) 0.5 %Cys (Mature) 2.2 %Met (Mature) 2.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 40444 ; Mature: 40313
Theoretical pI	Translated: 4.99 ; Mature: 4.99
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

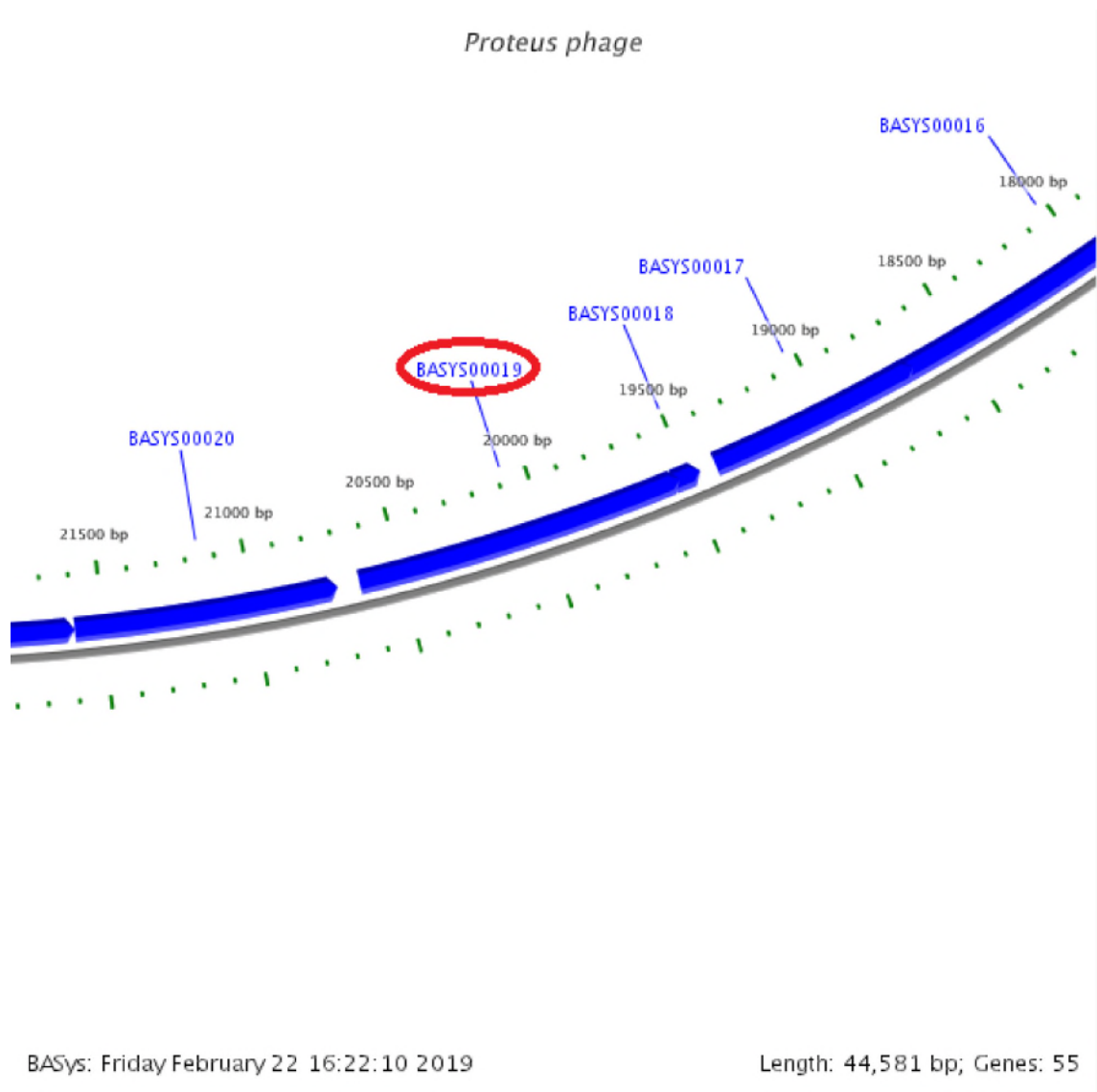


Рисунок 110 - Локализация BASYS00019 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

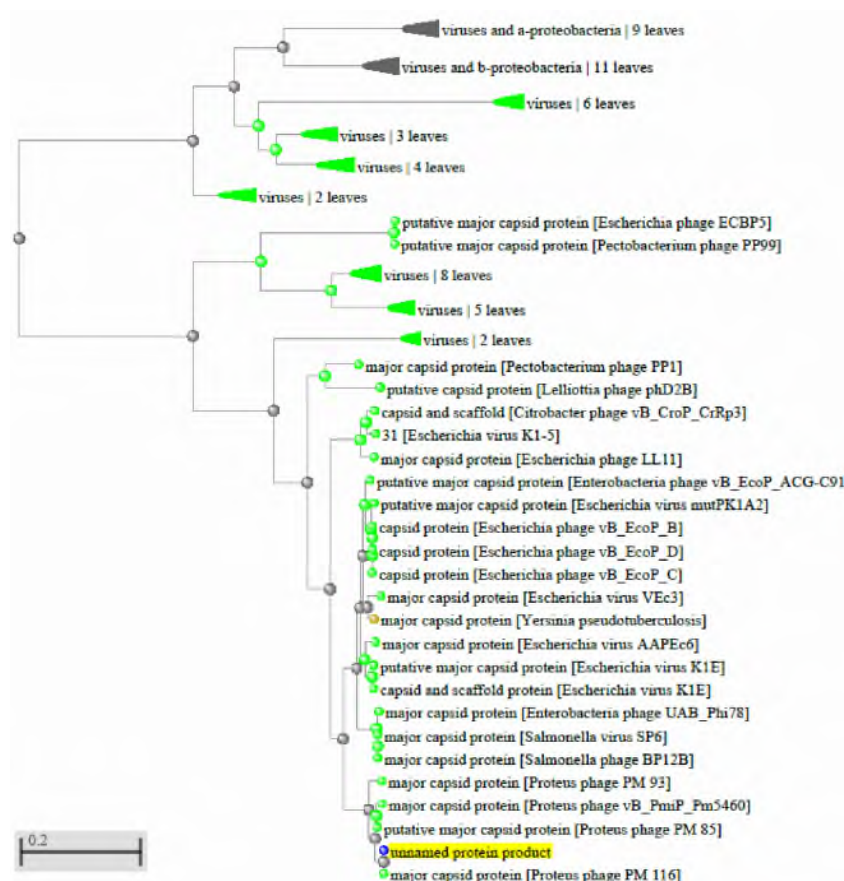


Рисунок 111 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00019 бактериофага Pr 4 - УГСХА

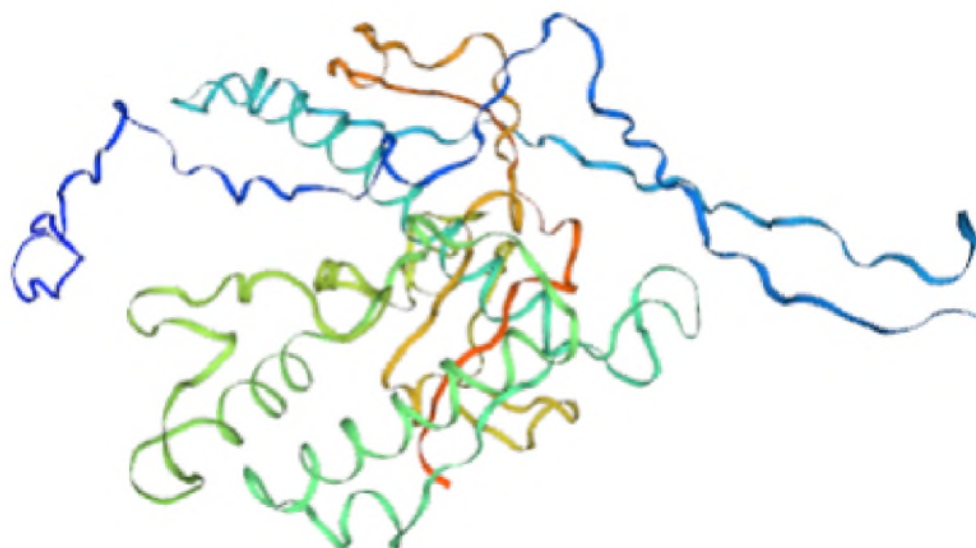


Рисунок 112 - Конформационная структура BASYS00019 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00020**

Таблица 95 - Данные о протеине BASYS00020 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:9:11 GMT	
Entry ID	BASYS00020.1	
Accession No.	BASYS00020	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Datab	ses	Not Available
Gene Position	21595-20714 (Counterclockwise)	
Centisome Position	48.44	
Gene	ame	BASYS00020
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases aggaagctcaattacaagagcagatgcaagagcaacaacttaatcaaggttagctgatt ctattcctaagttagttcagcaaggcttacaggaggctta	
Gene Sequence	atggcttttgaattgtagatacagaaactacacaagacactagtagtacaactaccgaggtt gatactcaggaggtaaaagatgtaataacaatgatagtactgacactgggttctactgat gatgttcaaggtagtccagctccagaaggatgataaaactcgggaggagaagatactgga ggaatggacaagatgataagcaagagcctcaaggagcagaagattcgacatactacttc ggtgggaatgaagtcgaaattgaaattccgcaagatgttgaagaatcgctaaaagagaaa ggcattgatccaaagagctagtagctgagttatactctaagatggcgacttctcttta tctgatgagactaagcagaagttatatgatgcttcggttaagtttgctgttgatgcctat	

	<p>ttgtctggcctaaaagctcagaatgaaatgttcttcatgaatgaagcaactaaggccaaa  gagatggagcaagcaaactctcagcgttcaatgatattgccaaagaagtaggtggtgat  gaaggttggactcgcttagaagagtttgccttatctactttgtcagatgaagagctaaca  gcctttaacgctgttatggattctggttaaccaataccttcaaatgtatgcagtacgtgag  ttggaagctcgccgtaagcaagcacaaggtgatgataaggttgaactggtacaaggtact  cctgcttctgatgaaggagataattctcattgtctgcacaggaatacattcgtgaggtt  tcacagattggttctaagttccttggtagccgtaaaggtgccgcagaatatcaggctaaa  ctagatgctcgtcgtcgtgcaggtatggcgcgaggcctctaa</p>
GC Content [Percent]	42.52
Preceding Gene	BASYS00019
Following Gene	BASYS00021
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00020
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_293_residues  MAFEIVDTETTQDTSTTTEVDTQEVDVNNNDSTDTGSTDDVQGTPEPEGDENS-  GEDTG  GNGQDDKQEPQGAEDSTYYFGGNEVEIEIPQDVEESLKEKGIDAKELVAELYSKDGDFSL  SDETKQKLYDAFGKFAVDAYLSGLKAQNEMFFMNEATKAKEMEQANSQRFNDIA-  KEVGGD  EGWTRLEEFALSTLSDEELTAFNAVMDSGNQYLQMYAVRELEARRKQAQGDD-  KVELVQGT  PASDEGDNPSLSAQEYIREVSQIGSKFLGDRKGAAEYQAKLDARRRAGMARGL  &gt;Mature_292_residues  AFEIVDTETTQDTSTTTEVDTQEVDVNNNDSTDTGSTDDVQGTPEPEGDENS-  GEDTGG  NGQDDKQEPQGAEDSTYYFGGNEVEIEIPQDVEESLKEKGIDAKELVAELYSKDGDFSL  DETKQKLYDAFGKFAVDAYLSGLKAQNEMFFMNEATKAKEMEQANSQRFNDIAKEV-  GDE  GWTRLEEFALSTLSDEELTAFNAVMDSGNQYLQMYAVRELEARRKQAQGDD-  KVELVQGTP  ASDEGDNPSLSAQEYIREVSQIGSKFLGDRKGAAEYQAKLDARRRAGMARGL</p>

No. of Amino Acids	Translated: 293 ; Mature: 292
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.4 %Met (Translated) 2.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.1 %Met (Mature) 2.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 32160 ; Mature: 32029
Theoretical pI	Translated: 3.92 ; Mature: 3.92
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



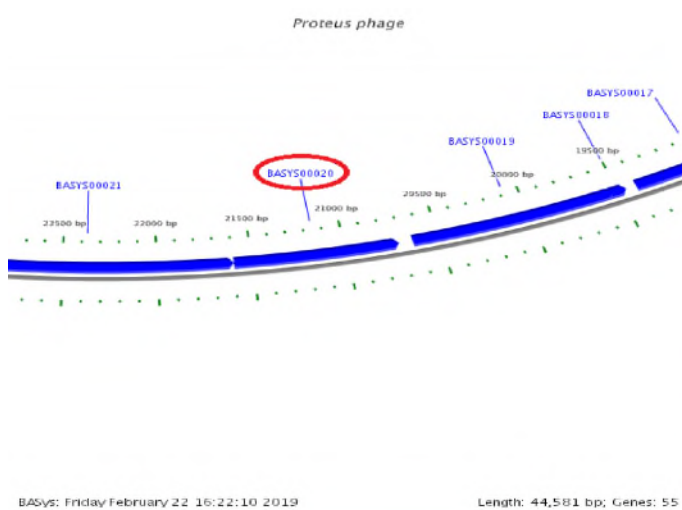


Рисунок 113 - Локализация BASYS00020 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

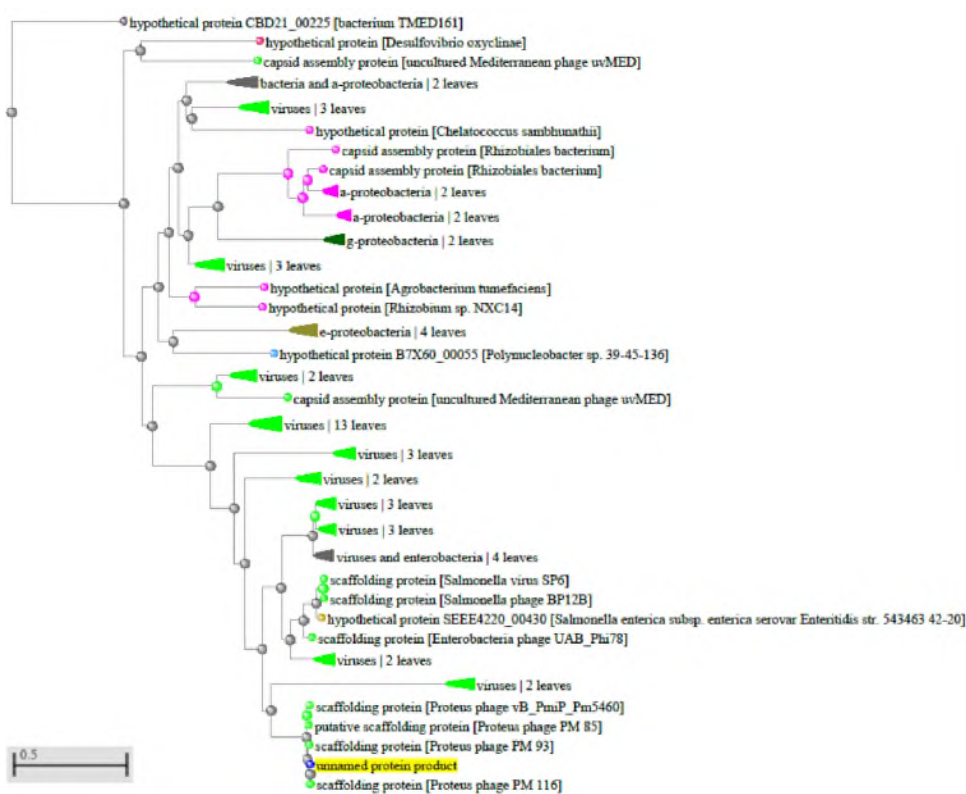


Рисунок 114 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00020 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 115 - Конформационная структура BASYS00020 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00021**

Таблица 96 - Данные о протеине BASYS00021 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:9:41 GMT
Entry ID	BASYS00021.1
Accession No.	BASYS00021
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Po	ition

23  
14  
5-  
21  
59  
5  
(C  
ou  
nt  
er  
clc  
ck  
wi

Centisome Position	51.92
Gene Name	BASYS00021
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gtgccgaagaggtacaactaggtaaagaggaagaaggtggtgctggtgctaaaggtaaac gtgggctagtcgctccagtcgcatctagttgaaagtata
Gene Sequence	atgatacctgaaaatggtagcgcctagctggtaagaaatccaagattcctaagatgtgg gagaagtttgccactaagcgtgggtcattcttagacagagctaaaggctatgctaagtta acgctcccttatctttgaatgaccaaggtgataaacctcatcacagaatgggtggcaa ggtacaggagcacaggcaactaaccacttagcaaataagctggcacaagtgcgtttccct gcacaacgctcattcttcggtgtagacctactgagaaaggtgaagaggcgttatcaaaa ggtggtgtggataaaaccaagcttgaacattattgctaagtagaaaccaatgcaatg aagagtcttagcaaaagacaatttagatctagcatggtagaagcttcaagcatcttatt gtagctgtaactgcttactattcaaacctgagaaaggtaacatctgtgcagttcccatg aatcactatggttgaatcgagatacaagtggttaattacttgacatcattatgttaciaa aagaaagcactacgcaccttgacctgacctgcatggctatagaagttggtatgaaa gtaagaagtgtaaggaagatgatgaagtcaaactgtatacacatgctacactgaaacca gatggtatgtgggaagtctcacagagtctgatgatattcctattggtaaagttagtcgt gttaaagaagagaagttaccattcattgtgcttacatggaacgcttctatggtgaagat tgggggagaccttagctgaggattactcaggtgactatttgttattcagttcttgc gaggcagtggtcacggtgctgcttattggcagacatcaagtacttaataagaccgggt gcacaaacggatatcgaacactttgtacaatctggtacaggtgaggtaatcactggtgtt gaagaggatatccacattgtgaccttgcaagatgacagactttacccaataagcgca gtattagaggtgtacacaagacgcatcgggtgtagtctttatgatggaagccttaacacga agagacgctgagcgtgtcactgctggtgaaatacagcgtgatgcttttagagattgaacia acaatgggtggtgtctattctttattcgccaagacaatgcagacacctattgcaatgtgg ggcttacaggacttaggtagcaactttactactgagctaatagacctgttattgtaaca ggtatagaagcacttgacgcatggctgaattagacaaactgcaaacttcgcacagtat gtagcgttacctgcacaatggcctgagcaagcacaacgtgctattgattggcctaagtac atggattgattcgtggacaaatctgctgagttacctttcctaaaagatgaggagaca atcaagcaggaggaagctcaattacaagagcagatgcaagagcaacaacttaataaggt ttagctgattctattcctaattgtagttcagcaaggcttacaggaggcttaa
GC Content [Percent]	42.42
Preceding Gene	BASYS00020

Following Gene	BASYS00022
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Head--Tail Joining Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_516_residues  MIPENGM TLAGKKS KIPKMWEKFATKRG SFLDRAKGYAKLTL-  PYLLNDQGDNTSSQNGWQ  GTGAQATNHLANKLAQVLFPAQRSFFRVDLTEKGEEALS KGGVDKTKLATLFAKVET-  NAM  KSLEQRQFRSSMVEAFKHLIVAGNCLLFKPEKGNICAVPMNHV VNRDTSGNLLDIIMLQ  KKALRTFDPATRMAIEVGMKGGKCKEDDEVKLYTHATLKP DGMWEVSQSADDI-  PIGK VSR  VKEEKLPFIVLTWKRSYGEDWGRPLAEDYSGDLFVIQFLSEAVARGAALMADIKYLIRPG  AQTDIEHFVQSGTGEVITGVEEDIHIVTLGKYADFTPISAVLEVYTRRIGV VFMMEALTR  RDAERTAVEIQRDALEIEQTMGGVYSLFAKTMQTPIAMWGLQDLG SNFTTELIDP-  VIVT  GIEALGRMAELDKLANFAQYVALPAQWPEQAQRAIDWPKYMDWIRGQISAELPFLK-  DEET  IKQEEAQLQEQMQEQQLNQGLADSIPNVVQQGLQEA</p> <p>&gt;Mature_516_residues  MIPENGM TLAGKKS KIPKMWEKFATKRG SFLDRAKGYAKLTL-  PYLLNDQGDNTSSQNGWQ  GTGAQATNHLANKLAQVLFPAQRSFFRVDLTEKGEEALS KGGVDKTKLATLFAKVET-  NAM  KSLEQRQFRSSMVEAFKHLIVAGNCLLFKPEKGNICAVPMNHV VNRDTSGNLLDIIMLQ  KKALRTFDPATRMAIEVGMKGGKCKEDDEVKLYTHATLKP DGMWEVSQSADDI-  PIGK VSR  VKEEKLPFIVLTWKRSYGEDWGRPLAEDYSGDLFVIQFLSEAVARGAALMADIKYLIRPG  AQTDIEHFVQSGTGEVITGVEEDIHIVTLGKYADFTPISAVLEVYTRRIGV VFMMEALTR  RDAERTAVEIQRDALEIEQTMGGVYSLFAKTMQTPIAMWGLQDLG SNFTTELIDP-  VIVT  GIEALGRMAELDKLANFAQYVALPAQWPEQAQRAIDWPKYMDWIRGQISAELPFLK-  DEET  IKQEEAQLQEQMQEQQLNQGLADSIPNVVQQGLQEA</p>
No. of Amino Acids	Translated: 516 ; Mature: 516

Cys/Met Content	0.6 %Cys (Translated) 3.7 %Met (Translated) 4.3 %Cys+Met (Translated) 0.6 %Cys (Mature) 3.7 %Met (Mature) 4.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 57725 ; Mature: 57725
Theoretical pI	Translated: 5.32 ; Mature: 5.32
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

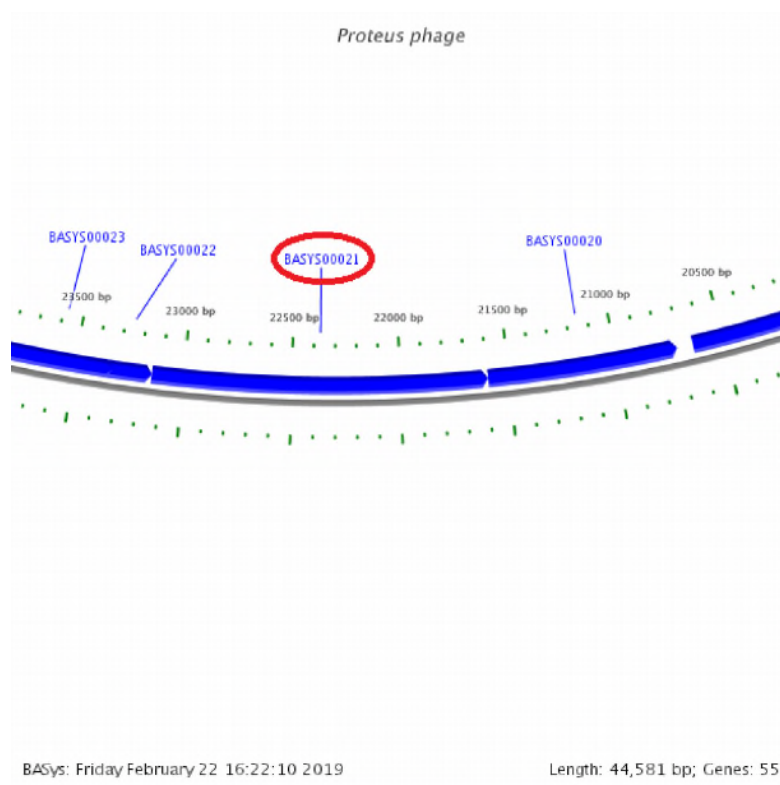


Рисунок 116 - Локализация BASYS00021 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

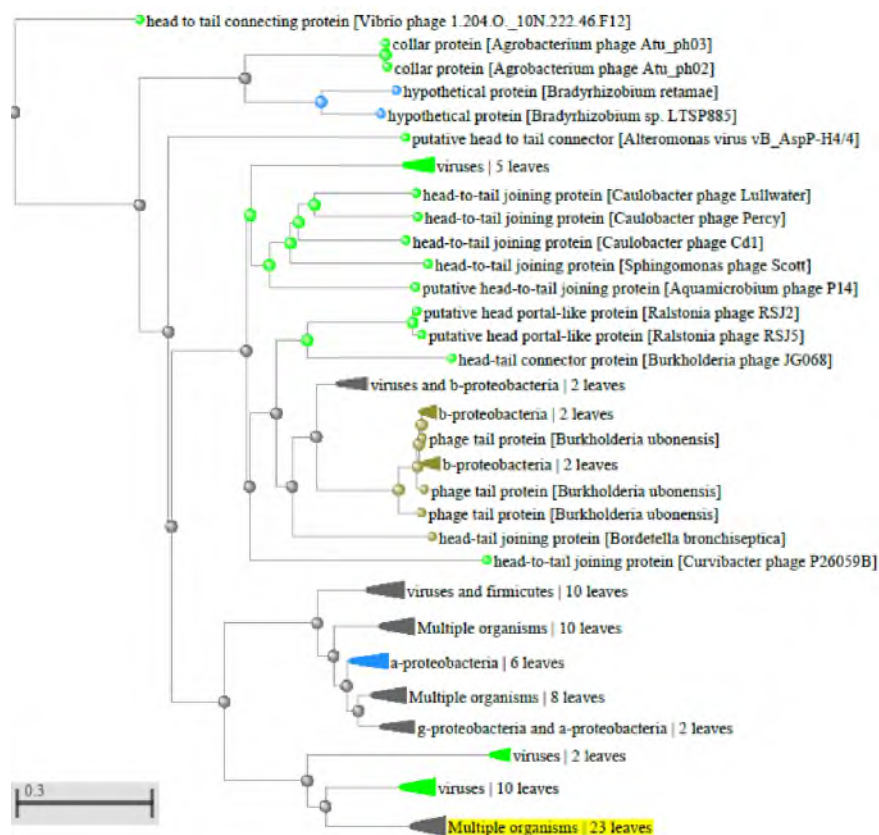


Рисунок 117 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00021 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 118 - Конформационная структура BASYS00021 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00022

Таблица 97 - Данные о протеине BASYS00022 бактериофага Pr 4 - УГСХА

C	Creation Date	20 19 /2 /2 2 16 :1 0: 24 G M T
Entry ID	BASYS00022.1	
Accession No.	BASYS00022	



SWISS PROT (AC and ID)	Not
Other Databases	Not Available
Gene Position	23351-23145 (Counterclockwise)
Centisome Position	52.38
Gene Name	BASYS00022
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases attgcttctgggtattaacgaagagcgtataggtaagatgtatgaacgattaggtttgaa cctttggctcagtatataaccataaggtaaggagtaatc
Gene Sequence	atgggtgtagtaaagaaagcatttaaagcaattgggttagcacaagatgcacctcgtctt gaaaccaaagtacctgctcgtcaattagagcgtcaacaagaagttgggtgccgaagaggta caactaggtaaagaggaagaagggtgctgggtgctaaaggtaaacgtgggctagtcgct ccagtcgcatctagttgaaagtataa
GC Content [Percent]	44.44
Preceding Gene	BASYS00021
Following Gene	BASYS00023
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00022
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_68_residues MGVVKKAFKAIGLAQDAPRLETKVPARQLERQQEVGAEVQLGKEEEGGA- GAKGKRGLVR

va  
ila  
bl  
e

	PVASSLKV >Mature_67_residues GVVKKAFKAIGLAQDAPRLETKV PARQLERQQEVGAEEVQLGKEEEGGA- GAKGKRGLVRP VASSLKV
No. of Amino Acids	Translated: 68 ; Mature: 67
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 1.5 %Met (Translated) 1.5 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7196 ; Mature: 7065
Theoretical pI	Translated: 10.57 ; Mature: 10.57
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

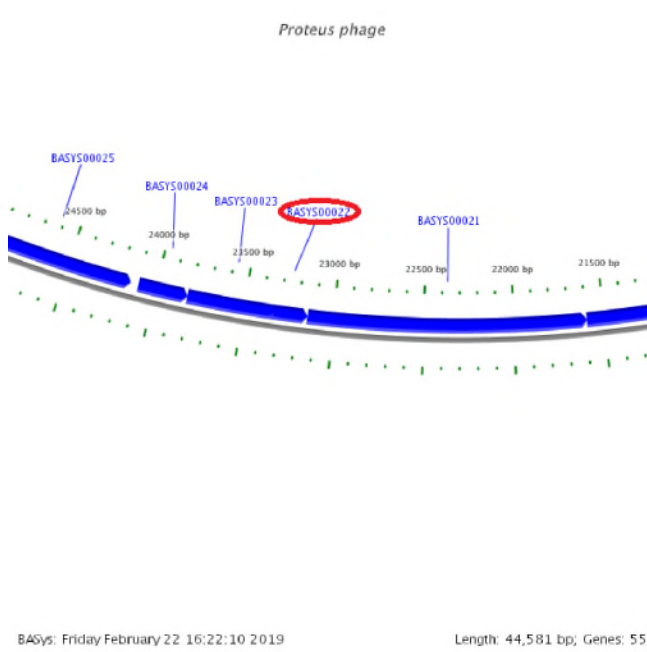


Рисунок 119 - Локализация BASYS00022 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

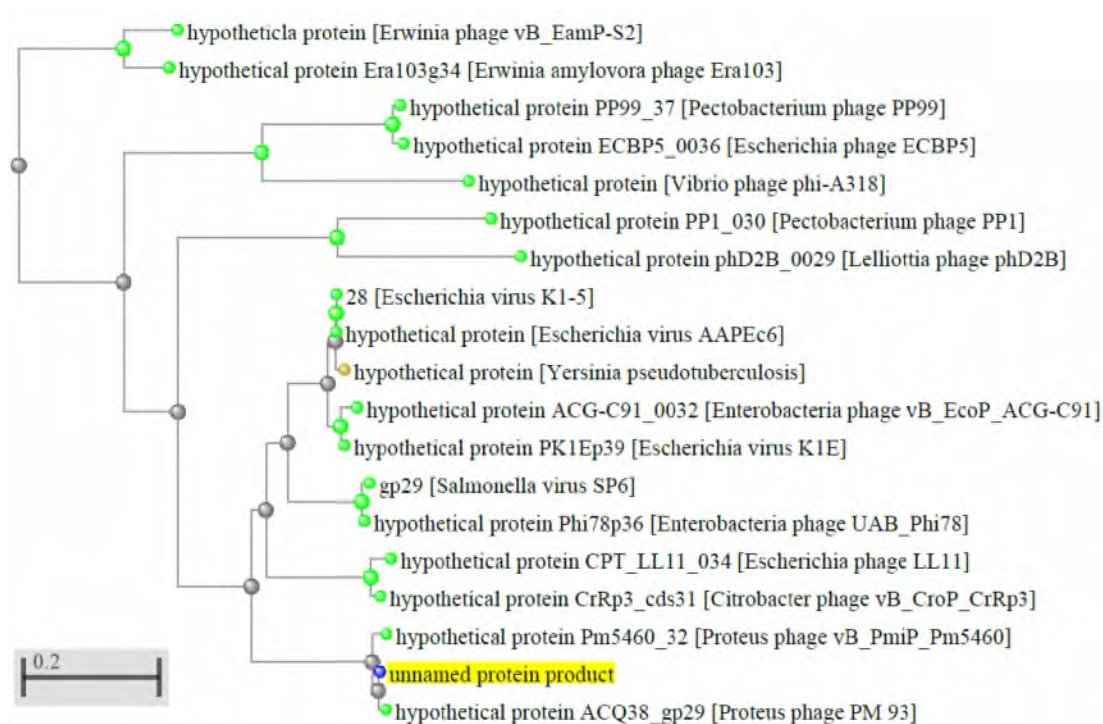


Рисунок 120 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00022 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 121 - Конформационная структура BASYS00022 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00023

Таблица 98 - Данные о протеине BASYS00023 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:10:39 GMT
Entry ID	BASYS00023.1
Accession No.	BASYS00023
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Pos	tion

Centisome Position	53.43
Gene Name	BASYS00023
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cttcacctgctaacaaggcaaaactcatgatgagttagtggtggacgaatgtaagcggat atatcttatcttgattaaacataacttcttgggtgcaata
Gene Sequence	atggtagacctgcaaccttcattgatatacccttcttacttaacttaagtaataggat tgtgaagaagaggtaaagaaaataaaataccactcagccaattggaatgtagatgtgt gctaatgcattctgtatgctggttaatgatgatgataccttcttggcttgggtgtaat gatggagagatagtaggcttcttgggctaccacacatatgatggctccttggatcca gacaaagtagcaagtgattatatcttctatgtgtacctgagaaacgtggaacctgata ggatcatagtctaattaaagcttacaatcttggcgaggtagcaaaaggttcttgaagtt cgcttctattgcttctgttattaacgaagagcgtataggtaagatgtatgaacgatta ggtttgaaccttggctcagtatataaccataaggtaaggagtaacatcagggtgtagt aaagaaagcatttaa
GC Content [Percent]	37.37
Preceding Gene	BASYS00022
Following Gene	BASYS00024
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical _C

Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_164_residues  MVRPATFIDIPFLNLSNRYCEEEVKKIKYHSANWNVDMCA-  NAFCMSVNDDDTFLWLGVN  DGEIVGFLWATTHMMAPWNPDKVASDYIFYVVPEKRGTMIGHSLIKAYKS-  WAESKGCLEV  RLSIASGINEERIGKMYERLGFEPFGSVYNHKVRSNHGCSKESI</p> <p>&gt;Mature_164_residues  MVRPATFIDIPFLNLSNRYCEEEVKKIKYHSANWNVDMCA-  NAFCMSVNDDDTFLWLGVN  DGEIVGFLWATTHMMAPWNPDKVASDYIFYVVPEKRGTMIGHSLIKAYKS-  WAESKGCLEV  RLSIASGINEERIGKMYERLGFEPFGSVYNHKVRSNHGCSKESI</p>
No. of Amino Acids	Translated: 164 ; Mature: 164
Cys/Met Content	3.0 %Cys (Translated) 4.3 %Met (Translated) 7.3 %Cys+Met (Translated) 3.0 %Cys (Mature) 4.3 %Met (Mature) 7.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 18742 ; Mature: 18742
Theoretical pI	Translated: 6.66 ; Mature: 6.66
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available

Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available



Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

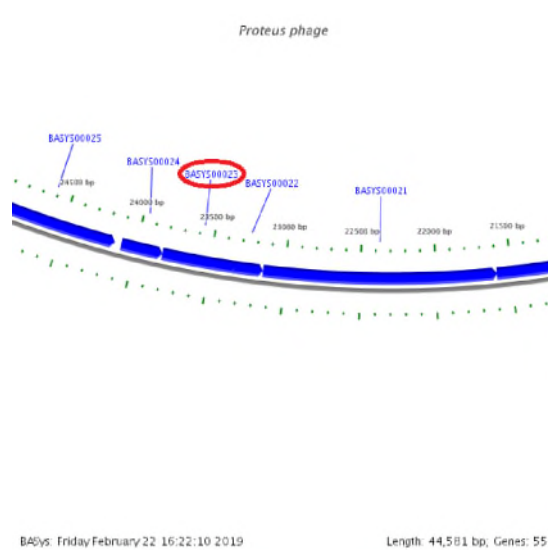


Рисунок 122 - Локализация BASYS00023 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

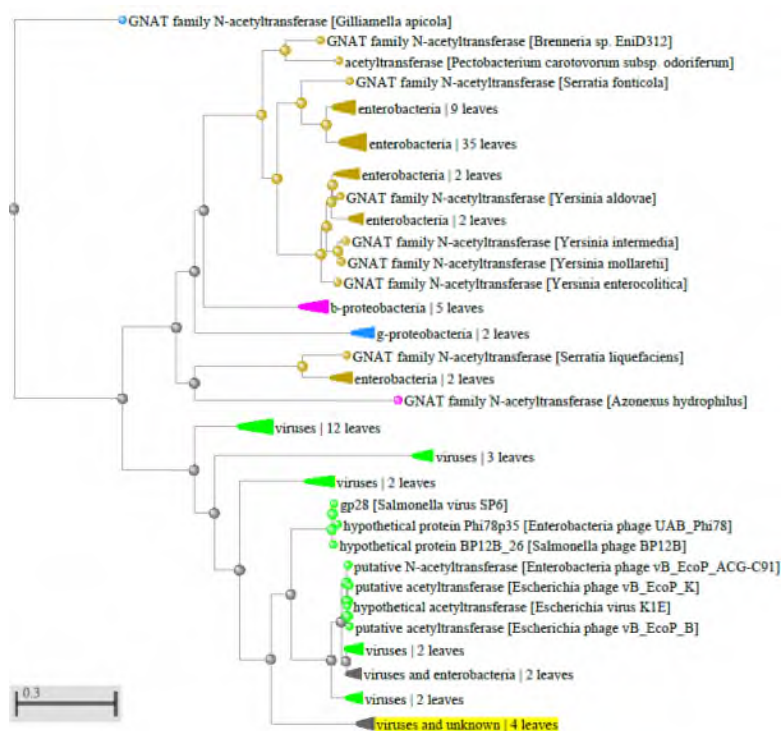


Рисунок 123 -Филогенетическое дерево гомологов BASYS00023 бактериофага Pr 4 - УГСХА

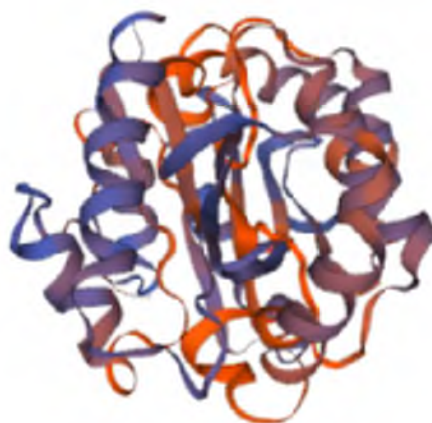


Рисунок 124 - Конформационная структура BASYS00023 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## BASYS00024

Таблица 99 - Данные о протеине BASYS00024 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:10:59 GMT
---------------	------------------------

Entry ID	BASYS00024.1
Accession No.	BASYS00024
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	24098-23820 (Counterclockwise)
Centisome Position	54.06
Gene Name	BASYS00024
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tacgtctgccgaaggtggcgagctacgtcatgataaggagttaccagatgtttgattca atgaaagctaccttggcagtagaaacagccgaggcaatct
Gene Sequence	ttgaaggtttatcttgtgggattgaaccaagccctactttacttgagatgcagaagagt acggtatcaatgtacatgctattcgttctaaagtggaggaactatatggctcaggagaag aagaaaccgactatcaatttgaaggttatgatttattagagaagacaataacttgagct tcacctgctaacaaggcaaaactcatgatgagttagtggtggacgaatgtaagcggat atcttatcttgattaaacataacttcttgggtgcaataa
GC Content [Percent]	37.63
Preceding Gene	BASYS00023
Following Gene	BASYS00025
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00024
Alternate Protein Names	Not Available

Sequence	>Translated_92_residues MKVYLVGLNQALLYLQMOKSTVSMYMLFVLKWRNYMAQEKKKPTINFEGYDLEKTI-LAA SPAKQGKTHDELVWDECKRYILSCIKHNFLVQ >Mature_92_residues MKVYLVGLNQALLYLQMOKSTVSMYMLFVLKWRNYMAQEKKKPTINFEGYDLEKTI-LAA SPAKQGKTHDELVWDECKRYILSCIKHNFLVQ
No. of Amino Acids	Translated: 92 ; Mature: 92
Cys/Met Content	2.2 %Cys (Translated) 5.4 %Met (Translated) 7.6 %Cys+Met (Translated) 2.2 %Cys (Mature) 5.4 %Met (Mature) 7.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10878 ; Mature: 10878
Theoretical pI	Translated: 9.63 ; Mature: 9.63
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available

Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination	10.0

Priority	
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

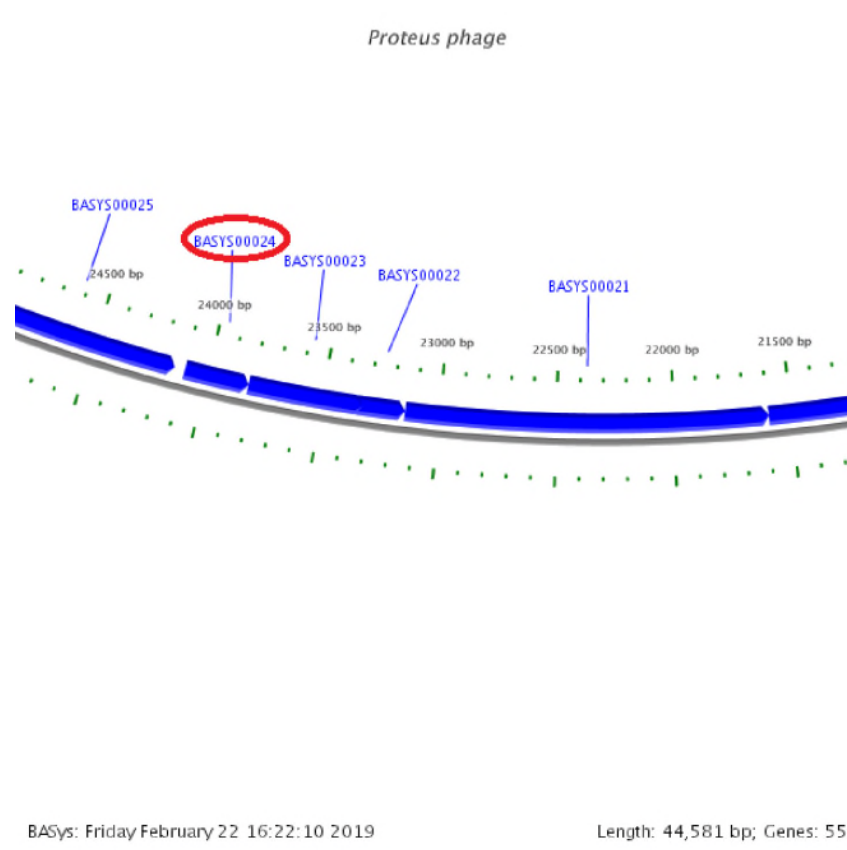


Рисунок 125 - Локализация BASYS00024 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

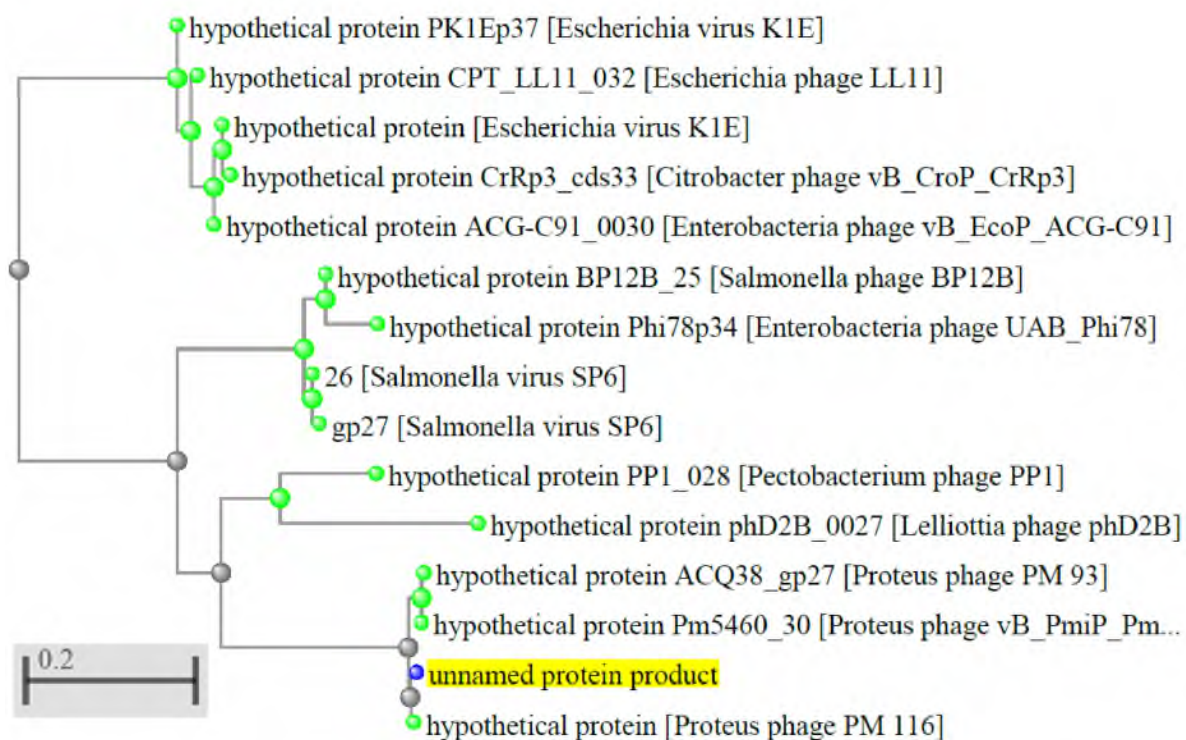


Рисунок 126 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00024 бактериофага Pr 4 - УГСХА

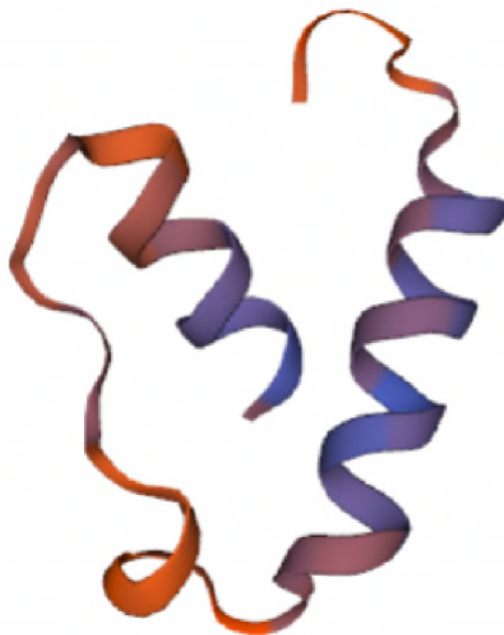


Рисунок 127 - Конформационная структура BASYS00024 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00025**

Таблица 100 - Данные о протеине BASYS00025 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:11:15 GMT
Entry ID	BASYS00025.1
Accession No.	BASYS00025
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	25084-24
Centisome Position	56.27
Gene Name	BASYS00025
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aaatgattgagtgtaaatgcaaacatgaatgggaggttatagagccattattgttctatg atgtgtcgttgactaaatgtggaaggagaaattact
Gene Sequence	gtgaatgtattgaatttctaggacttccagaagaccacagacctaaccagtaatgctt gtgaaacatagagaggaagttccagctagtaagttgacattcctgtgttgctcagggt aaacgtgatggatctttctgccacagtagtacgtgatgggaagtaggtatcttggg cgtactgggttgaaactagctaactgtgagcatctgaagagcagttaaatcattcct gctgggtttatcttggtagttgcagacattatgtcttgcgcacctgaagagttatca gggtagtagcaaccctaaccgcaagcttgaattagatttcatggcaaacaaatcaagat gaattatatattgatttcttgatgctaaactattaagcttctcattgaaggaagact gatacaggttcttgaagagacatgaggcacttacacgccgatcgggaaatcattaag actcagaagagcaacattcttcttacacaactgttggggagaagaaggagtagaagaa tttctcaagagcagattgatgctggctggaaggtgccgtcttcaaggtggactgtgat tatgaagcaggacacaaggttgagacaaaccaagattgttcgcagtgtaacttatgac ttactatgcatcgggtatgaagaaggcaaaggttaagtacaaaggttaagttgcaaactta

43  
(C  
ou  
nt  
er  
cl  
ck  
wi  
se



	gtatttcaatggcataaaggtaagacagtcaaagctatgtaggcaaaggctggactcat gatgatgctgaattaatgtttaaattatacaagaaggtaggcaactacaacctatcggt aagatatttacagttaaagcttgcaagattcaagcaaagtaactacgtctgccgaag gtggcgagctacgtcatgataaggagttaccagatgtttga
GC Content [Percent]	40.23
Preceding Gene	BASYS00024
Following Gene	BASYS00026
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00025
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_313_residues MNVFEFLGLPEDHRPKPVMLVKHREEVPASKLTFPVFAQVKRDGIFSATVVRDGEV- GIFG RTGLKLANVEHLEEQFKSFPAGVYLGELQTLCLAHLEELSGVVNPNRKELEDFHGKQIKD ELYIDFFDMLTIKAFIEGKTDGFLKRHEALRRIGEIIKTQKSNILPYTTCWGEEGVVE FAQEQIDAGREGAVFKVDCDYEAGHKGWRQTKIVRSVTYDLLCIGYEEGKGYKG- KVANL VFQWHKGKTVKAMLGKGWTHDDAELMFKCIQEGGELQPIGKIFTV- KALQDSSKGNLRLPK VGELRHDKELPDV >Mature_313_residues MNVFEFLGLPEDHRPKPVMLVKHREEVPASKLTFPVFAQVKRDGIFSATVVRDGEV- GIFG RTGLKLANVEHLEEQFKSFPAGVYLGELQTLCLAHLEELSGVVNPNRKELEDFHGKQIKD ELYIDFFDMLTIKAFIEGKTDGFLKRHEALRRIGEIIKTQKSNILPYTTCWGEEGVVE FAQEQIDAGREGAVFKVDCDYEAGHKGWRQTKIVRSVTYDLLCIGYEEGKGYKG- KVANL VFQWHKGKTVKAMLGKGWTHDDAELMFKCIQEGGELQPIGKIFTV- KALQDSSKGNLRLPK VGELRHDKELPDV
No. of Amino Acids	Translated: 313 ; Mature: 313

Cys/Met Content	1.6 %Cys (Translated) 1.6 %Met (Translated) 3.2 %Cys+Met (Translated) 1.6 %Cys (Mature) 1.6 %Met (Mature) 3.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 35410 ; Mature: 35410
Theoretical pI	Translated: 7.06 ; Mature: 7.06
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

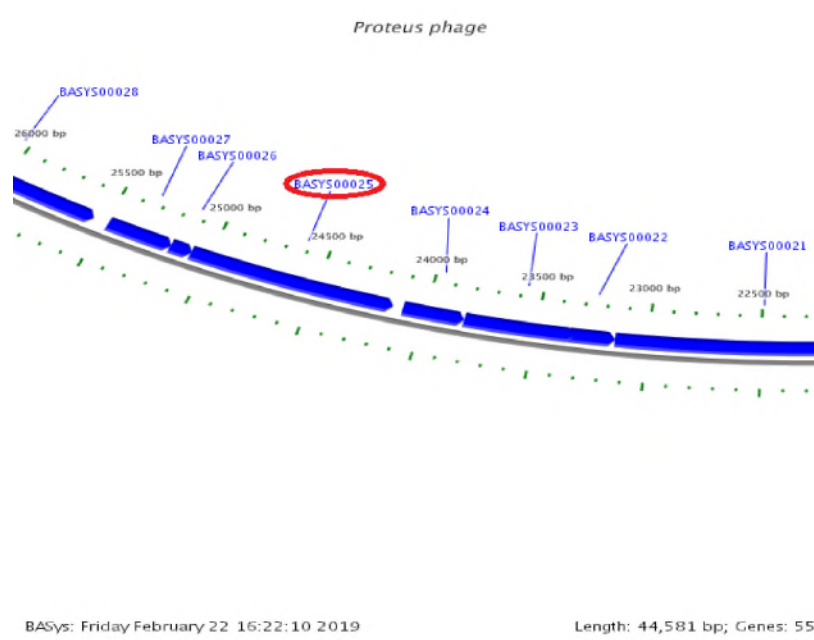


Рисунок 128 - Локализация BASYS00025 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

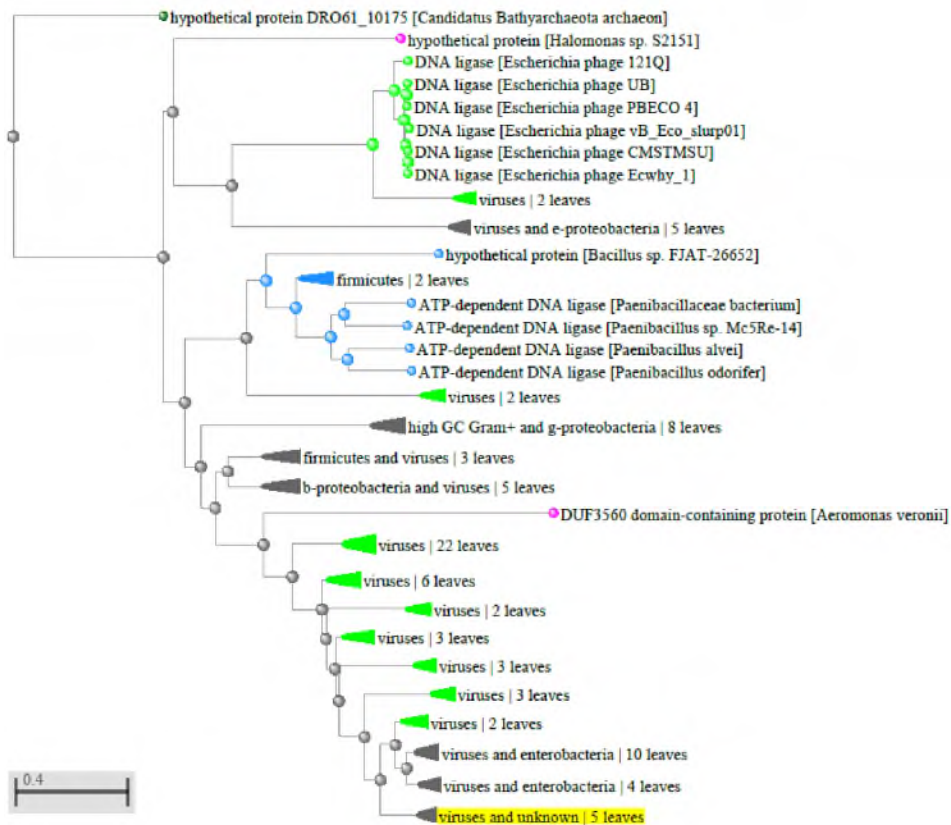


Рисунок 129 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00025 бактериофага Pr 4 - УГСХА

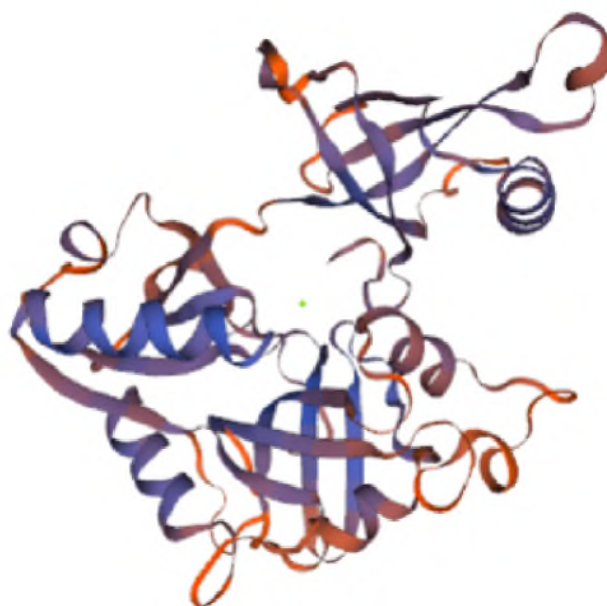


Рисунок 130 - Конформационная структура BASYS00025 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00026**

Таблица 101 - Данные о протеине BASYS00026 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:11:45 GMT	
Entry ID	BASYS00026.1	
Accession No.	BASYS00026	
SWISS PROT (AC and ID)	Not	Available
Other Databases	Not Available	
Gene Position	25182-25081 (Counterclockwise)	
Centisome Position	56.49	
Gene Name	BASYS00026	
Alternate Gene Names	Not Available	

Upstream 100 Bases	>100_bases tacgtgctggtaacaagataagtttagagcaagacattgctaagtctgacttctacgtag agttatacaacaacataaacatttatgtaagggtgcaaa
Gene Sequence	atgattgagtgtaaatagcaaacatgaatgggaggttatagagccattattgttctatgat ttgtgctgttactactaaatgtggtaaggagaaattactgtga
GC Content [Percent]	34.31
Preceding Gene	BASYS00025
Following Gene	BASYS00027
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00026
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_33_residues MIECKCKHEWEVIEPLLFDLCRCKGKEKLL >Mature_33_residues MIECKCKHEWEVIEPLLFDLCRCKGKEKLL
No. of Amino Acids	Translated: 33 ; Mature: 33
Cys/Met Content	15.2 %Cys (Translated) 3.0 %Met (Translated) 18.2 %Cys+Met (Translated) 15.2 %Cys (Mature) 3.0 %Met (Mature) 18.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 4003 ; Mature: 4003
Theoretical pI	Translated: 7.08 ; Mature: 7.08
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available

Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available

Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

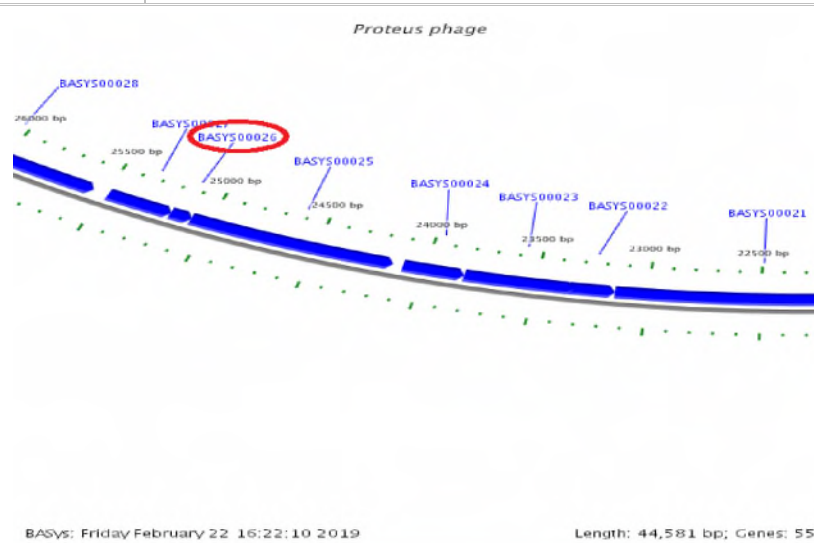


Рисунок 131 - Локализация BASYS00026 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

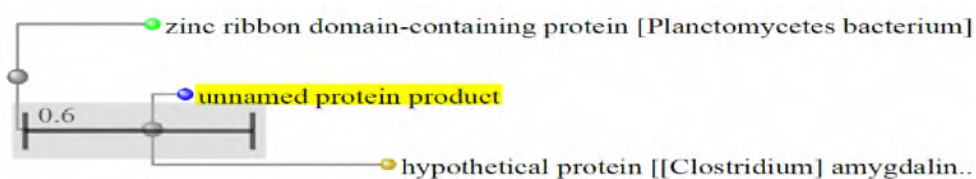


Рисунок 132 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00026 бактериофага Pr 4 - УГСХА





Рисунок 133 - Конформационная структура BASYS00026 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00027**

Таблица 102 - Данные о протеине BASYS00027 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:12:0 GMT
Entry ID	BASYS00027.1
Accession No.	BASYS00027
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	25484-25179 (Counterclockwise)
Centisome Position	57.16
Gene Name	BASYS00027
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases agtgatggtatgtggactgggtttatttaaagaccactatagaacaaagggtagctgaat gttgccttgattgtgtggctaaataaggagtaataa

Gene Sequence	atgattcaagcagcatgggaaaaagaacatggttggaaccagtgtgttcaggctataaaa gaagatagacaaacagatgtggttaaatcaccaagtcattatcaattcttctgatga gaggcaattgaaattattgcatcgtaacacacaagaaggtttcatggttactgtatg ggtaatagattgaaataccgcttacgtgctgtaacaaagataagttagagcaagacatt gctaagtctgacttctacgtagagtatacaacaacataaacatttatgtaagggtgca aatga
GC Content [Percent]	35.95
Preceding Gene	BASYS00026
Following Gene	BASYS00028
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00027
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_101_residues MIQAawekeHGWnqcVQAIKEDRQTDVVKSPSHYQFFPDVEAIEIIASSMTQEGFH- GYCM GNRLKYRLRAGNKDKLEQDIAKSDFVVELYNKHKHLCKGAK >Mature_101_residues MIQAawekeHGWnqcVQAIKEDRQTDVVKSPSHYQFFPDVEAIEIIASSMTQEGFH- GYCM GNRLKYRLRAGNKDKLEQDIAKSDFVVELYNKHKHLCKGAK
No. of Amino Acids	Translated: 101 ; Mature: 101
Cys/Met Content	3.0 %Cys (Translated) 3.0 %Met (Translated) 5.9 %Cys+Met (Translated) 3.0 %Cys (Mature) 3.0 %Met (Mature) 5.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 11778 ; Mature: 11778

Theoretical pI	Translated: 8.08 ; Mature: 8.08
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available

EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*

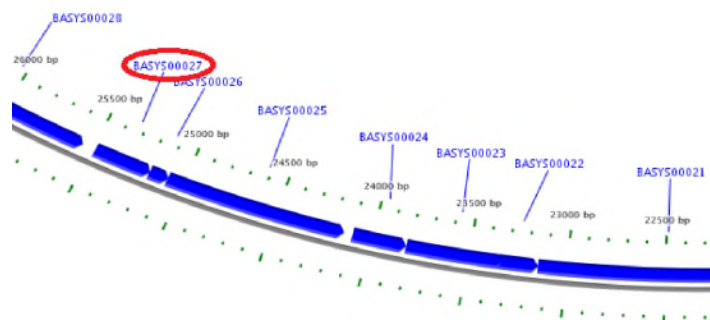


Рисунок 134 - Локализация BASYS00027 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

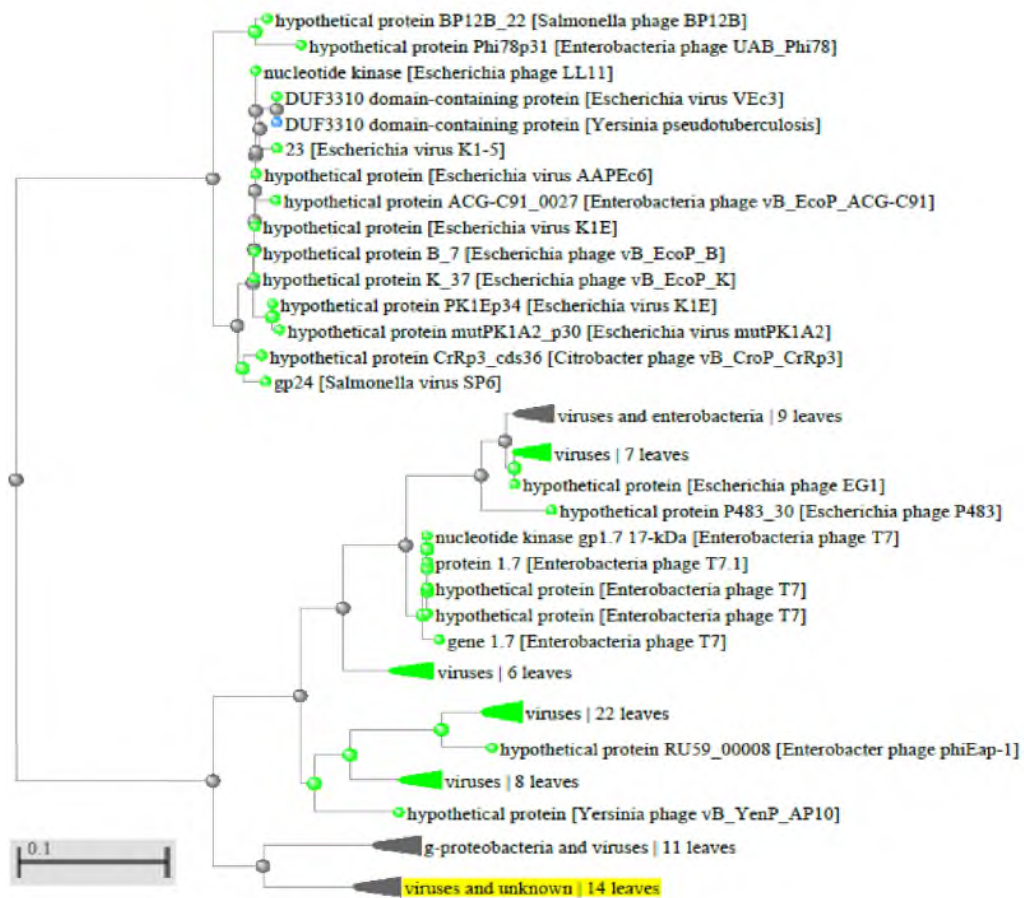


Рисунок 135 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00027 бактериофага Pr 4 - УГСХА

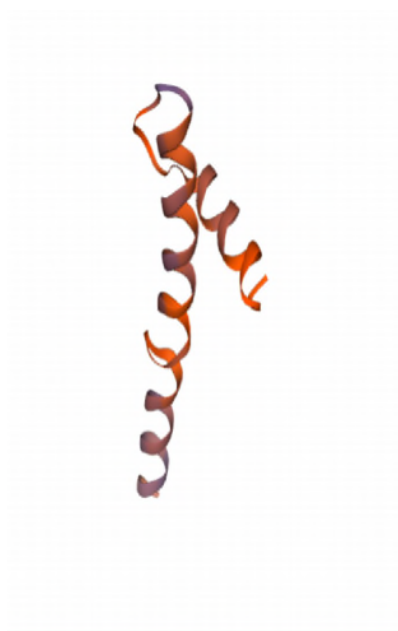


Рисунок 136 - Конформационная структура BASYS00027 бактериофага Pr 4

– УГСХА (согласно данным аналогиям  
<https://swissmodel.expasy.org/interactive>

**BASYS00028**

Таблица 103 - Данные о протеине BASYS00028 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:12:16 GMT
Entry ID	BASYS00028.1
Accession No.	BASYS00028
SWISS PROT (AC and ID)	Not Av
Other Databases	Not Available
Gene Position	26562-25555 (Counterclockwise)
Centisome Position	59.58
Gene Name	BASYS00028
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases actgaccgatctaccataaccataagaccgaggctgagaaaaggggaagctcgtaataag aaagcaagattagcttatgcacgtaagaaggaggtaaaag
Gene Sequence	gtggctaagttacggtcgctatacaaggactcagaggattgtctgctattgaactagct accgatgagaaggggaatgtcaattataatgagatggctaaaatttatcagccaaacct gttggcaagaaaataaccagacaactgcacggtattggcatggacaattcaaaacaacc aagaagaatggtgattactattcaacacttctcctgagaacaaaagaattaaggagcaa cgttcaactccgtactcctaataaggtatgaggatctggctcttgagtattgcctgagtcg gataatagaagtattggttaataccagatacacacgcaccttatgaacacctgatact tttaacttctgtcagcgggtggcagctaagatcggcctgattgtgtttcacttaggt gatgaagcggataaacatgctatgtctttccatgactcagaccctaacttagactctgct ggtgtagagctagagaaggctcgtgtgttcatgcgtaagctacattcaatgttcctggt atgcgatctgccattctaatacatggttcacttcaactccgtaaagcaaatgcgatggt attcctgttcaatatctacgcacttatcgtgaagtcttctcccaatggaggtggtgag cgttgggagtggaacattctcatacattagaattacctaattggtgaacaagttacatt

ila  
bl  
e

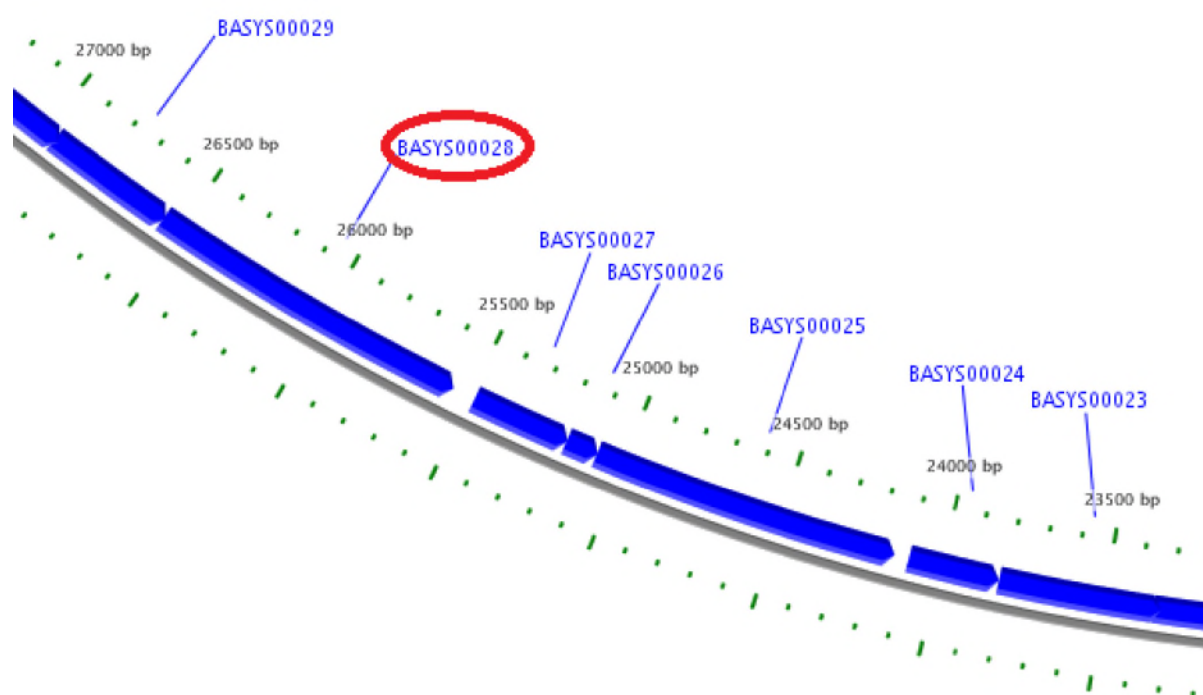
	<p>aagcatcaacctgctggcgctgtgtagcagatgctgcacatgagcgtactaacttagta  tgtggacacttgcattgtaagatgtctatcgagtatgctagtaactctcatgagcaatac  tgggggctcaaggtggttgcttgattgatgaagactcattagcttttcttatggtaa  gaatctaaatacaagccagcactaggttgatggttatttttagatgggtgtacctcatatt  atccctatgcaacaaatagtgatggatgtggactgggtgtatttaa</p>
GC Content [Percent]	41.57
Preceding Gene	BASYS00027
Following Gene	BASYS00029
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Conserved Hypothetical Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_335_residues  MAKLRSLYKDSEVLSAIELATDEKGNVNYNEMAKILSAKPVGKKITRQLARYWHGQFKTT  KNGDYYSTLLPENKRIKEQRSLRTPNRYEDLALELLPESDNRSILVIPDTHAPYEHPDT  FNLSAVAANKYRPDCVVHLGDEADKHAMSFHSDPNLDSAGVELE-  KARVFMRLHSMFPV  MRICHSNHGSLHFRKANAHGIPVQYLRTYREFFPNGGGERWEWKHSHTLELPN-  GEQVTF  KHQPAGAVLADAAHERTNLVCGLHGHGKMSIEYASNSHEQYWGAQGGCLIDEDSLA-  FAYGK  ESKYKALGCMVILDGVPHIIPMQTNSDGMWTGVI  &gt;Mature_334_residues  AKLRSLYKDSEVLSAIELATDEKGNVNYNEMAKILSAKPVGKKITRQLARYWHGQFKTTK  KNGDYYSTLLPENKRIKEQRSLRTPNRYEDLALELLPESDNRSILVIPDTHAPYEHPDTF  FNLSAVAANKYRPDCVVHLGDEADKHAMSFHSDPNLDSAGVELE-  KARVFMRLHSMFPVM  RICHSNHGSLHFRKANAHGIPVQYLRTYREFFPNGGGERWEWKHSHTLELPN-  GEQVTFK  HQPAGAVLADAAHERTNLVCGLHGHGKMSIEYASNSHEQYWGAQGGCLIDEDSLA-  FAYGKE  SKYKALGCMVILDGVPHIIPMQTNSDGMWTGVI</p>

No. of Amino Acids	Translated: 335 ; Mature: 334
Cys/Met Content	1.5 %Cys (Translated) 3.0 %Met (Translated) 4.5 %Cys+Met (Translated) 1.5 %Cys (Mature) 2.7 %Met (Mature) 4.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 37886 ; Mature: 37755
Theoretical pI	Translated: 7.53 ; Mature: 7.53
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available



Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*



BASys: Friday February 22 16:22:10 2019

Length: 44,581 bp; Genes: 55

Рисунок 137 - Локализация BASYS00028 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

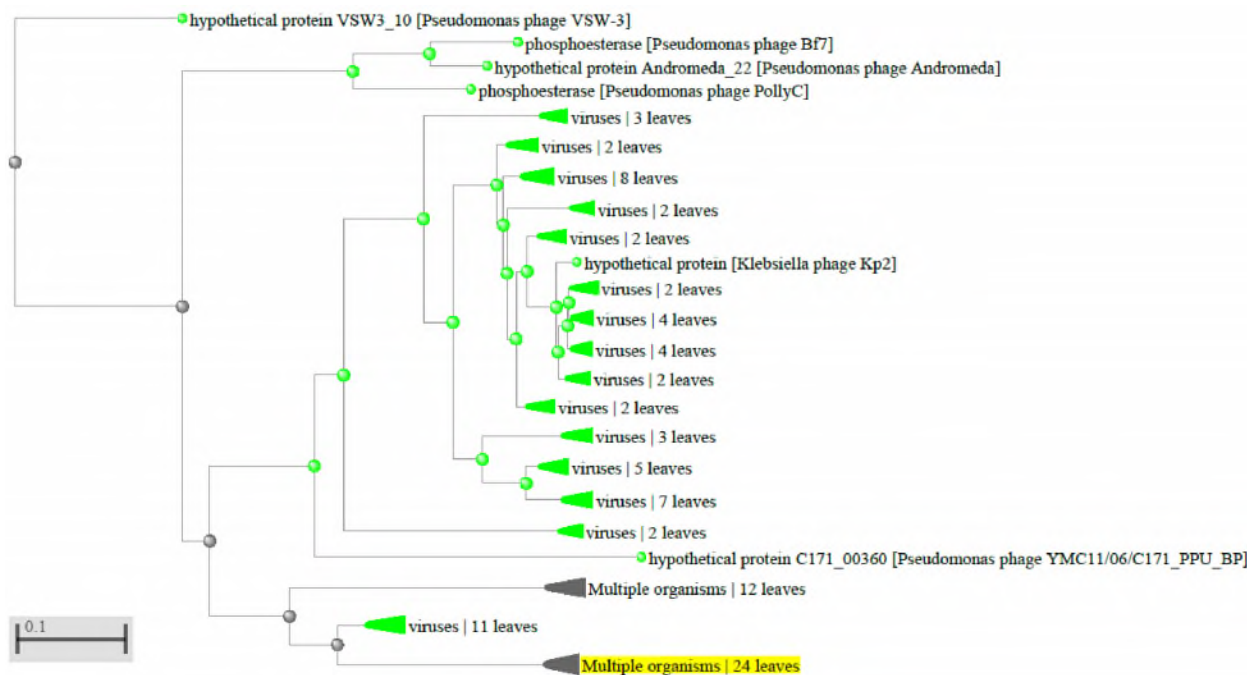


Рисунок 138 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00028 бактериофага Pr 4 - УГСХА

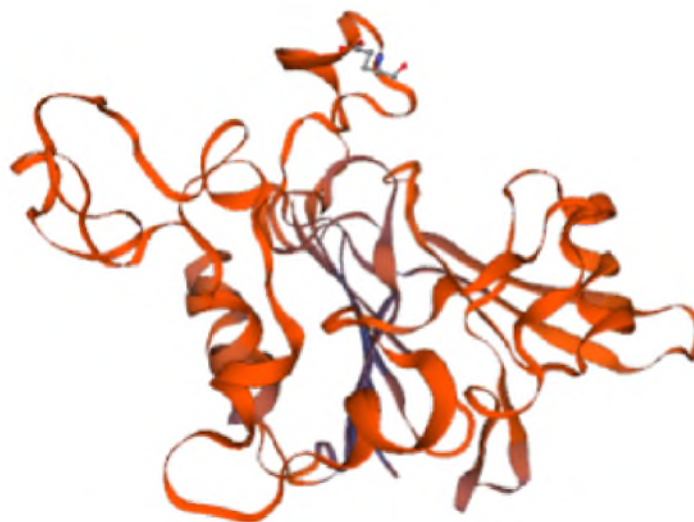


Рисунок 139 - Конформационная структура BASYS00028 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00029**

Таблица 104 - Данные о протеине BASYS00029 бактериофага Pr 4 - УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:12:49 GMT
Entry ID	BASYS00029.1
Accession No.	BASYS00029
SWI	S PROT (AC and ID)
Other Databases	Not Available
Gene Position	26965-26555 (Counterclockwise)
Centisome Position	60.49
Gene Name	BASYS00029
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases accttatgttgaatgtggtagactagcacacatgtctcgtttctctggtgacatatggc gggcagataaaagccctattatatggggagatgattcagt
Gene Sequence	atggctaccaagttaaagcatcagaagttgctacatataaagaagagttaatgaaggca cagaaacataagtgcccttgtgtggtgtagtcttaagccatcgacataaacct gtactagaccatgaccatcagacaggattttgtcgtgcaattgttgagaggtgcaac ggtgcagaaggtaagatattaatgtcatatctggttatggtaaagcaggtaataatcgt tactttcagattcaatggctaaagaacttactggcatattgggagaagcatcagacacca caaactgaccgcatctaccataaccataagaccgaggctgagaaaaggaagctcgtaat aagaaagcaagattagcttatgcacgtaagaaggaggtaaaaggtggctaa
GC Content [Percent]	40.88
Preceding Gene	BASYS00028

Not Available

Following Gene	BASYS00030
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00029
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_136_residues  MATKLKASEVATYKEELMKAQKHKCPLCGGSLKAIAPINRVLDDHDHQTGFC-  RAIVCRGCN  GAEGKILNVISGYGKAGNNRYFQIQWLKNLLAYWEKHQTPQTDRIYHNNHKTEA-  EKREARN  KKARLAYARKKEVKGG</p> <p>&gt;Mature_135_residues  ATKLKASEVATYKEELMKAQKHKCPLCGGSLKAIAPINRVLDDHDHQTGFC-  RAIVCRGCNG  AEGKILNVISGYGKAGNNRYFQIQWLKNLLAYWEKHQTPQTDRIYHNNHKTEA-  EKREARNK  KARLAYARKKEVKGG</p>
No. of Amino Acids	Translated: 136 ; Mature: 135
Cys/Met Content	3.7 %Cys (Translated) 1.5 %Met (Translated) 5.1 %Cys+Met (Translated) 3.7 %Cys (Mature) 0.7 %Met (Mature) 4.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 15439 ; Mature: 15308
Theoretical pI	Translated: 10.39 ; Mature: 10.39
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available

Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available

Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

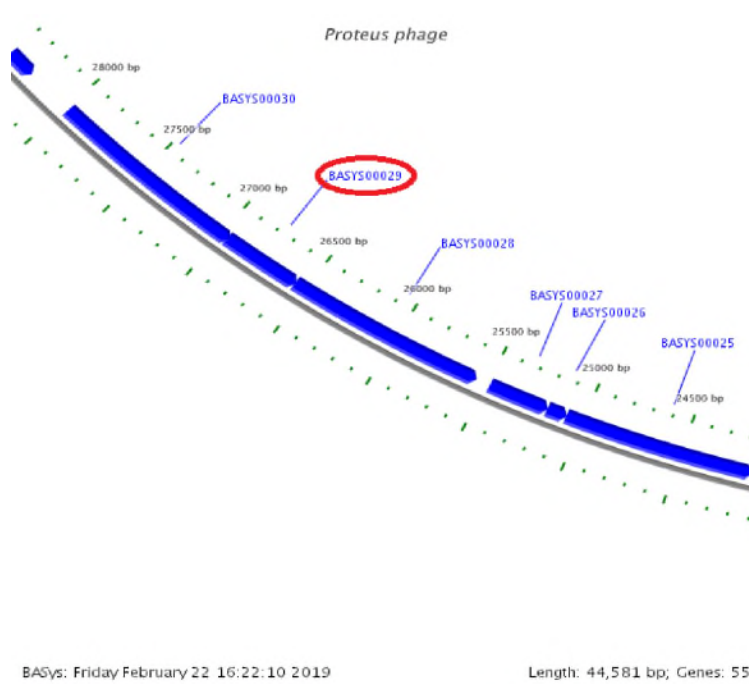


Рисунок 140 - Локализация BASYS00029 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

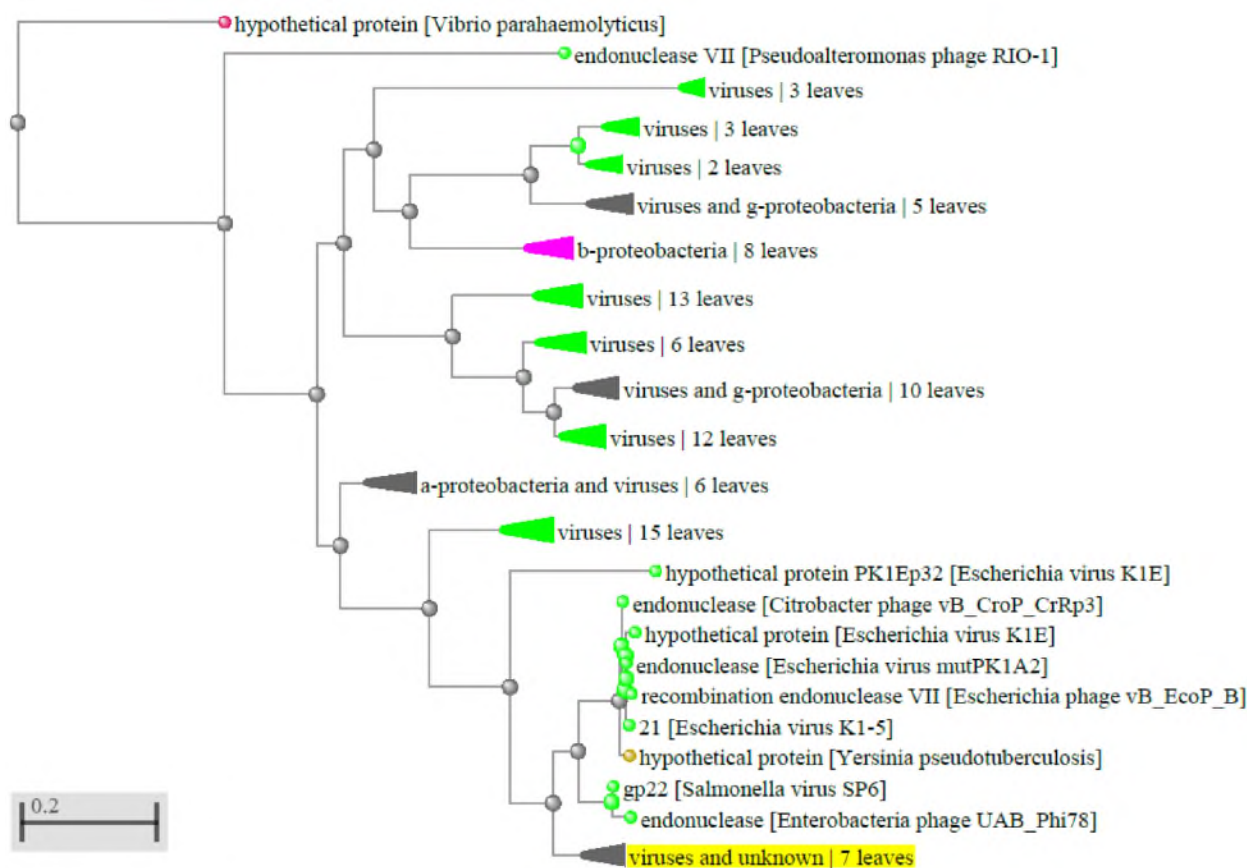


Рисунок 141 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00029 бактериофага Pr 4 – УГСХА

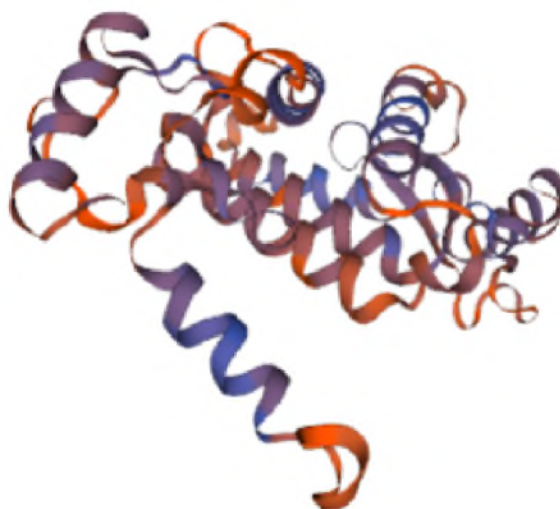


Рисунок 142 - Конформационная структура BASYS00029 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00030**



Таблица 105 - Данные о протеине BASYS00030 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:13:9 GMT	
Entry ID	B	SY SO 00 30 .1
Accession No.	BASYS00030	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	27984-26950 (Cou	tei clc ck wi se,
Centi	ome Position	62 .7 7
Gene Name	BASYS00030	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases tcgacaaagagttgtttcacaagaagatattatagttgaagaacaacctgcaagattcc ccagacacgtactccaagatatattaaaggagtggcctaa	
Gene Sequence	gtgtcaagacctaactttgaattggagcgacagtatcagaagacaacaatctaactcta tggcctactgatgtaacaaggtagccctttagatggtagacatgttaccttaccattata ggttacactattaatgagatgatgtatgtacgagcacttactcgtgtcaagctggtcag tgtgaaagtatcaaagatacacctgaatgtaagcaagcatgtgacctgttaatgcttta ttaaactcatgggtgtacggagcagagtgtgattctgctctcatcttctaacaatct gatgcaaacttagattacgttttagcttttactcaagttataagggtacacgtaagtct gagaagccacctttcttcatgagatgagagaacatttactaactgtgcatggtgcaaaa cttgctgttggtgatgaggcagatgatctcatgagattgaacaatggaaagcacacaat gaattcctaaaagagtgtgggtgagtttgaagttggtagccctgaacacaaggccttc tctaatacagttattgtatctgctgataaagacctaatgattgttaggttggcatttc	

	<p>aaccctagtgaaggtgagttgaagtggttagaacctatgggttggttagaattaagatat  agaccaatggtcaagttaaagattgaaaggtgctgtcttaaattcttctatgctcaa  atgattataggtgataatgtggataactatgcaggtattaagggcagaggggctaagttt  gcctttgaattacttaataactgcaagacagagaaagagttgtacatgaaagtgtaggt  gcttataaggataagttcggttatggtaaggttaaactcaagaacctcgtggaacttat  cgtataggcacagcttatgaccttatgttggaatgtgtagactagcacacatgtctcgt  ttctctggtgacatatggcgggcagataaaagccctattatatggggagatgattcagta  tggctaccaagttaa</p>
GC Content [Percent]	39.52
Preceding Gene	BASYS00029
Following Gene	BASYS00031
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00030
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_344_residues  MSRPNFEFGATVSEDNNLILWPTDGNKVALVDGDMLPYIIGYTINEMMY-  VRALTRVKSGQ  CESIKDTPECKQACDRVNALLNSWVYGAECDSALIFLTQSDANFRLRLAFTQVYKGTRKS  EKPPFFHEMREHLLTVHGAKLAVGDEADDLMSIEQWKAHNEFLKECGGEFEVGSPEH-  KAF  SNTVIVSADKDLMIVVGWHFNPSEGELKWVEPMGWLELRYRPNQVVDLKGAGLKF-  FYAQ  MIIGDNVDNYAGIKGRGAKFAFELLNCKTEKELYMKVLGAYKDKFGYGVKLNHRG-  TY  RIGTAYDLMLECGRLAHMSRFSGDIWRADKSPHIIWGDSDVWLPS  &gt;Mature_343_residues  SRPNFEFGATVSEDNNLILWPTDGNKVALVDGDMLPYIIGYTINEMMY-  VRALTRVKSGQC  ESIKDTPECKQACDRVNALLNSWVYGAECDSALIFLTQSDANFRLRLAFTQVYKGTRKSE  KPPFFHEMREHLLTVHGAKLAVGDEADDLMSIEQWKAHNEFLKECGGEFEVGSPEH-  KAFS  NTVIVSADKDLMIVVGWHFNPSEGELKWVEPMGWLELRYRPNQVVDLKGAGLKF-  FYAQM</p>

	IIGDNVDNYAGIKGRGAKFAFELLNNCKTEKELYMKVLGAYKDKFGYGKVKLKNHRGTYR IGTAYDLMLECGRLAHMSRFSGDIWRADKSPIIWGDDSVWLPS
No. of Amino Acids	Translated: 344 ; Mature: 343
Cys/Met Content	2.0 %Cys (Translated) 3.5 %Met (Translated) 5.5 %Cys+Met (Translated) 2.0 %Cys (Mature) 3.2 %Met (Mature) 5.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 39003 ; Mature: 38872
Theoretical pI	Translated: 6.71 ; Mature: 6.71
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available

Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available

References	Not Available
------------	---------------

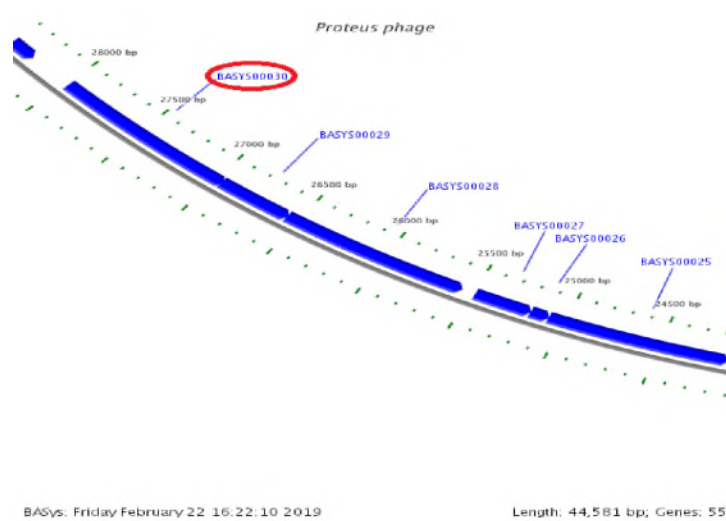


Рисунок 143 - Локализация BASYS00030 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

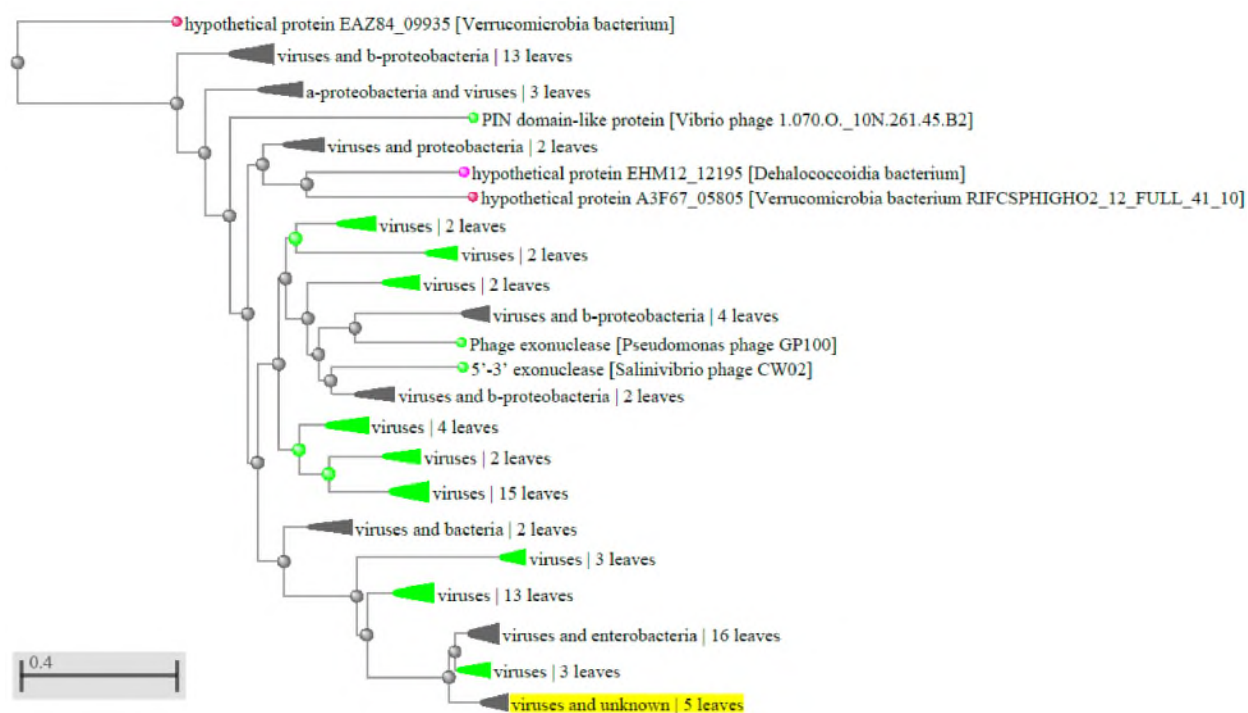


Рисунок 144 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00030 бактериофага Pr 4 - УГСХА

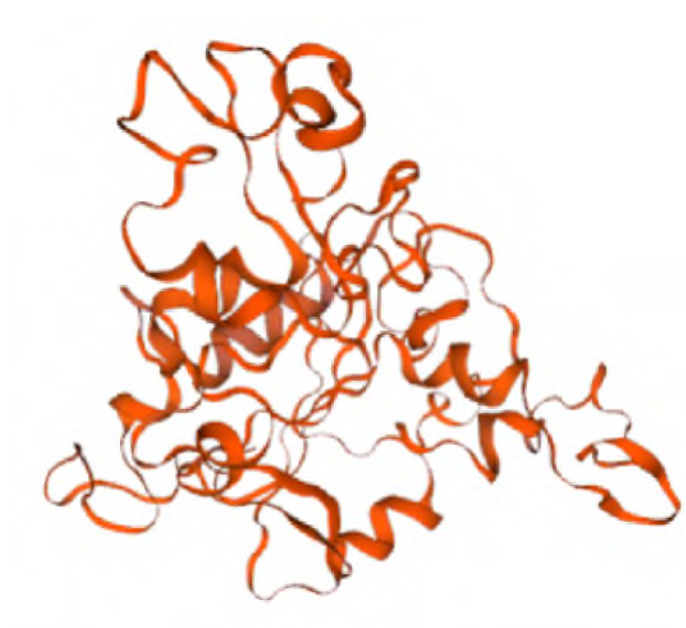


Рисунок 145 - Конформационная структура BASYS00030 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00031**

Таблица 106 - Данные о протеине BASYS00031 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/	/22 16:13:43 GMT
Entry ID	BASYS00031.1	
Accession No.	BASYS00031	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	28394-28242 (Counterclockwise)	

Centisome Position	63.69	
Gen	Name	BASYS00031
A	ternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ctcctgttgagaagaagcaccagaataatcgtagtattagaaatttcacaagcacagcg atataactatcacaatctacttttttttaataagataag	
Gene Sequence	gtgtcaaccgagatattcaatatagcctacagtatttctctatatgttggctcgatc tgtaaggttgtaagtcagaagctcctgttgagaagaagcaccagaagaagcaactgca cctgtaatgacttcggaagaagaagaatttaa	
GC Content [Percent]	40.52	
Preceding Gene	BASYS00030	
Following Gene	BASYS00032	
Operon Status	Not Available	
Operon Components	Not Available	
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00031	
Alternate Protein Names	Not Available	
Sequence	>Translated_50_residues MSTEIFNIAYSISLYVRRICKVVSAEAPVAEEAPEEATAPVMTSEEEEF >Mature_24_residues EAPVAEEAPEEATAPVMTSEEEEF	
No. of Amino Acids	Translated: 50 ; Mature: 24	
Cys/Met Content	2.0 %Cys (Translated) 4.0 %Met (Translated) 6.0 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 4.2 %Met (Mature) 4.2 %Cys+Met (Mature)	
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 5538 ; Mature: 2593	

Theoretical pI	Translated: 3.81 ; Mature: 3.07
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available



Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

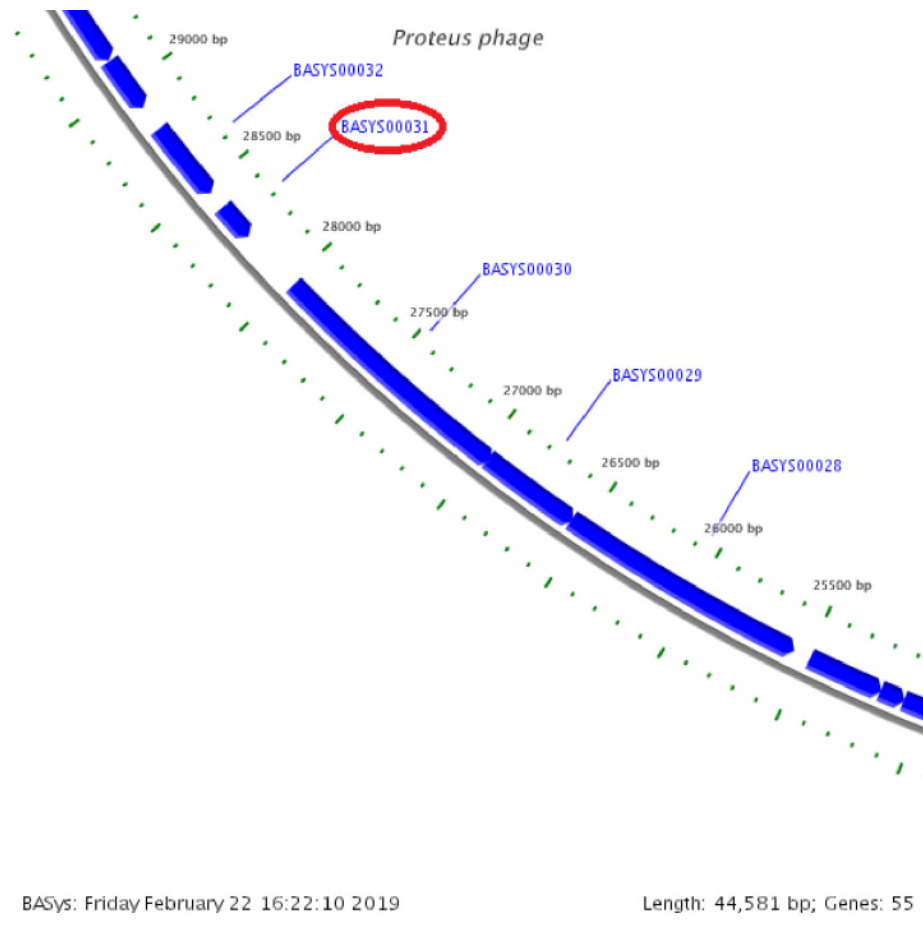


Рисунок 146 - Локализация BASYS00031 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

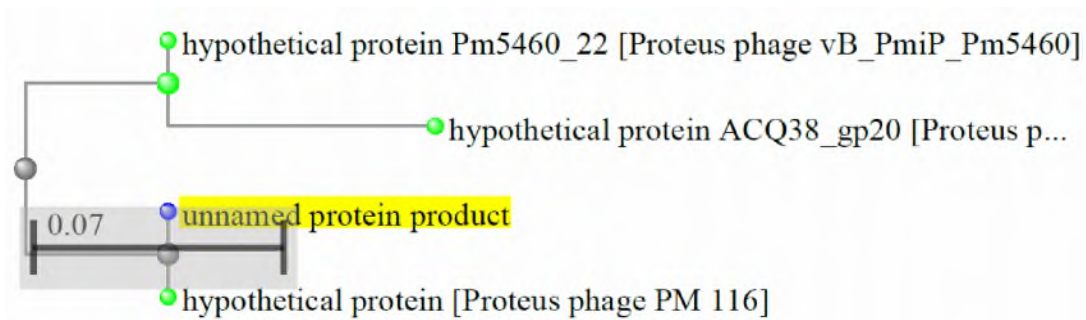


Рисунок 147 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00031 бактериофага Pr 4 – УГСХА

### BASYS00032

Таблица 107 - Данные о протеине BASY00032 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	20	9/ 2/ 22
---------------	----	----------------

		16 :1 3: 56 G M T
Entry ID	BASYS00032.1	
Accession No.	BASYS00032	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	28789	28 46 6 (C ou nt er cl oc k wi se )
Centisome Position	64.58	
Gene Name	BASYS00032	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases gtccaacactgttggacagaatggtggtcttaattagagaccactatagaagagataaat ttaaaggcaattcagccgactaattaggagaattaaatt	
Gene Sequence	atgtttactatcgaaactatttcaaaccgtgttgtaaagctggtaaattagaagttggt gaatcatttattgttggatgctgatggaatttagtatctggcactaaagcttatgat actcgtgaagaagcacaagctaaaattgacagcatgggtaacttctcattaggccttgag tttgctaaagcacaattccctactatgtctgagaaagcttaattggtaaagcaaatgtt	

	gttgctcagtatttagattgggttgagcagcaggaagccagttgtaagtcagaagctcct gttgcagaagaagcaccagaataa
GC Content [Percent]	37.35
Preceding Gene	BASYS00031
Following Gene	BASYS00033
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00032
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_107_residues MFTIETISNRVVKAGKLEVVESFIVVDADGNLVSGTKAYDTREEAQAKIDSMGNFSLGLE FAKAQFPTMSEKALIGKANVVAQYLDWVAAGKPVVSAEAPVAEEAPE >Mature_107_residues MFTIETISNRVVKAGKLEVVESFIVVDADGNLVSGTKAYDTREEAQAKIDSMGNFSLGLE FAKAQFPTMSEKALIGKANVVAQYLDWVAAGKPVVSAEAPVAEEAPE
No. of Amino Acids	Translated: 107 ; Mature: 107
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.8 %Met (Translated) 2.8 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.8 %Met (Mature) 2.8 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 11408 ; Mature: 11408
Theoretical pI	Translated: 4.28 ; Mature: 4.28
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity	Not Available

[micromol/min/mg]	
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

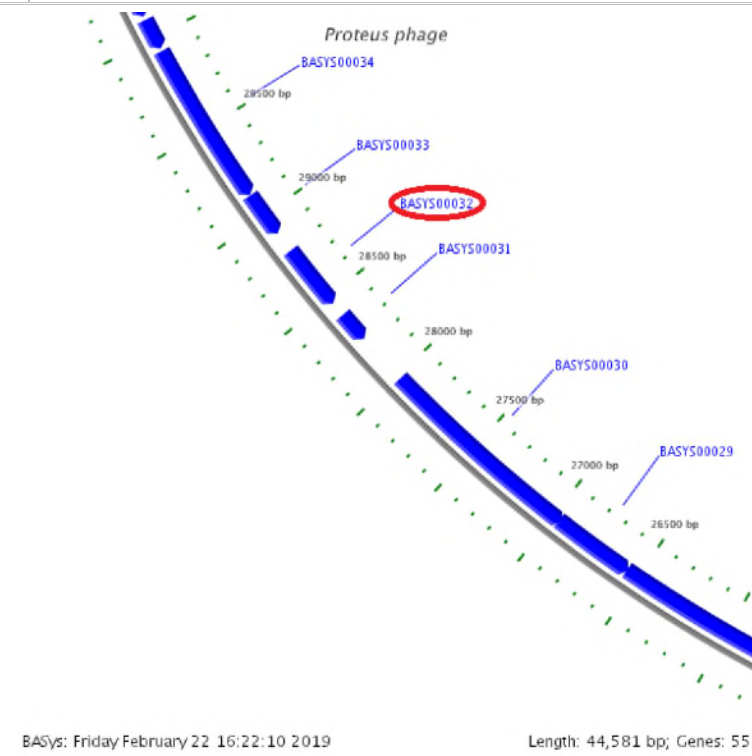


Рисунок 148 - Локализация BASYS00032 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

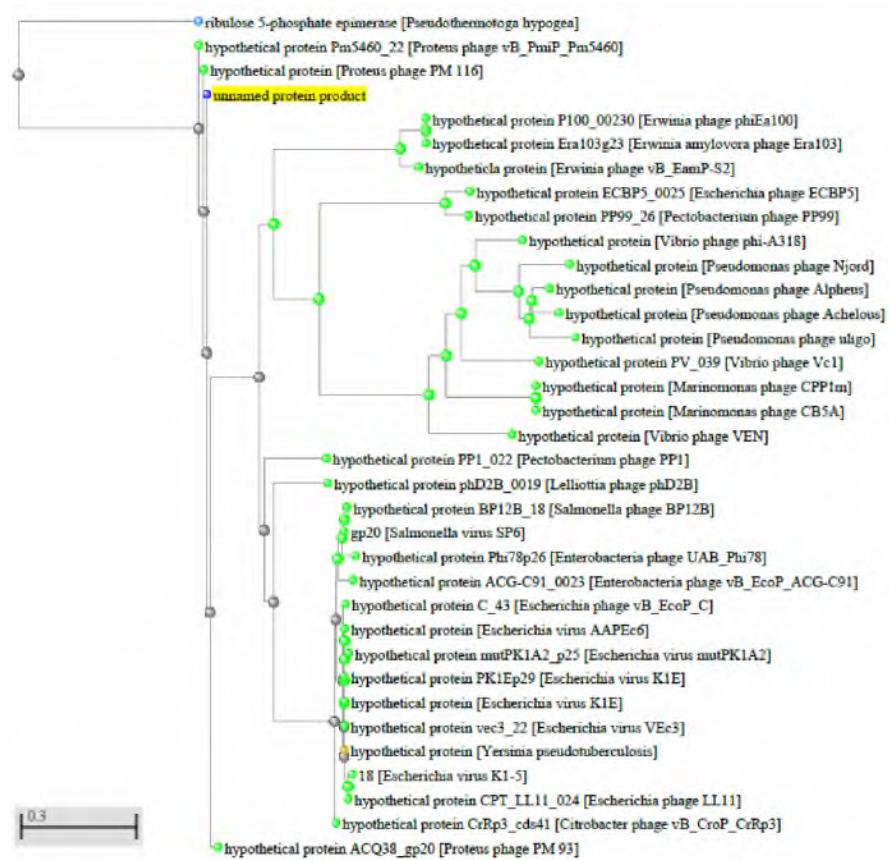


Рисунок 149 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00032 бактериофага Pr 4 - УГСХА

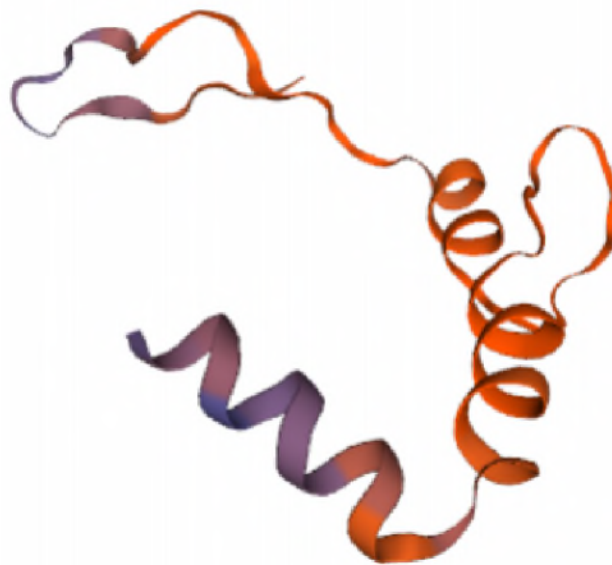


Рисунок 150 - Конформационная структура BASYS00032 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям)

**BASYS00033**

Таблица 108 - Данные о протеине BASYS00033 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:14:12 GMT
Entry ID	BASYS00033.1
Accession No.	BASYS00033
SWISS PROT (AC and ID)	Not Av
Other Databases	Not Available
Gene Position	29116-28892 (Counterclockwise)
Centisome Position	65.31
Gene Name	BASYS00033
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gcaatcattagacacaggtgcatcggtccacaagagggtccagaagcacagaatcaacc tgcgccagcagacatggacacagacgaggagttaataa
Gene Sequence	atgaaagtagaatctattacaatccactatcagccacatcagacctttagatggtaaa gaacatttgatatttgggaaggccaagagcgtgacctgactacatctccgtgaagga caacatattgtaaacttgggtgctggctgtaatggcacacgtacaggaatttctatc cctgccgaagatgttcgccaagtgacaactattcttaaagtgtaa
GC Content [Percent]	41.33
Preceding Gene	BASYS00032
Following Gene	BASYS00034

ila-  
ble



Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00033
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_74_residues MKVESITIHYPHQTSLDGKEHLYFVEGQERDLHYIFREGQHIVNFVAGCNGTRTGISI PAEDVRQVTTILKV >Mature_74_residues MKVESITIHYPHQTSLDGKEHLYFVEGQERDLHYIFREGQHIVNFVAGCNGTRTGISI PAEDVRQVTTILKV
No. of Amino Acids	Translated: 74 ; Mature: 74
Cys/Met Content	1.4 %Cys (Translated) 1.4 %Met (Translated) 2.7 %Cys+Met (Translated) 1.4 %Cys (Mature) 1.4 %Met (Mature) 2.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 8410 ; Mature: 8410
Theoretical pI	Translated: 6.67 ; Mature: 6.67
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available

Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available

General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

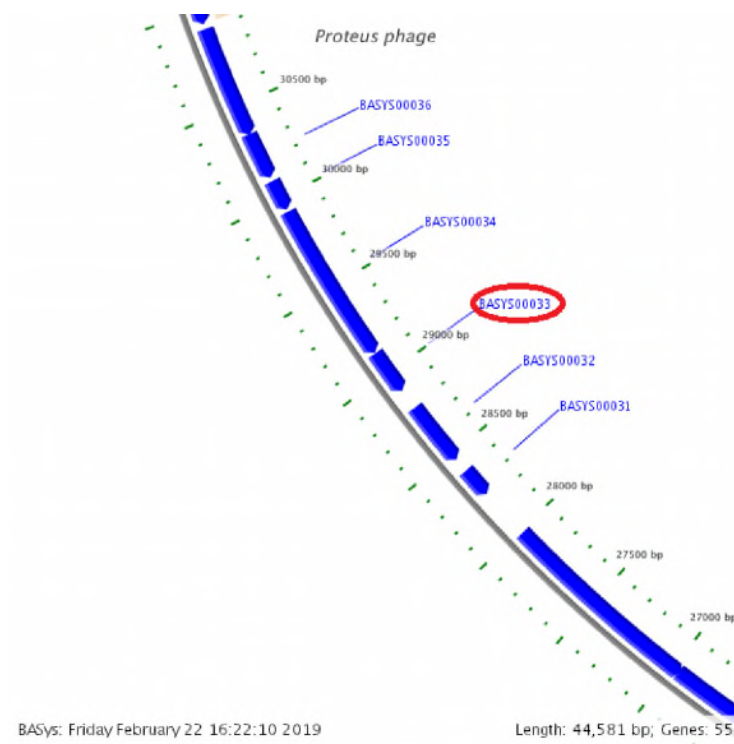


Рисунок 151 - Локализация BASYS00033 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

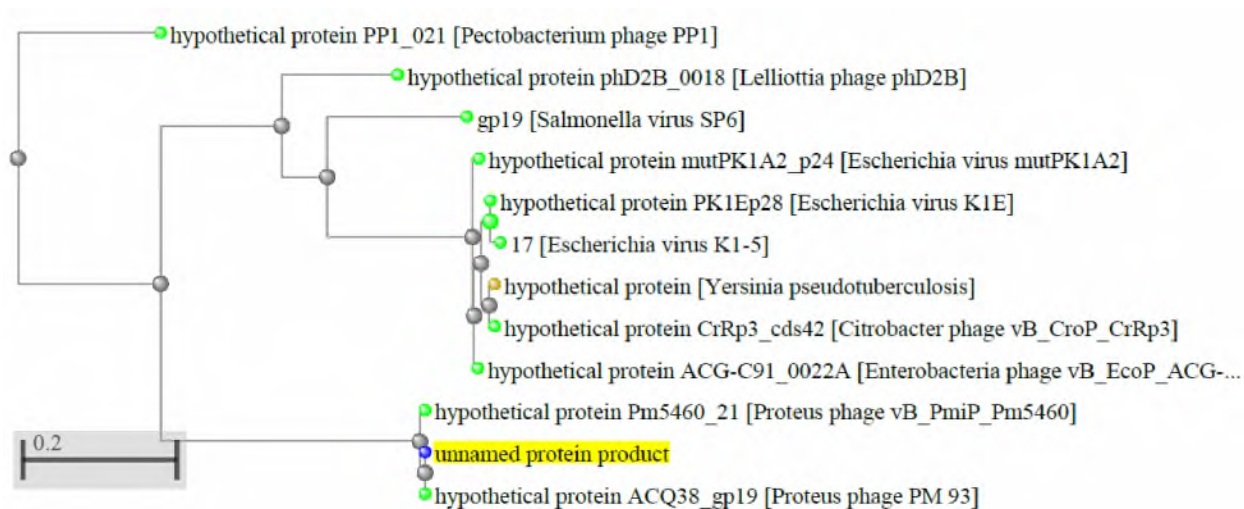


Рисунок 152 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00033 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 153 - Конформационная структура BASYS00033 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00034**

Таблица 109 - Данные о протеине BASYS00034 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:14:28 GMT
Entry ID	BASYS00034.1
Accession No.	BASYS00034
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	s
Gene Position	29926-29120 (Counterclockwise)
Centisome Position	67.13
Gene Name	BASYS00034
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases agcacctaattggcgttatctttgtaagcgtggtaagcaaactttgttgcacatctggctc aactgatattcattgtagaagcacaataaggagaataagta
Gene Sequence	atggctcgtaattttgactttggtgcagaagtgctaaaacagaagtggtgtatttaag aacctgatgtaggcgaccatgaagctatcatctgctatcattcatgttggtctttc caagacatctcaagaaaggtagcacaactgaggtaagaacatgtaactttgttctt gttcgtgcaacacttatgggtgatgatgataagaatgaagatggctctcgtatggagcag tggatgtcggttgcctgaaatccggtgacaaggctacattaactaagttgttaaatgca gttgaccctaagaataacttggtggcttcgatgattcattggtgaatgctttactgta tcaatggttggcgatgagaaagcaggtaagaatgaagatggcaccttcaagatgttaac tggaaaggattctctggtatgcctgataaactaagaaactgttattgcacaagtgga gaagaaggcattgaatgtttaggccatatactttgataagttaaccaagatgtgctt gatgcaatccccgctcacttagtacgtcagtacttctaatgagacaactcgtggaag aactatccgttgaaggcagtcacgtagcagacatcattgcagaagcacgtaaaagctgac cctgagtggaagaaagctaaggccaaagatgatgctaagcctgatgacaagcaatcatta gacacaggtgcatcggttccacaagaggtgccagaagcacagaatcaacctgcgccagca gacatggacacagacgaggagtttaa

Not Available

GC Content [Percent]	42.38
Preceding Gene	BASYS00033
Following Gene	BASYS00035
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00034
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_268_residues  MARNFDGAEVAKTEGGVFKNPVDGDHEAIIISAIHVGSFQDIFKKGSTTEVKKPCNFVL  VRATLMGDDDKNEDGSRMEQWMSVALKSGDKATLTKLLNAVDPKELLGGFDDFI-  GECFTV  SMVGDEKAGKNEDGTFKYVNWKGFSGMPDKLKLKLVIAQVEEEGIECLG-  HITFDKLT KDVL  DAIPAH LVRQYFLNETTRGKNLSVEGSHVADIIAEARKADPEWKKAKAKD-  DAKPDDKQSL  DTGASVPQEVPEAQNPAPADMDTDEEF  &gt;Mature_267_residues  ARNFDGAEVAKTEGGVFKNPVDGDHEAIIISAIHVGSFQDIFKKGSTTEVKKPCNFVLV  RATLMGDDDKNEDGSRMEQWMSVALKSGDKATLTKLLNAVDPKELLGGFDDFI-  GECFTVS  MVGDEKAGKNEDGTFKYVNWKGFSGMPDKLKLKLVIAQVEEEGIECLG-  HITFDKLT KDVL  AIPAH LVRQYFLNETTRGKNLSVEGSHVADIIAEARKADPEWKKAKAKD-  DAKPDDKQSLD  TGASVPQEVPEAQNPAPADMDTDEEF</p>
No. of Amino Acids	Translated: 268 ; Mature: 267
Cys/Met Content	1.1 %Cys (Translated) 2.6 %Met (Translated) 3.7 %Cys+Met (Translated) 1.1 %Cys (Mature) 2.2 %Met (Mature) 3.4 %Cys+Met (Mature)

Molecular Weight [Daltons]	Translated: 29386 ; Mature: 29255
Theoretical pI	Translated: 4.55 ; Mature: 4.55
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

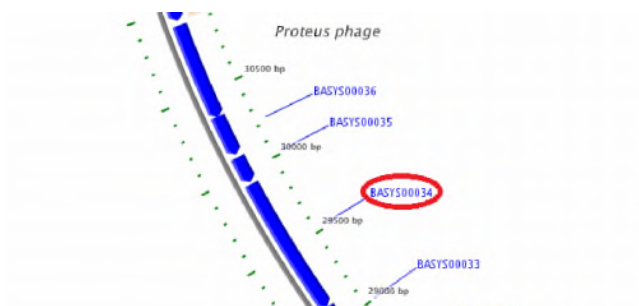




Рисунок 154 - Локализация BASYS00034 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

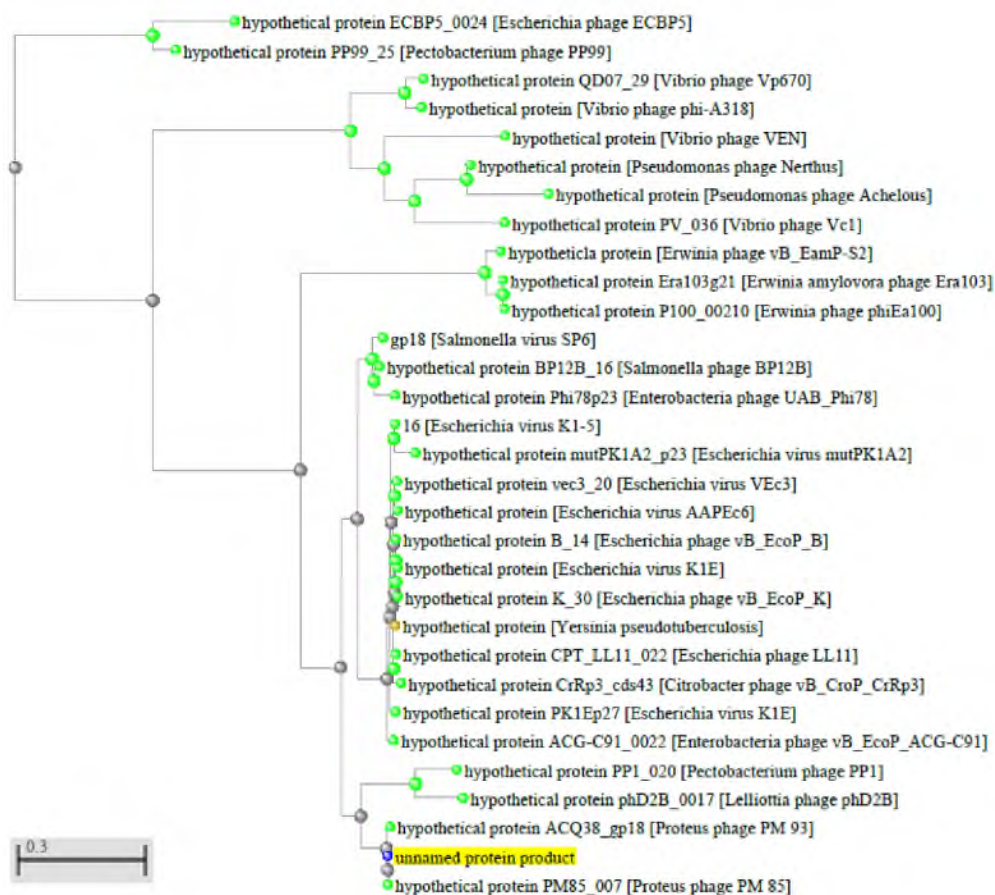


Рисунок 155 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00034 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 156 - Конформационная структура BASYS00034 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00035**

Таблица 110 - Данные о протеине BASYS00035 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:14:55 GMT
Entry ID	BASYS00035.1
Accession No.	BASYS00035
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	30094-29939 (Counter-clockwise)
Centisome Position	67.51
Gene Name	BASYS00035
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttacacagatttagatgtgttatcttcttcagagaagttgtccagctttaaagctaa agcacaattacctttaaactaatatagattaaat
Gene Sequence	atgaaagtaacagtaattaatacagtaacaggtgaactccgagagatgaaaatgcagaa atgatggtagcacctaattggcgttatctttgtaagcgtgtaagcaactttgttgca tctggttcaactgatattgttagaagcacaataa
GC Content [Percent]	35.90
Preceding Gene	BASYS00034
Following Gene	BASYS00036
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available

Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00035
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_51_residues MKVTVINTVTGELREYENAEMMVAPNGVIFVKRGKQTLFASGSDIIVEAQ >Mature_51_residues MKVTVINTVTGELREYENAEMMVAPNGVIFVKRGKQTLFASGSDIIVEAQ
No. of Amino Acids	Translated: 51 ; Mature: 51
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 5.9 %Met (Translated) 5.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 5.9 %Met (Mature) 5.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 5588 ; Mature: 5588
Theoretical pI	Translated: 4.80 ; Mature: 4.80
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available

Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

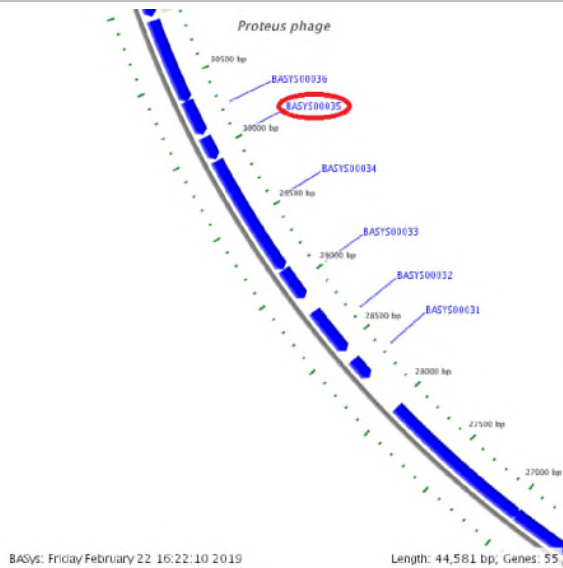


Рисунок 157 - Локализация BASYS00035 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

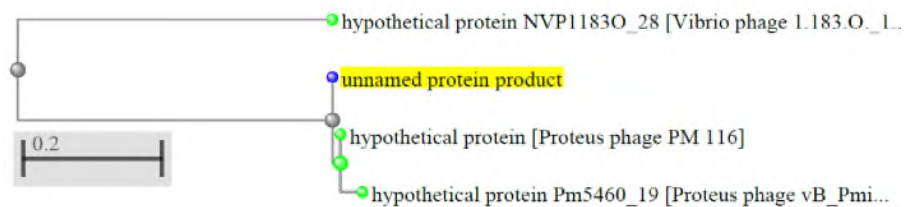


Рисунок 158 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00035 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 159 - Конформационная структура BASYS00035 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00036**

Таблица 111 - Данные о протеине BASYS00036 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/2	16: 15: 10 GM T
Entry ID	BASYS00036.1	
Accession No.	BASYS	003 6
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	30349-30113 (Counterclockwise)	
Centisome Position	68.08	

Gene Name	BASYS00036
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aacctaaatgtgaaacattacaattgtacctgatgtttgtaatgaacgcatcggtcgta tgtacaataagtggtcctcaattaaactctaaatctaagga
Gene Sequence	ttgataatgtttataatgaaaagtatatcttatctaaagataaactaattggtattgat atgaagtgtgtaaaaggtagacagatgctctatatattattgtagaagtaagatgtaatggt tacatgattcgtagataccagacatttgagaaaggttacacagatttagatgtgttatct tatcttgagaagttgtccagctttaaagctaaagcacaattacctttaaactaa
GC Content [Percent]	28.27
Preceding Gene	BASYS00035
Following Gene	BASYS00037
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00036
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_78_residues MIMFYNEKYILSKDKLIGIDMKCVKGTDALYIIVEVRCNGYMIRRYQTFEKGYTDLDVLS YLAEVVPALKAKAQLPLN >Mature_78_residues MIMFYNEKYILSKDKLIGIDMKCVKGTDALYIIVEVRCNGYMIRRYQTFEKGYTDLDVLS YLAEVVPALKAKAQLPLN
No. of Amino Acids	Translated: 78 ; Mature: 78
Cys/Met Content	2.6 %Cys (Translated) 5.1 %Met (Translated) 7.7 %Cys+Met (Translated) 2.6 %Cys (Mature) 5.1 %Met (Mature)

	7.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9031 ; Mature: 9031
Theoretical pI	Translated: 8.65 ; Mature: 8.65
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available



Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

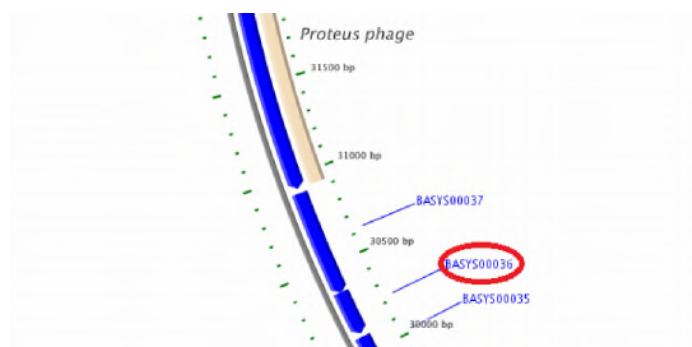


Рисунок 160 - Локализация BASYS00036 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

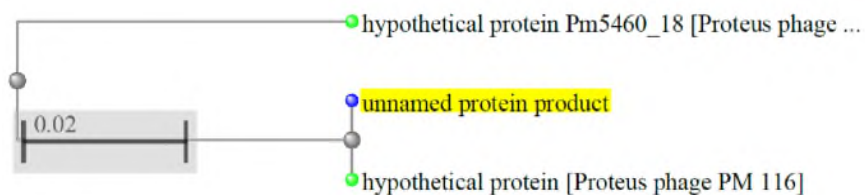


Рисунок 161 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00036 бактериофага Pr 4 – УГСХА

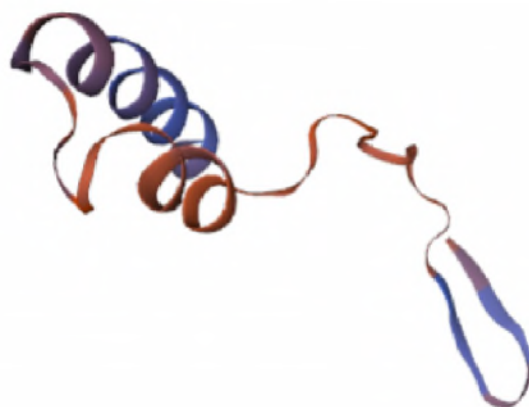


Рисунок 162 - Конформационная структура BASYS00036 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00037

Таблица 112 - Данные о протеине BASYS00037 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:15:25 GMT
Entry ID	BASYS00037.1
Accession No.	BASYS00037
SWISS PROT (AC and ID)	Not

va  
la-  
bl  
e

Other Databases	Not Available
Gene Position	30903-30346 (Counterclockwise)
Centisome Position	69.32
Gene Name	BASYS00037
AI	ernate Gene Names
Upstream 100 Bases	>100_bases gccagtatcttaagatgcggtgcctatggctggtgaatacaagattggtacatcgtggg ctgagactcactaattagagaccactatagaagaattaa
Gene Sequence	ttgagaataatgtataaatcacttattaaattaatcatatgttaaatagtattgtt ggtgaagaagtaacactagtaggagggttcggttcgtgataccttatatggtgtgacacct aaagattatgatgcagttatttgcaggggtgattctagtgaatcttattgtcatggtatg attgaagatattgcatatcgttccgtgcattagattttaaagtagaattatatcaatct tatggcttacatgaaggggagggtcatcaatccgacttcattccaagctatgttctattca tgtcttaaggtaactatgaagaactccaagtagatatcttattatccaaagcagatact attgaagaacatgtaagcgtcatgactgtaatatgaatatggtatggtttgatttagaa agtaagcaaatcaaatgggtgatgatggatcaacctaagtgaacattacaattt gtacctgatgtttgtaatgaacgcatcggctgatgtacaataagtggttcaattaaac tctaaatctaaggattga
GC Content [Percent]	32.80
Preceding Gene	BASYS00036
Following Gene	polA
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00037

Not Available

Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_185_residues  MENNMYKSLIKINHMLNSIVGEEVTLVGGCVRDTLYGVTPKDYDAVICMGDSSE-SYCHGM  IEDIAYRFRALDFKVELYQSYGLHEGEVINPTSFQAMFYSLKVTMKNCQVDILLSKADT  IEEHVKRHDCNMNMVWFDLESKQIKWCHDGDQPKCETLQFVPDVCNERIGR-MYNKWLQLN  SKSKD</p> <p>&gt;Mature_185_residues  MENNMYKSLIKINHMLNSIVGEEVTLVGGCVRDTLYGVTPKDYDAVICMGDSSE-SYCHGM  IEDIAYRFRALDFKVELYQSYGLHEGEVINPTSFQAMFYSLKVTMKNCQVDILLSKADT  IEEHVKRHDCNMNMVWFDLESKQIKWCHDGDQPKCETLQFVPDVCNERIGR-MYNKWLQLN  SKSKD</p>
No. of Amino Acids	Translated: 185 ; Mature: 185
Cys/Met Content	4.9 %Cys (Translated) 5.4 %Met (Translated) 10.3 %Cys+Met (Translated) 4.9 %Cys (Mature) 5.4 %Met (Mature) 10.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 21449 ; Mature: 21449
Theoretical pI	Translated: 5.29 ; Mature: 5.29
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available

Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available

General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

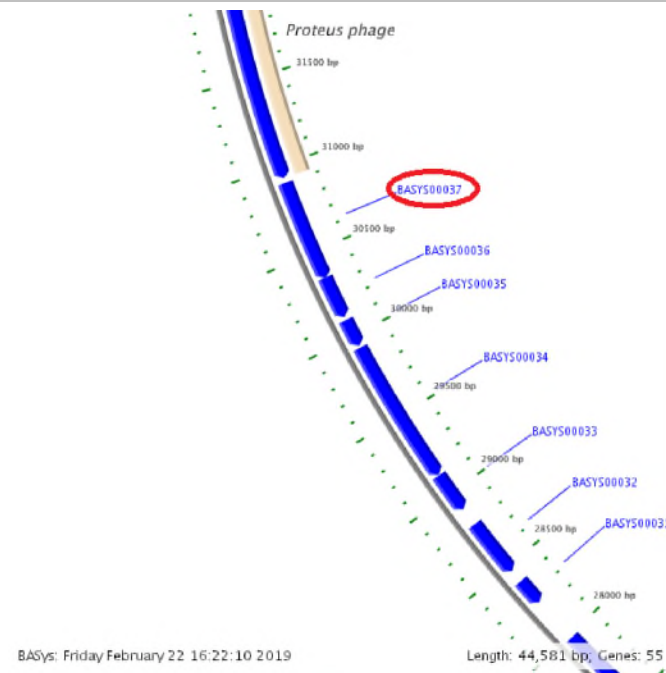


Рисунок 163 - Локализация BASYS00037 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

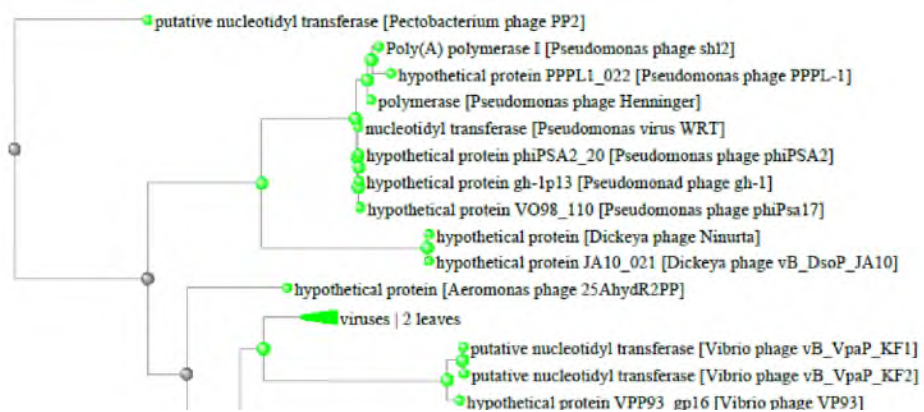


Рисунок 164 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00037 бактериофага Pr 4 - УГСХА

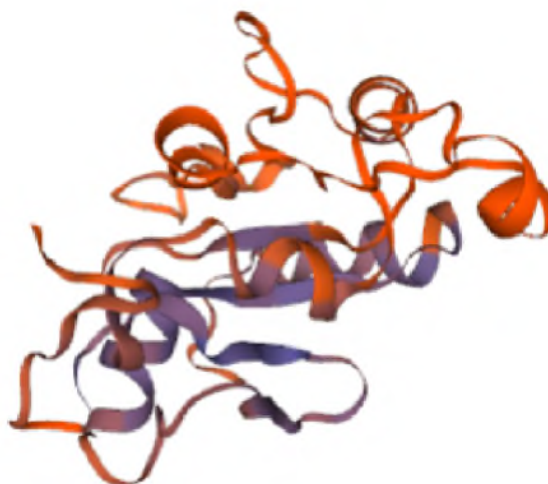


Рисунок 165 - Конформационная структура BASYS00037 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### polA [H]

Таблица 113 - Данные о протеине BASYS00038 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:15:47 GMT
Entry ID	BASYS00038.1
Accession No.	BASYS00038
SWISS PROT (AC and	D)
Other Databases	<ul style="list-style-type: none"> <li>- InterPro: <a href="#">IPR020046</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR020045</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR002421</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR020047</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR019760</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR001098</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR018320</a></li> </ul>

№  
об  
те  
А  
в  
а

	<ul style="list-style-type: none"> <li>- InterPro: <a href="#">IPR002298</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR008918</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR003583</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR012337</a></li> <li>- InterPro: <a href="#">IPR015361</a> [H]</li> </ul>
Gene Position	33482-30930 (Counterclockwise)
Centisome Position	75.11
Gene Name	polA [H]
Alternate Gene Names	BASYS00038
Upstream 100 Bases	>100_bases tctgatgaaacaattgacagtcaagaaagggcagagcgagatgctgagttaggtcttgcc ttacctgaacctgacctgatgttgattatgggaggtag
Gene Sequence	<p>atgatggagaatattaattgggtagaggaagccaaagggcgcatactagtcacatgcatgcatgacg gaagctaaaggttactagatgctatccgttacggtaaaggtaatgatgatgtacacatt atctgctgtatggactactaaccactgaggaattcctcttctcaatccttatgatgaa cgtgacctaaactcaagagagagacttgttgagtgggaaggacatcaagatggtactctt gaagatggtgtacgttcttaagaattgtgaagctatagtgccaaaacttcttaggt tatgatggtctgtgtttgagaaagctttcctgaaataggaagggttttaattacaca gagaagcgtgtaaggatagactacgctctgacctatgtcctattcgtgttatggatact ttggttatgtcacgtatgcttaacctgatagacgattgccaccacaggcttatgccaaa ggatgggtaatgtgacacctcattgaagcacatggtattcgcataggtagatac aaactgagaatgaggattggtctaaacttactgaccacatggtgcatcgtgtacgtgaa gacgtggcgattggtcgtgacttattcttatggctttataataatgagtgactgagcac aagaaacgtggtgtaataaacgtacaggtattggtgtagagacagcattccatatggaa tctatcgtggccttagagatgcaagacaagctgagcgtgggttccgcttagatatggac aaggcaatagctcgttgaagagttagatgagaagatagatgcaactgttctgctgctc cgtcctcatatgccaatcgtattaaatctaaacctttaaacctgatgagaaacaggaa caagtagagaaaagcaaatgaatactcaatgcttaacaggattggagtctccttgactat gatgcattcatacatgttgaaagaaggggagatagaaagactgtctggtcaccaacaact aatctggtgactggtcggcaactgtcaagaaagattccacacatgccccggtaataga aatgacacaccagagattaatggataggtgcatatactcctgttactttgaagagata ccattaggtaacctgatactgtaaggaagtattatcagcatggttggcgtggtgtt gattacaatgatacagagcaagatcacctagatgagatggtgttcttctaaacctgg agcggtaagattaatgagaaatcaattgaagtatggaagaaagagccgagcgtgatggt aagtcagtgccagattggtccttgggtatcgctagctggtacatactcgtctccgctcgt ggtcaaatcctcaacctggtgatgtggaaccttcgatgagaaaggaacctggccttcg caagctggtacacgaaagtgtcgtggtcctgtgaccttcaacaaagaggttaggt</p>



	<p>atcaatgcgcaaacattctatgaaagatatggtaagtggccaacgcccgatgctgatgat  ggagagtggcgtgtccagctattgctattagtattggtacttctacgttccgtagcgt  catcggaatgtttaaataattcccgcctcgtggcctctatcctcttcgtagttattcata  gctgtaaaggtaaacttatcttaggtgtgatggtgcaggccttgagttacgtgtctta  tctcattcatgaatgaccctgaataccaagacattgtactgcatggatgatccataca  cataaccaattgaaagcaggcctacctaacgtgatatggctaagacatttatctatgca  ttcctgtatggttcaggatatacctaacctgcatcggtatgtggtatctctgaggaagag  atgaaggaagttgtggctcgtttgaaattgagttaccatcactggctagactcaaagag  aatgtagtgtcacaaggtaataagtatggttacctcaagcacctgatggactgggga  agaatccgatgcagaatggcgaactaaagagcatactatgttaaactgcttctcaa  atgacaggctccttatgatgaagtatgcttagtacgtgccttcttaatatgagaaaa  gaaggtgtaggccttgatgagtatggtgacacctgctggtgtagctaactccatgatgag  attcagatggaagttaatgaggatgaagtacttacttaactacacattacctttacc  ctagaaggttttgagaatgagaagaaggtagtgaatctgtgttcgatgtagaggagaaa  cgtgttcatgtggattcggaaggcgtatgtggtctgctgtagtctcgttagtggat  gctgatagtgggttctgcattgccagcgcaggatcatcgtgctggtcaaatcattgcc  gatgctatgacatgggctggccagtatcttaagatgcgttgcctatggctggtgaatac  aagattggtacatcgtgggctgagactcactaa</p>
GC Content [Percent]	42.73
Preceding Gene	BASYS00037
Following Gene	BASYS00039
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA polymerase I, thermostable [H]
Alternate Protein Names	TFI polymerase 1 [H]
Sequence	<p>&gt;Translated_850_residues  MMENINWVEEAKGRILVMDAEAKGLLDAIRYGKGNDDVHIICMDLLTTEEFFNPY-  DE  RDPNSRERLVEWEGHQDGTLEDGVRFLKNCEAIVSQNFLGYDGLLFEKAFPEIWKGFNYT  EKRGKDRLRSDLCPIRVMDTLVMSRMLNPDRLPPQAYAKGMGNVAPHSIEAHGIRIG-  RY  KPENEDWSKLTDHMVHRVREDVAIGRDLFLWLYNNEWTEHKKRGNKRTGIGVE-  TAFHME  SIVALEMSRQAERGFRDMDKAIARCKELDEKIDATVAGFRPHMPMRIKSKPKPDEKQE</p>

	<p>QVEKANEYSMLNRIGVSLDYDAFIHVERRGDRKTVWSPPTKSGDW-  SATVKKDFPHMRGNR  NDTPEIKWIGAYTPVTFFEEIPLGNRDTVKEVLYQHGWVRGVDYNDTEQDHL-  DEYGVLPKPW  SGKINEKSIEVWKERAERDGSVPDWCLGIASWYILVSRGQILNRGDVETDFDEKGTWPS  QAGTRKCRGLVPCAFNKELGINAQTFYERYGKWPTSDVDDGEWRVPAIAI-  SIGTSTFRMR  HRNVVNIPARGLYPLRDLFIAGKGLILGCDGAGLELRVLSHFMMNDPEYQDIVLHGDIHT  HNQLKAGLPKRDMAKTFIYAFLYGSGIPNLASVCGISEEEMKEVVARFEIELPSLARLKE  NVVSQGNKYGYLQAPDGHWGRIRMQNGELKEHTMLNVLLQMTGSLCMKYAL-  VRAFFNMRK  EGVGLDEYGDPAQVANVHDEIQMEVNEDEVLTNLNYTLPTLEGFENEKVVKSVFDVEEK  RVHVDSEGRMWSAASLVSVDADSGVLHCQRRYHRAGQIADAMTWAGQYLKMRCP-  MAGEY  KIGTWAETH  &gt;Mature_850_residues  MMENINWVEEAKGRILVMDAEAKGLLDAIRYKGKNDVHIIICMDLLTTEEFFNPY-  DE  RDPNSRERLVEWEGHQDGTLEDGVRFLKNCEAIVSQNFLGYDGLLFEKAFPEIWKGFNYT  EKRGKDRLRSDLCPIRVMDTLVMSRMLNPDRLPPQAYAKGMGNVAPHSIEAHGIRIG-  RY  KPENEDWSKLTDHMVHRVREDVAIGRDLFLWLYNNEWTEHKKRGVKNKRTGIGVE-  TAFHME  SIVALEMSRQAERGFRLDMDKAIARCKELDEKIDATVAGFRPHMPMRIKSKPFKPEKQE  QVEKANEYSMLNRIGVSLDYDAFIHVERRGDRKTVWSPPTKSGDW-  SATVKKDFPHMRGNR  NDTPEIKWIGAYTPVTFFEEIPLGNRDTVKEVLYQHGWVRGVDYNDTEQDHL-  DEYGVLPKPW  SGKINEKSIEVWKERAERDGSVPDWCLGIASWYILVSRGQILNRGDVETDFDEKGTWPS  QAGTRKCRGLVPCAFNKELGINAQTFYERYGKWPTSDVDDGEWRVPAIAI-  SIGTSTFRMR  HRNVVNIPARGLYPLRDLFIAGKGLILGCDGAGLELRVLSHFMMNDPEYQDIVLHGDIHT  HNQLKAGLPKRDMAKTFIYAFLYGSGIPNLASVCGISEEEMKEVVARFEIELPSLARLKE  NVVSQGNKYGYLQAPDGHWGRIRMQNGELKEHTMLNVLLQMTGSLCMKYAL-  VRAFFNMRK  EGVGLDEYGDPAQVANVHDEIQMEVNEDEVLTNLNYTLPTLEGFENEKVVKSVFDVEEK  RVHVDSEGRMWSAASLVSVDADSGVLHCQRRYHRAGQIADAMTWAGQYLKMRCP-  MAGEY  KIGTWAETH</p>
No. of Amino Acids	Translated: 850 ; Mature: 850
Cys/Met Content	1.5 %Cys (Translated) 3.5 %Met (Translated) 5.1 %Cys+Met (Translated)

	1.5 %Cys (Mature) 3.5 %Met (Mature) 5.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 97368 ; Mature: 97368
Theoretical pI	Translated: 6.49 ; Mature: 6.49
Pfam Domain/Function	<a href="#">PF01367</a> 5_3_exonuc ; <a href="#">PF02739</a> 5_3_exonuc_N ; <a href="#">PF00476</a> DNA_pol_A ; <a href="#">PF09281</a> Taq-exonuc [H]
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00055</a> RIBOSOMAL_S12 ; <a href="#">PS00447</a> DNA_POLYMERASE_A
Specific Function	Has 5'-to-3' exonuclease activity and no 3'-to-5' exonuclease activity [H]
Metabolic Importance	Essential [C]
COG Function	Replication, recombination and repair (code L)
COG ID	<a href="#">COG0749</a> DNA polymerase I - 3'-5' exonuclease and polymerase domains
Gene Ontology	>>> Function: binding Function: nucleic acid binding Function: binding Function: nucleic acid binding Function: DNA binding    >>> Process: physiological processes Process: cell growth and/or maintenance Process: cell proliferation Process: cell cycle Process: DNA replication and chromosome cycle Process: DNA replication

	<p>     &gt;&gt;&gt;  Process: mitotic cell cycle  Process: S phase of mitotic cell cycle  Process: DNA replication      &gt;&gt;&gt;  Process: metabolism  Process: nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolism  Process: DNA metabolism  Process: DNA replication      &gt;&gt;&gt;  Process: cellular process  Process: cell growth and/or maintenance  Process: cell proliferation  Process: cell cycle  Process: DNA replication and chromosome cycle  Process: DNA replication      &gt;&gt;&gt;  Process: mitotic cell cycle  Process: S phase of mitotic cell cycle  Process: DNA replication      &gt;&gt;&gt;  Component: cell  Component: intracellular [C] </p>
Cell Location	Cytoplasm [C]
Similarity	Contains 1 5'-3' exonuclease domain [H]
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available

Metal Ions	Not Available
EC Number	EC =2.7.7.7 [H]
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	<a href="#">9509419</a>

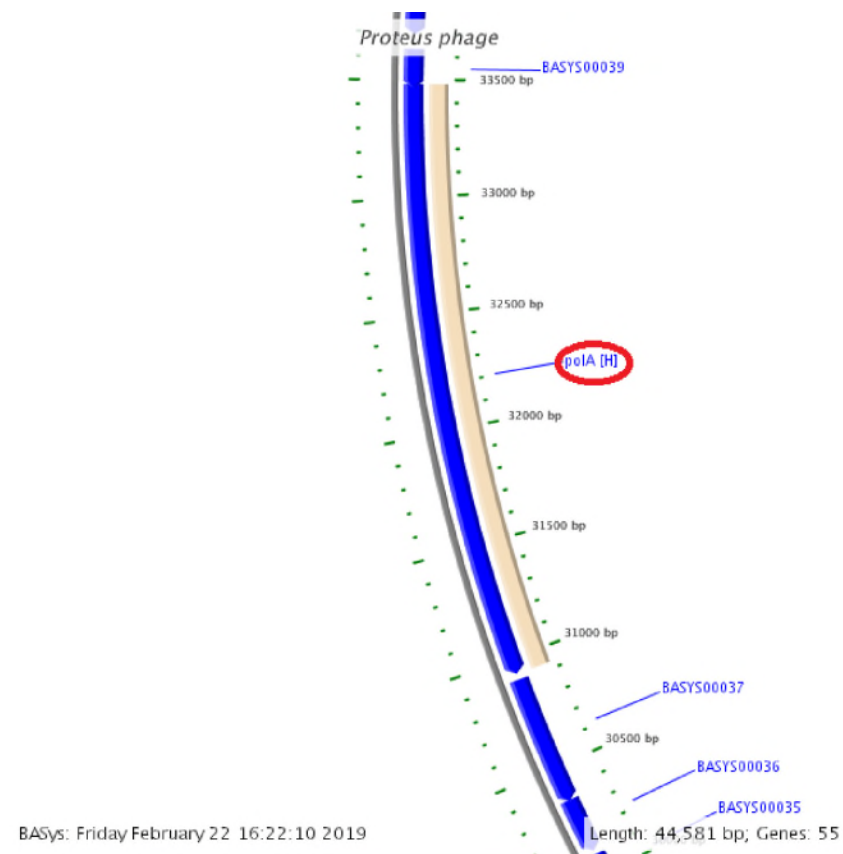


Рисунок 166 - Локализация BASYS00038 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

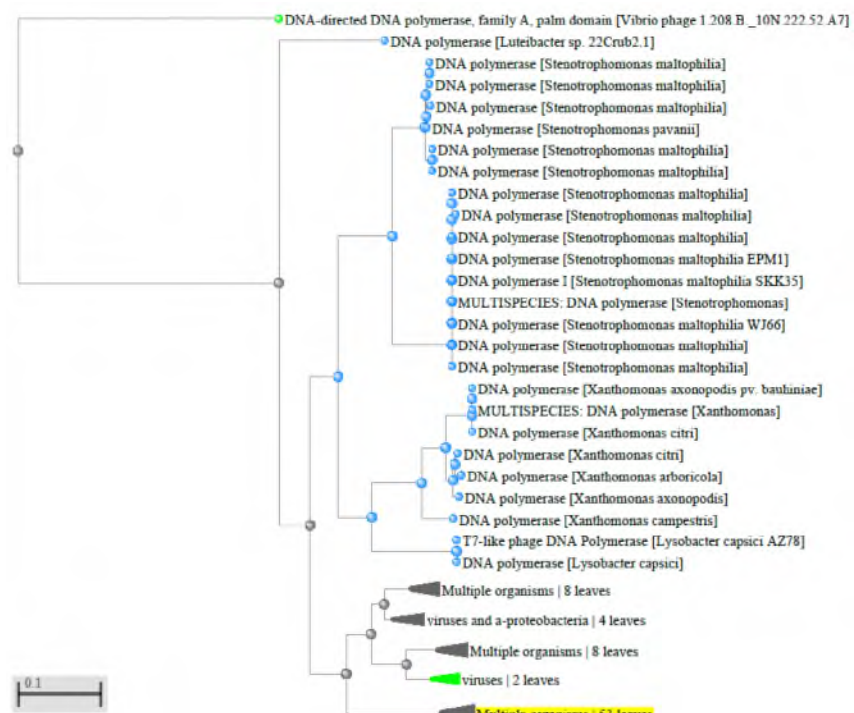


Рисунок 167 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00038 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 168 - Конформационная структура BASYS00038 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00039**

Таблица 114 - Данные о протеине BASYS00039 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:15:58 GMT
Entry ID	BASYS00039.1
Accession No.	BASYS00039
SWISS PROT (A	and ID)

Not available

Other Databases	Not Available	
Gene Position	33630-33466 (Counterclockwise)	
Centisome Position	75.44	
Gene Name	BASYS00039	
Alt	rnate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tgagcaaattataaaagaaagtgagcgtagaagtagttagtaagtcgaaggtgtacaa cagtgttgacagctttctatcatactaattaataaatga	
Gene Sequence	gtggagttagttatgattaaagtagcattaggtttacatcatttagtatctgatgaaaca attgacagtcaagaaagggcagagcgagatgctgagttaggtctgccttacctgaacct gaccgtgatgttgatttatgggaggtagatgatggagaatattaa	
GC Content [Percent]	38.79	
Preceding Gene	polA	
Following Gene	BASYS00040	
Operon Status	Not Available	
Operon Components	Not Available	
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00039	
Alternate Protein Names	Not Available	
Sequence	>Translated_54_residues MELVMIKVALGLHHLVSDETIDSQERAERDAELGLALPEPDRDVLWEVDDGEY >Mature_54_residues MELVMIKVALGLHHLVSDETIDSQERAERDAELGLALPEPDRDVLWEVDDGEY	
No. of Amino Acids	Translated: 54 ; Mature: 54	



Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 3.7 %Met (Translated) 3.7 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 3.7 %Met (Mature) 3.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 6135 ; Mature: 6135
Theoretical pI	Translated: 3.82 ; Mature: 3.82
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

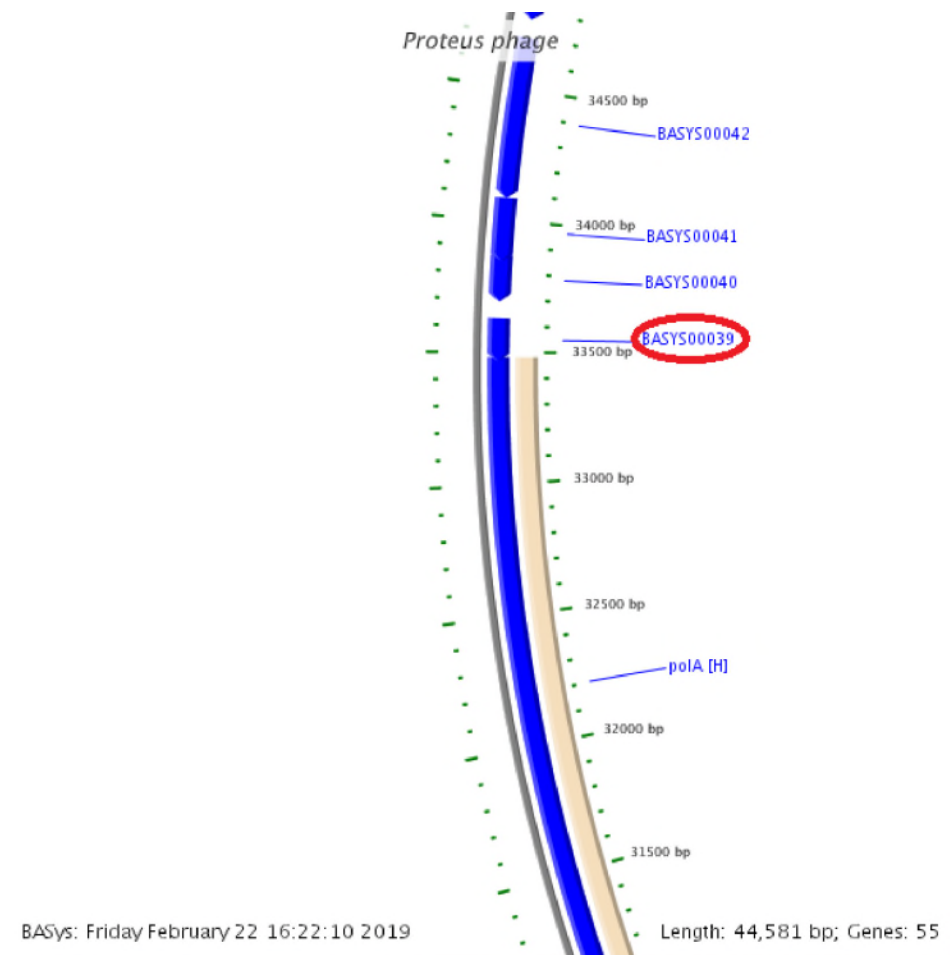


Рисунок 169 - Локализация BASYS00039 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

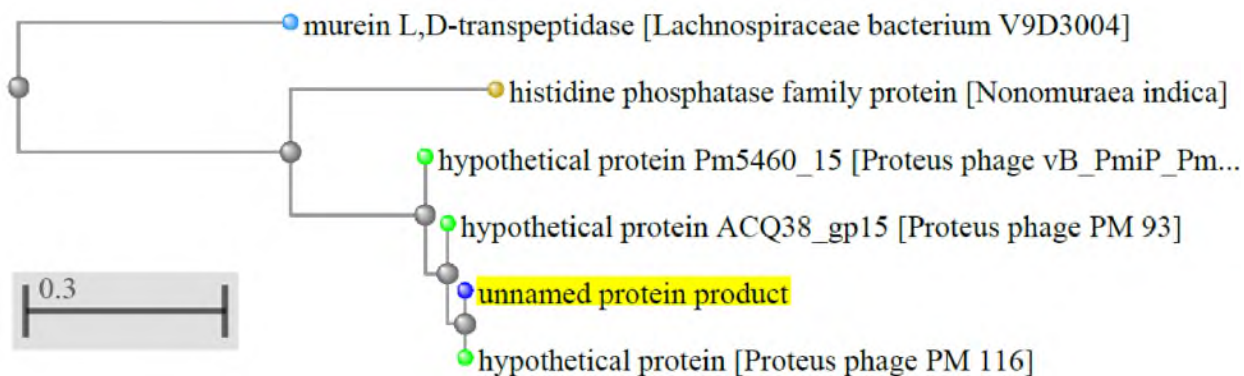


Рисунок 170 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00039 бактериофага Pr 4 - УГСХА

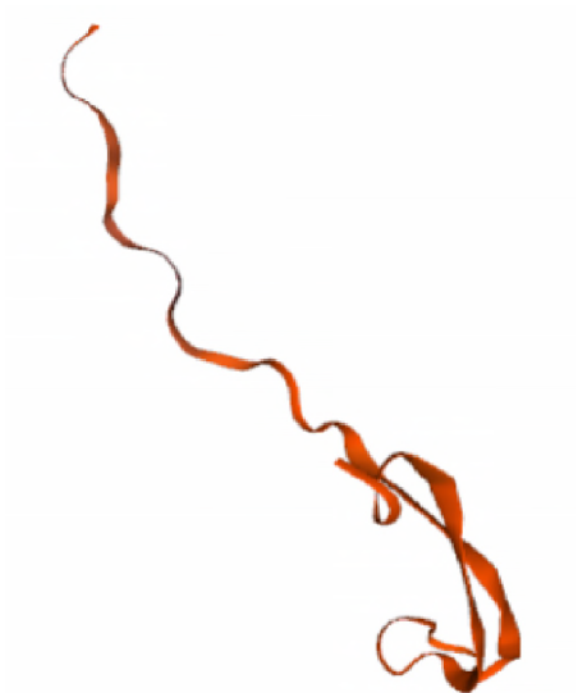


Рисунок 171 - Конформационная структура BASYS00039 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## **BASYS00040**

Таблица 115 - Данные о протеине BASYS00040 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date		01 9/ 2/ 22 16 :1 6: 13 G M T
Entry ID	BASYS00040.1	
Accession No.	BASYS00040	

SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	33870-33694 (Counterclockwise)
Centisome Position	
Gene Name	BASYS00040
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttatcttctgtctggcatcaagagtatgcaggtaaagatacagaagaagattataaaatg tggcaagaaactttggctacaaatattgttggtaattct
Gene Sequence	ttgtggagcatgaagatgaagaataaaattagtttgcctcttagatggcaaaggat atgcaagctcatgttactaatcaggcattctgtttgcacaaatgacactagccgaggct aagaagaacagccttactcgtgagcaaattataaaagaagtgagcgtagaagtag
GC Content [Percent]	38.42
Preceding Gene	BASYS00039
Following Gene	BASYS00041
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00040
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_58_residues MWSMKMKNKISLSILDGKEDMQAHVTNQAFLFAQMTLAEAKKNSLTREQIIKESERKK >Mature_18_residues KKNSLTREQIIKESERKK

5.  
98

No. of Amino Acids	Translated: 58 ; Mature: 18
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 8.6 %Met (Translated) 8.6 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 6757 ; Mature: 2216
Theoretical pI	Translated: 10.50 ; Mature: 10.96
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

Рисунок 172 - Локализация BASYS00040 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

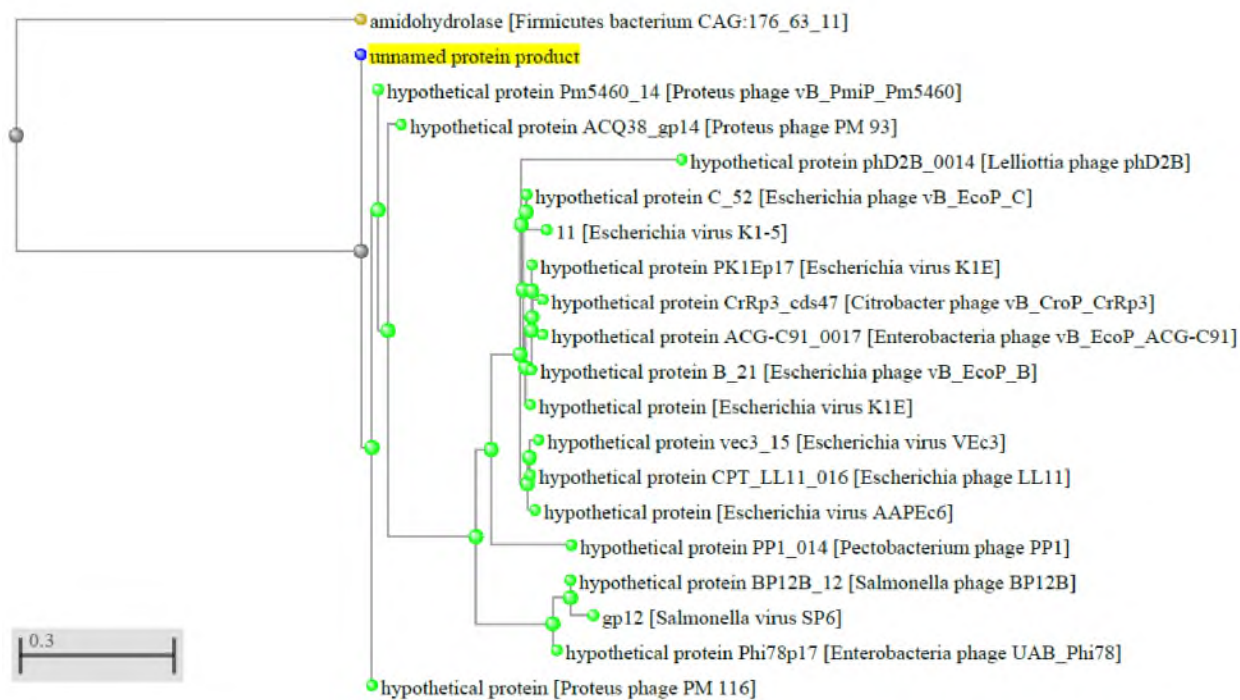


Рисунок 173 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00040 бактериофага Pr 4 - УГСХА

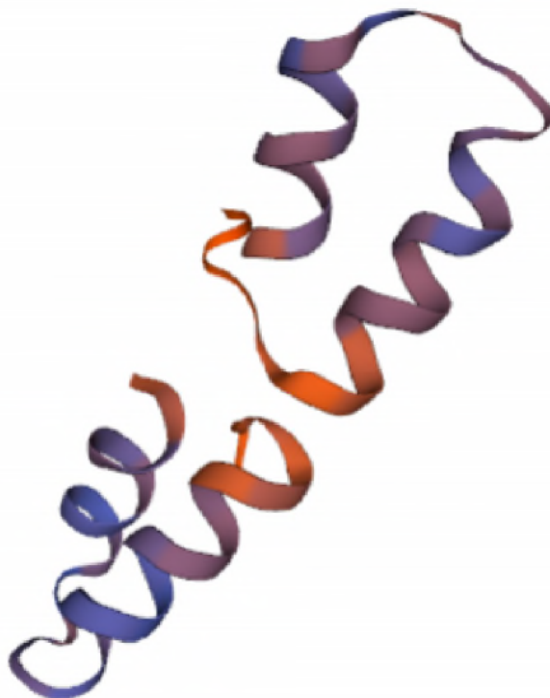


Рисунок 174 - Конформационная структура BASYS00040 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)



## BASYS00041

Таблица 116 - Данные о протеине BASYS00041 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:	6: 27 G M T
Entr	ID	B A S Y S 0 0 0 4 1. 1
Accession No.	BASYS00041	
SWISS PROT	(AC and ID)	Nil o a t b A e v
Other Databases	Not Available	
Gene Position	34087-33845 (Counterclockwise)	
Centisome Position	76.46	
Gene Name	BASYS00041	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases ttattgttactttaggttttaaggcattcgttttaataacaataactcaattgtgttta accctatcgtcacagaagaacatgatggagcgtatata	
Gene Sequence	gtgaataaagtattaattcataaagataaagttggtgacttaatgtacgcagttgtcact ccattcgggtttaaacctttggttatgataagcgtcatgcaataagttgcgctaagtta	

	tcttctgtctggcatcaagagtatgcaggtaaagatacagaagaagattataaaatgtgg caagaaacttttggctacaaatatgttggtgaattcttctgtggagcatgaagatgaagaa taa
GC Content [Percent]	34.98
Preceding Gene	BASYS00040
Following Gene	BASYS00042
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00041
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_80_residues MNKVLHKDKVGDLMYAVVTPFGVKPFGYDKRHAISCAKLSVWHQEYAGKDTEE- DYKMW QETFGYKYVGEFFVEHEDEE >Mature_80_residues MNKVLHKDKVGDLMYAVVTPFGVKPFGYDKRHAISCAKLSVWHQEYAGKDTEE- DYKMW QETFGYKYVGEFFVEHEDEE
No. of Amino Acids	Translated: 80 ; Mature: 80
Cys/Met Content	1.2 %Cys (Translated) 3.8 %Met (Translated) 5.0 %Cys+Met (Translated) 1.2 %Cys (Mature) 3.8 %Met (Mature) 5.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9428 ; Mature: 9428
Theoretical pI	Translated: 5.12 ; Mature: 5.12

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

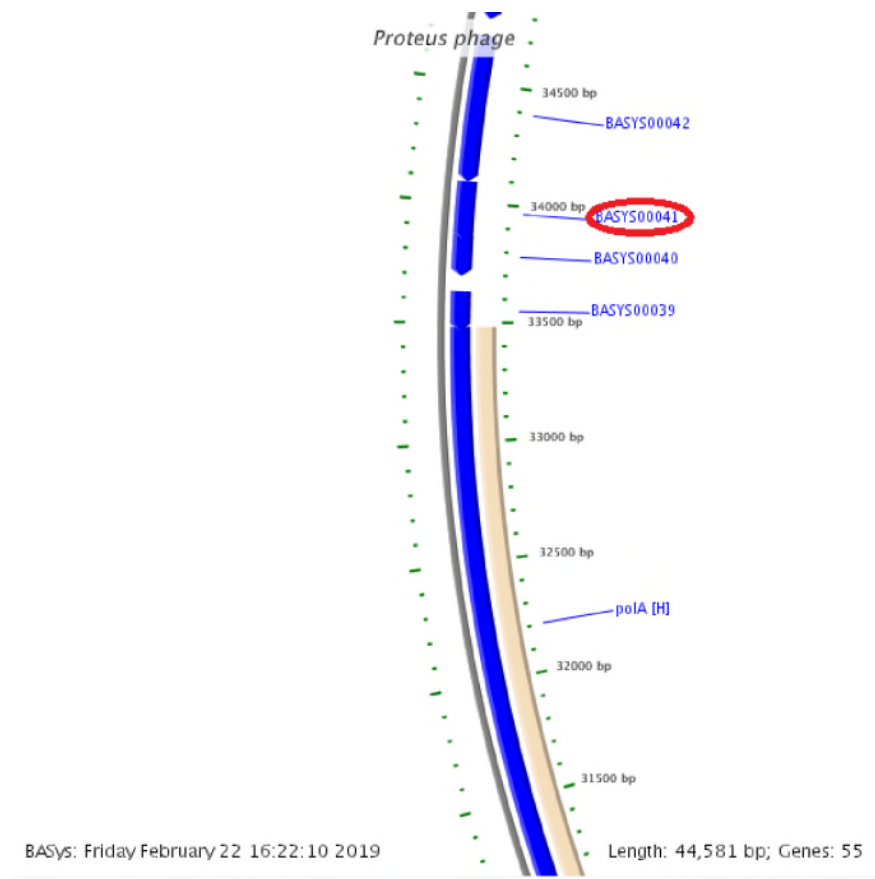


Рисунок 175 - Локализация BASYS00041 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

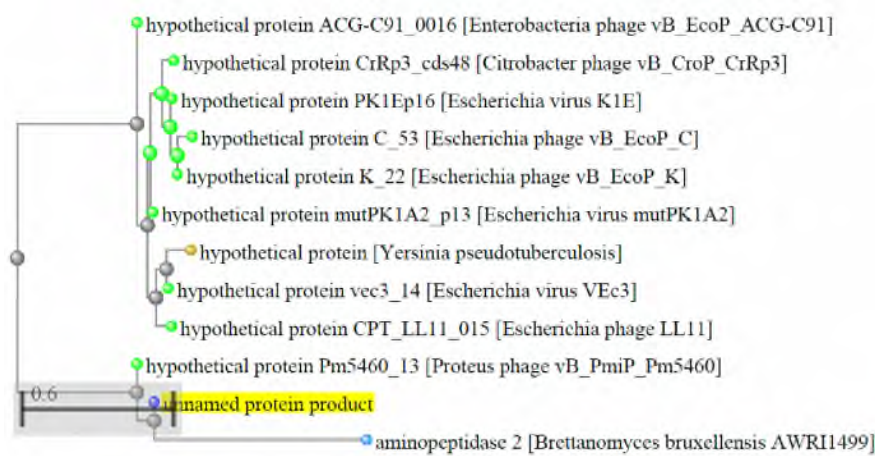


Рисунок 176 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00041 бактериофага Pr 4 - УГСХА

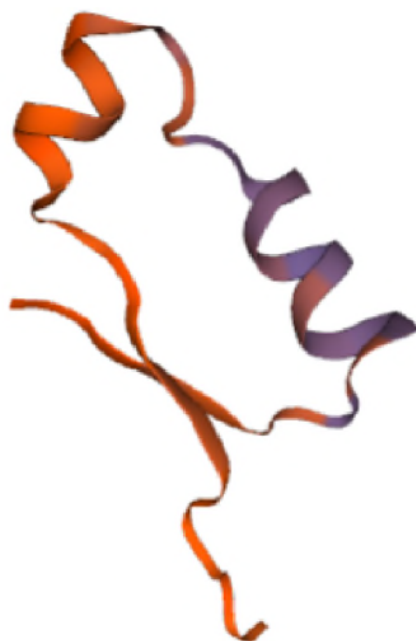


Рисунок 177 - Конформационная структура BASYS00041 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00042**

Таблица 117 - Данные о протеине BASYS00042 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:16:43 GMT
Entry ID	BASYS00042.1
Accession No.	BASYS00042
SWISS PROT (AC and ID)	
Other Databases	Not Available
Gene Position	34698-34087 (Counterclockwise)
Centisome Position	77.83

Nil  
o a  
t b  
Ae  
v

Gene Name	BASYS00042
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases attatctagcacagtaattgttggttagtgtctttatcaggttgccaacactgttggacaatcttattaaatacattagtcataaataggagttatt
Gene Sequence	atgtatcaattaaatttaaatgtaggtagcaaagtacgtaacattcgtgaacactcttcc ttcaaaggcatgattggttttgtgaatgtgaagttaatgaaggcaaaggtgataagtgg cttgtccagtatcaagatggctcgtcgtgtacttactttaaacacctagcacatcattca ttacagttagtagatgaacacaagtcagttaagcaaaccatcaaagagcaacataaggaa gagcgtatcatgattaaacgtgaacgtcgaatgtaactctggttgacacagagtgaa atgatcaagcaacatggttatgcaaaaagggttacacagtttaacctacgtgcattgggt aaaacaacaggacaagcattgtctgttattagtaaggctgtactacaacctaatacacct atatcatttcataatattgacctgcaatagttgaacataatgtgccacctaaaattgcc aatgttggtatgaagagtaagattgaagacctattgttactttaggtttaaaaggcatt cgtttaataacaataactcaattgtgtttaaccctatcgtcacagaagaacatagtgg gagcgtatatag
GC Content [Percent]	35.78
Preceding Gene	BASYS00041
Following Gene	BASYS00043
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00042
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_203_residues MYQLNINVGSKVRNIREHSSFKGMIGFVECEVNEGKGDKWLQYQDGRRTYFKH- LAHHS LQLVDEHKSVKQTIKEQHKKEERIMIKRERRNVISGWTQSEMIKQHGYAKGVTQFNL- RALG KTTGQALSVISKAVLQPNTPISFHNIDHAIVEHNVPPKIANVVMKSKIEDLIVTLGFKGI RFNNNSIVFNPIVTEETYVERI

	>Mature_203_residues MYQLNLNVGSKVRNIREHSSFKGMIGFVECEVNEGKGDKWLQYQDGRRGTYFKH- LAHHS LQLVDEHKSVKQTIKEQHKKEERIMIKRERRNVISGWTQSEMIKQHGyakGVTQFNL- RALG KTTGQALSVISKAVLQPNTPISFHNIDHAIVEHNVPPKIANVVMKSKIEDLIVTLGFKGI RFNNNNSIVFNPIVTEETYVERI
No. of Amino Acids	Translated: 203 ; Mature: 203
Cys/Met Content	0.5 %Cys (Translated) 2.5 %Met (Translated) 3.0 %Cys+Met (Translated) 0.5 %Cys (Mature) 2.5 %Met (Mature) 3.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 23289 ; Mature: 23289
Theoretical pI	Translated: 10.26 ; Mature: 10.26
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available



Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination	10.0

Priority	
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

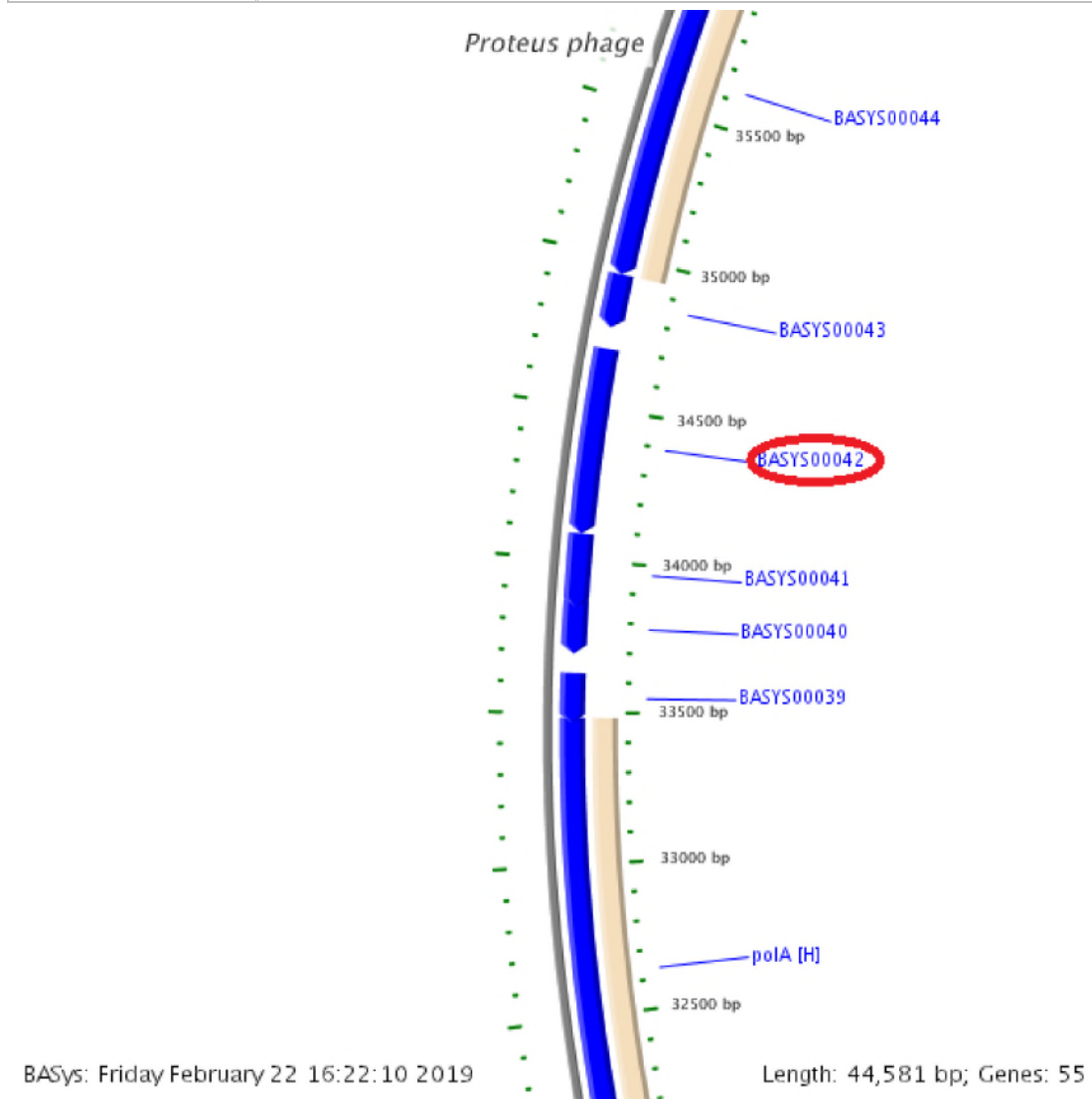


Рисунок 178 - Локализация BASYS00042 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

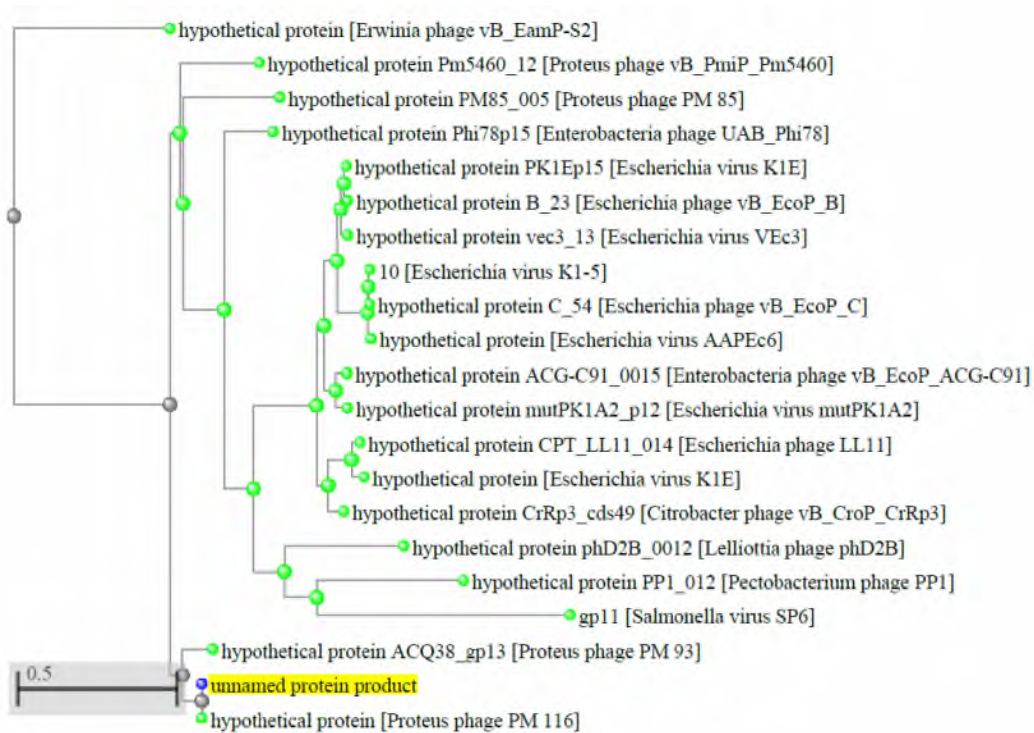


Рисунок 179 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00042 бактериофага Pr 4 - УГСХА

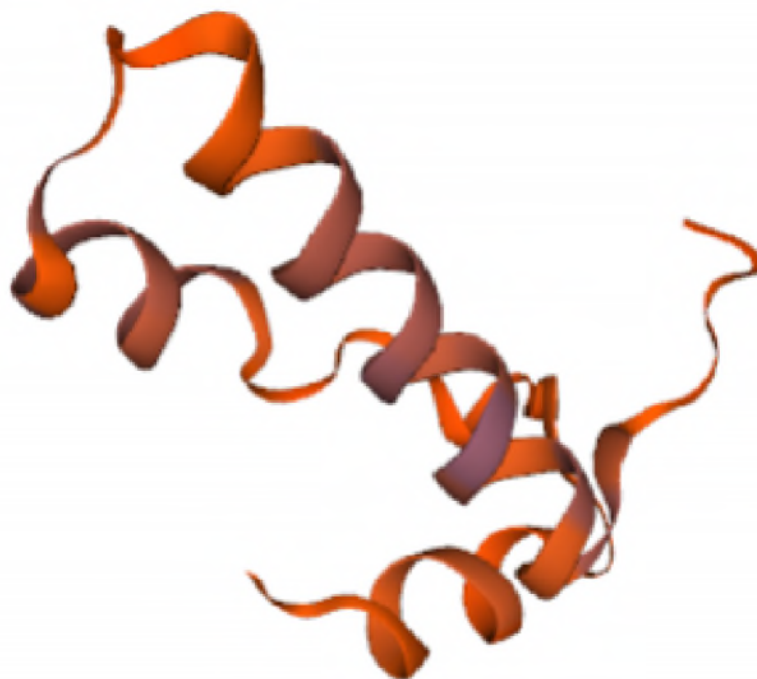


Рисунок 180 - Конформационная структура BASYS00042 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00043**

Таблица 118 - Данные о протеине BASYS00043 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:17:7 GMT	
Entry ID	BASYS00043.1	
Accession No.	BASYS00043	
SWISS PROT (AC nd ID)		Not ila- Av ble
Other Databases	Not Available	
Gene Position	34946-34770 (Counterclockwise)	
Centisome Position	78.39	
Gene Name	BASYS00043	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases gggttaaatcatttgatactgggttctctaaagagcaggaagttctgaattagagacca ctatagaagaaaataaacaagatgaaattgaggagttaa	
Gene Sequence	atgttaacacttattgtagctattttattattcttagcgtcaactgtgttattgataga atgtttggcttaacaaagcagacattagtgaggatttaattattatatctttgctggt gtattaactcttgccattaaaggtagtattatctagcacagttaattgttggttag	
GC Content [Percent]	29.38	
Preceding Gene	BASYS00042	
Following Gene	BASYS00044	
Operon Status	Not Available	
Operon Components	Not Available	

Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00043
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_58_residues MLTLIVAILLFLASTVVIDRMFGFNKADISEVFNYYIFAGVLT LAIKGSYYLAQLIVG >Mature_35_residues FNKADISEVFNYYIFAGVLT LAIKGSYYLAQLIVG
No. of Amino Acids	Translated: 58 ; Mature: 35
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 3.4 %Met (Translated) 3.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 6422 ; Mature: 3903
Theoretical pI	Translated: 6.51 ; Mature: 6.34
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0xe26da98)- ; HASH(0xe24d21c)-
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available

COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available

Structure Determination Priority	7.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

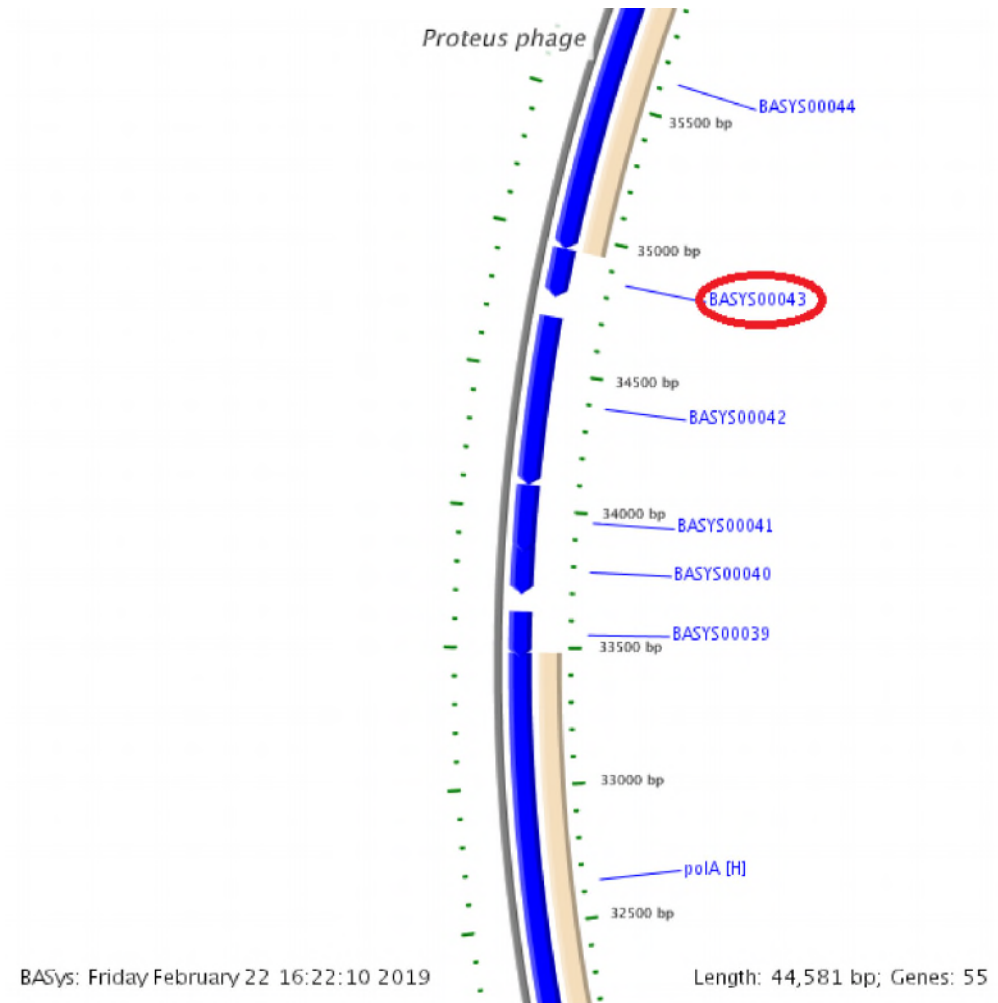


Рисунок 181 - Локализация BASYS00043 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

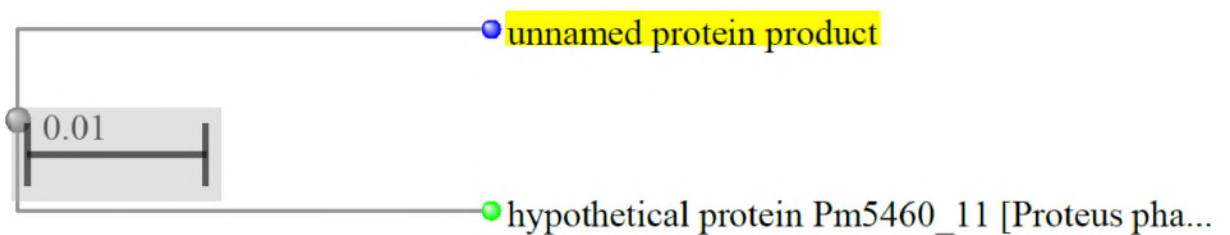


Рисунок 182 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00043  
 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 183 - Конформационная структура BASYS00044 бактериофага Pr 4  
 – УГСХА (согласно данным аналогиям  
<https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00044**

Таблица 119 - Данные о протеине BASYS00044 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:17:19 GMT	
Entry ID	BASYS00044.1	
Accession No.	BASYS00044	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	36934-34946 (Counterclockwise)	
	entisome Position	82 .8 5
	ene Name	BA SY SO



Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	<p>&gt;100_bases  attctggtgtcttccttataaagttcgcaagtgaaagccaagctagagaatggattgtta  aacaacaaccaattactctagttagtaaggagatattgta</p>
Gene Sequence	<p>atggctatcattaacaacctacctgcccgatgtgtcaaaagaacgggcatgataaatca  ggtaatcaccttatgggtgttgatgatgggtcagggtactgtaaccgtggcacttccat  gacaatggcagaccttattatcataagccagaaggtggcatcgagataacagagttacct  atcagtggtaatatacaatatacgcagctcagttaaagagttggagaaagaaggggaag  attgcagaccctaaactacgtgctattgcccttggcggtatgcgtatggctgaccttgg  gaggtgatgaatgaacaagaagggcagagcagaaggcagagtgaggacttgacgtggag  tggttcaatacccttaaacgcaagaacctcatctctcgtcacatacgtggcgacatctgc  gcattgtatgatgctcgtgctgggcacgatgaagaaggggaaggtaaataggcactactat  cctcgttatgaacaaggtaaatagtaggtgctaagtgtcgtactttgcctaaagacttc  cgcttcgggcatcttggtaaactcttggtagcaagaccttgcggtatgcatacaatg  acagccttccttgacaagggcagacgcaaggacactttacttattgtaggtggtaactt  gatgcccttgcactcagcagatgttacttgattctgccaagggtacacaatgggaaggc  aagccttatcatgtatggtctatcaataaaggtgaagcttgcctacaagagattgtagct  aacctgtaacatatctcagttcaagaagattataggggcttggataatgcagaagta  ggatgaagcttaaccaacaagcatctcgtttgttctggcaagcttacatcattgaa  taccatctggttgtaaagatgctaacaaagctttagtggtgtaagcataaagagttt  gttgatgcttggtttaacgctaagcttccgatgaagtattgcaagccagataaaatct  attgcatctcaaagagataagttaaaggaggcaagaccagaacaaggtttatcatggcct  tggcctaagcttaacaagattacactaggtattcgtaagaatcagttgatagtaataggt  gctggttctggttaggtaagacagaatttctacgtgaggttggtaagcacttgattgaa  gagcacggcgagtctgtaggtatcatctcaacagaagacccttacaataaagtggtcgt  gcattcatcgtaagtgattgataagcgtattgaattaccaccttgaataaccaaga  gaggacggtaccgagaggtgttattacacagaagaagaagctaatgcagctatcgac  tatgtagcagatacaggaagctcttggtagcagacctgaaggtgactactctatggaa  aagatagagcagacatgttagagttgaggctatgggtattagcaatatcatcatagat  aacttaacaggaattaaattagatgaacgacaatttggcggaaaggttgagcacttgac  gaatgtgtaaacgcattggaacaatcaaacagacacacaagttaccatcttccttgtt  tcccaccttacgagggttagtggtcaacgcacaccgatgaagcgggtggagatgtctat  ttgtctgacttccgtgggagtgagctattggatttgggcttctatgccattgggatt  aaacgtaatacaatggcagaatcacttgatgagagaacgacaacgtttatatcatgtgtt  aaagaccgagaccaagggatttacacaggaacagagattatgcttaaggagatcttgct  acaggtcgttagttgaaccacaagcaagggtaaatcattgatactgggttccctaaa  gagcaggaagttcctgaattagagaccactatagaagaaaataacaagatgaaattgag  gagtttaa</p>

GC Content [Percent]	42.33
Preceding Gene	BASYS00043
Following Gene	BASYS00045
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA Primase
Alternate Protein Names	DNA Primase/Helicase ; Prim Domain Protein
Sequence	<p>&gt;Translated_662_residues  MAIINNLPCCMCQKNGHDKSGNHLMVFDGAGYCNRGHFHDNGRPYYHKPEGGIEI-  TELP  ISGNIKYTPAQFKELEKEGKIADPKLRAIALGGMRMADRWEVMNEQERAEQKAEWELD-  VE  WFNTLKRKNLISRHIRGDICALYDVRVGHDEEGKVNRYHYPRYEQGKLVGAKCRTLPKDF  RFGHLGKLFQDQDLFGMHTMTAFLDKGRRKDTLLIVGGELDALASQQMLLDSAKGTQ-  WEG  KPYHVWSINKGEACLQEIVANREHISQFKKIWGFNDNEVGMKLNQQASRLFAGKSYIIE  YPSGCKDANKALMAGKHKEFVDAWFNAKSSDEVFASQIKSIASQRDKLKEAR-  PEQGLSWP  WPKLNKITLGIRKNQLVIVAGSGVGKTEFLREVVKHLIEEHGESVGIISTEDPYNKVAR  AFIGKWIDKRIELPPCNNPREDGYREVFYTEEEANAADYVADTGKLFVADLEGDYSME  KIEQTCLEFEAMGISNIIIDNLTGIKLDERQFGGKVGALDECVKRIGTIKDRHKVTIFLV  SHLTRVSGQRTPEAGGDVYLSDFRSGAIGFWASYAIGIKRNTMAESLDERTTTTIFSCV  KDRDQGIYTGTEIMLKGDLATGRLVEPQARVKSFDTGVPKEQEVPELETTIEENKQDEIE  EF  &gt;Mature_661_residues  AIINNLPCCMCQKNGHDKSGNHLMVFDGAGYCNRGHFHDNGRPYYHKPEGGIEITEL-  PI  SGNIKYTPAQFKELEKEGKIADPKLRAIALGGMRMADRWEVMNEQERAEQKAEWELD-  VEW  FNTLKRKNLISRHIRGDICALYDVRVGHDEEGKVNRYHYPRYEQGKLVGAKCRTLPKDFR  FGHLGKLFQDQDLFGMHTMTAFLDKGRRKDTLLIVGGELDALASQQMLLDSAKGTQ-  WEGK  PYHVWSINKGEACLQEIVANREHISQFKKIWGFNDNEVGMKLNQQASRLFAGKSYIIEY  PSGCKDANKALMAGKHKEFVDAWFNAKSSDEVFASQIKSIASQRDKLKEAR-  PEQGLSWPW</p>

	PKLNKITLGIRKNQLIVIGAGSGVGKTEFLREVVKHLIEEHGESVGIISTEDPYNKVARA FIGKWIDKRIELPPCNPREDGYREVFYDYTEEEANAAIDYVADTGKLFVADLEGDYSMEK IEQTCLEFEAMGISNIIIDNLTGIKLDERQFGGKVGALDECVKRIGTIKDRHKVTIFLVS HLTRVSGQRTPEAGGDVYLSDFRSGAIGFWASYAIGIKRNTMAESLDERTTTFISCVK DRDQGIYTGTEIMLKGLATGRLVEPQARVKSFDTGVPKEQEVPELETTIEENKQDEIEE F
No. of Amino Acids	Translated: 662 ; Mature: 661
Cys/Met Content	1.7 %Cys (Translated) 2.3 %Met (Translated) 3.9 %Cys+Met (Translated) 1.7 %Cys (Mature) 2.1 %Met (Mature) 3.8 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 74771 ; Mature: 74640
Theoretical pI	Translated: 6.26 ; Mature: 6.26
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Replication, recombination and repair (code L)
COG ID	<a href="#">COG0305</a> Replicative DNA helicase
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

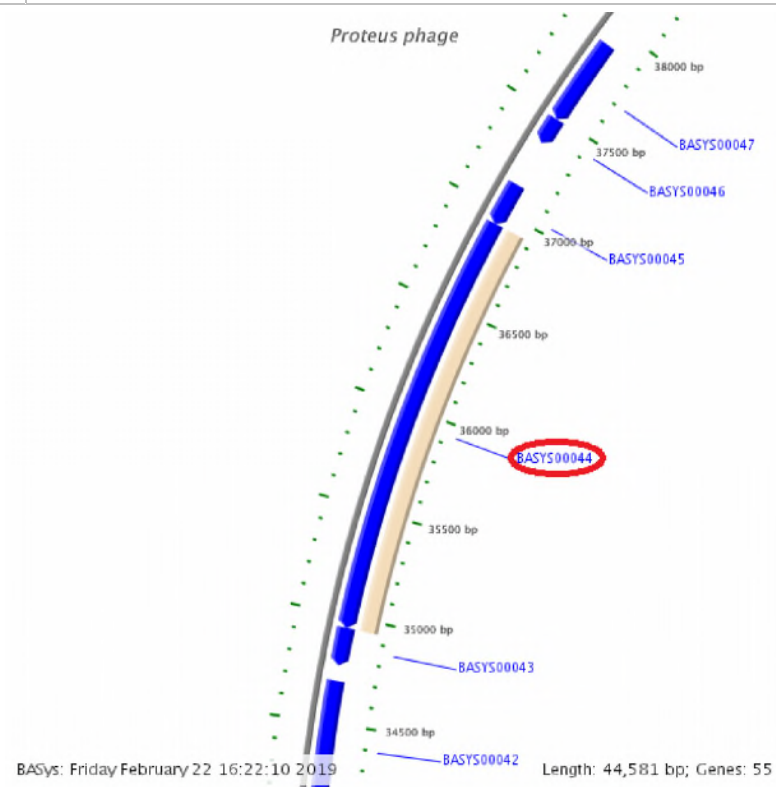


Рисунок 184 - Локализация BASYS00044 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

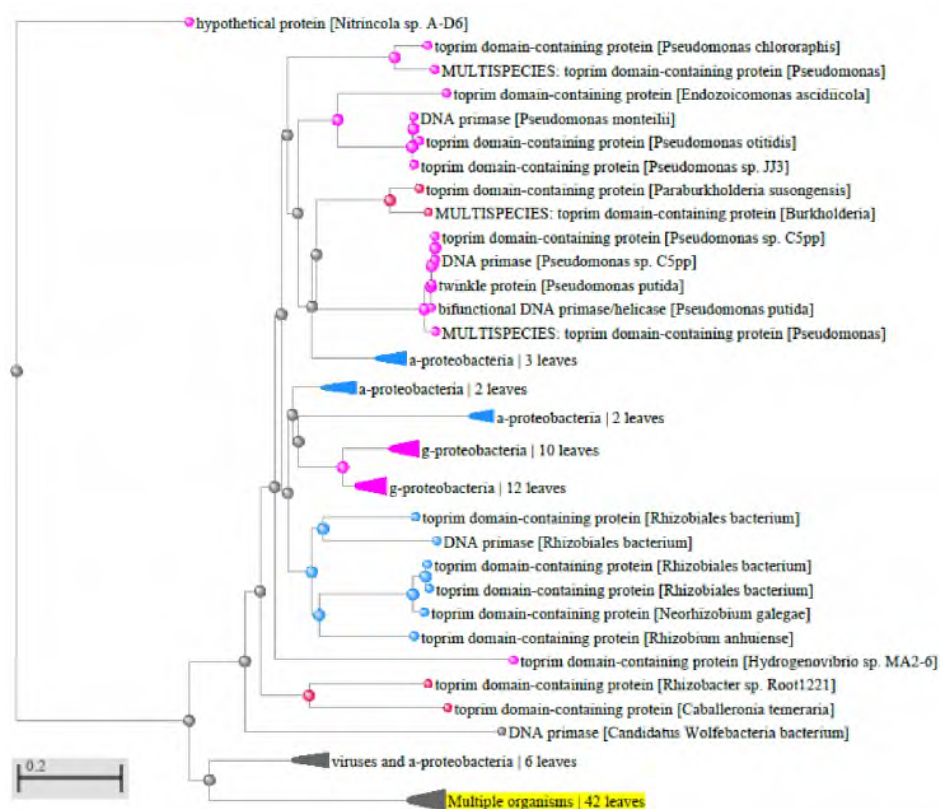


Рисунок 185 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00044 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 186 - Конформационная структура BASYS00044 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00045**

Таблица 120 - Данные о протеине BASYS00045 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:18:12 GMT
Entry ID	BASYS00045.1
Accession No.	BASYS00045
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Avai
Gene Position	37140-36934 (Countercl
Centisome Position	83.31
Gene Name	BASYS00045
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aaagccagaaatagttgctattaccctctgcctctaattgtgcttgctggtagtttg cttgattcaatcattatcaattattcacggagtgatta
Gene Sequence	atgaaaagataccgtgttataagaacacatacagtgacggctctgtagtttattctggt caaagtaaatacttctgtttggagagatgaatacatgacactgattctgggtcttc ctataaagttcgaagtgaagccaagctagagaatggattgttaacaacaaccaatt actctagttagtaaggagatattgtaa
GC Content [Percent]	34.30
Preceding Gene	BASYS00044
Following Gene	BASYS00046

Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00045
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_68_residues MKRYRVIRNTYSDGSVVYSVQSKSFLFWRDEIHDTDSGVFLIKFASESQAREWIVKQQPI TLVSKEIL >Mature_68_residues MKRYRVIRNTYSDGSVVYSVQSKSFLFWRDEIHDTDSGVFLIKFASESQAREWIVKQQPI TLVSKEIL
No. of Amino Acids	Translated: 68 ; Mature: 68
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 1.5 %Met (Translated) 1.5 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 1.5 %Met (Mature) 1.5 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 8028 ; Mature: 8028
Theoretical pI	Translated: 9.63 ; Mature: 9.63
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available



Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available

General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

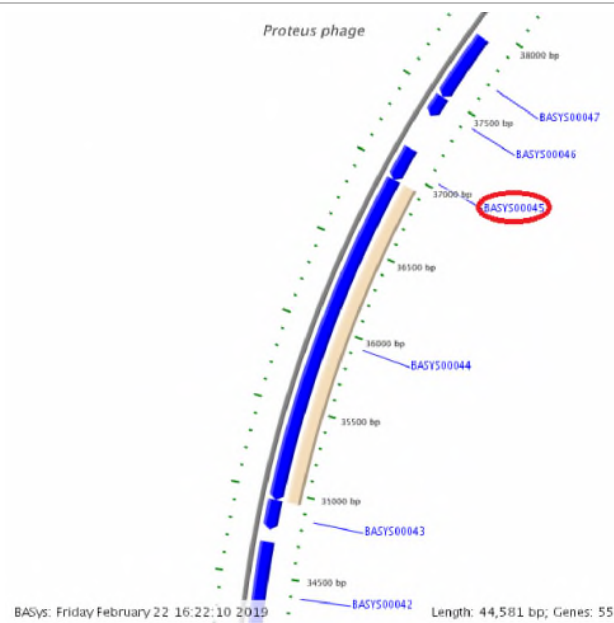


Рисунок 187 - Локализация BASYS00045 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

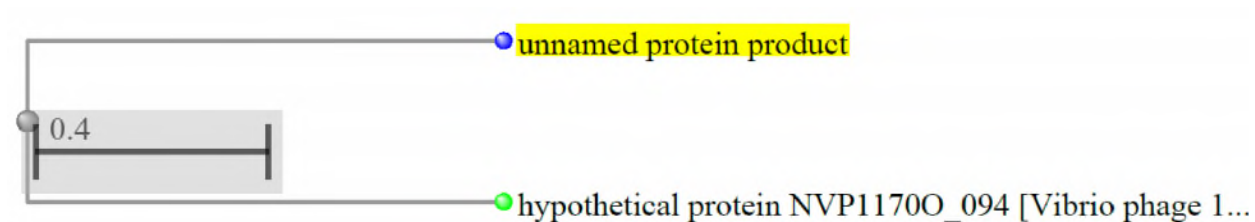


Рисунок 188 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00045 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 189 - Конформационная структура BASYS00045 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00046

Таблица 121 - Данные о протеине BASYS00046 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:18:27 GMT	
Entry ID	BASYS00046.1	
Accession No.	BASYS00046	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	37492-37364 (Countercl	wise)
Centisome Position	84.10	
Gene Name	BASYS0	046
AI	ernate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gagaactacaagaacttacagcagatgatgcaagaataaagaataacatccgttgctca attcgtaataaattaaaacgtaaatcaaaggtaaattaat	

Gene Sequence	atgagaaattatgaaaagataactcgtaaacttagcaaccgttatgacatggaagaaggg cagatgaaaggccgtaagcttaataagactaagcgtggtatttccatgaaacgtatgtgg gaggtgtaa
GC Content [Percent]	38.76
Preceding Gene	BASYS00045
Following Gene	BASYS00047
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00046
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_42_residues MRNYEKITRKSSNRYDMEEGQMKGRKLNKTKRGISMKRMWEV >Mature_42_residues MRNYEKITRKSSNRYDMEEGQMKGRKLNKTKRGISMKRMWEV
No. of Amino Acids	Translated: 42 ; Mature: 42
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 11.9 %Met (Translated) 11.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 11.9 %Met (Mature) 11.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 5196 ; Mature: 5196
Theoretical pI	Translated: 11.17 ; Mature: 11.17
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available

PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available

Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

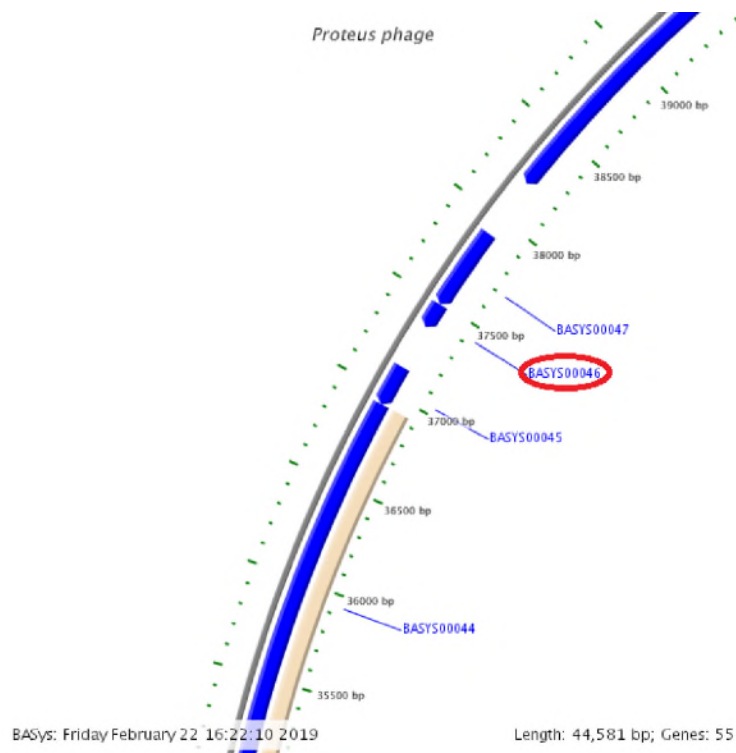


Рисунок 190 - Локализация BASYS00046 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

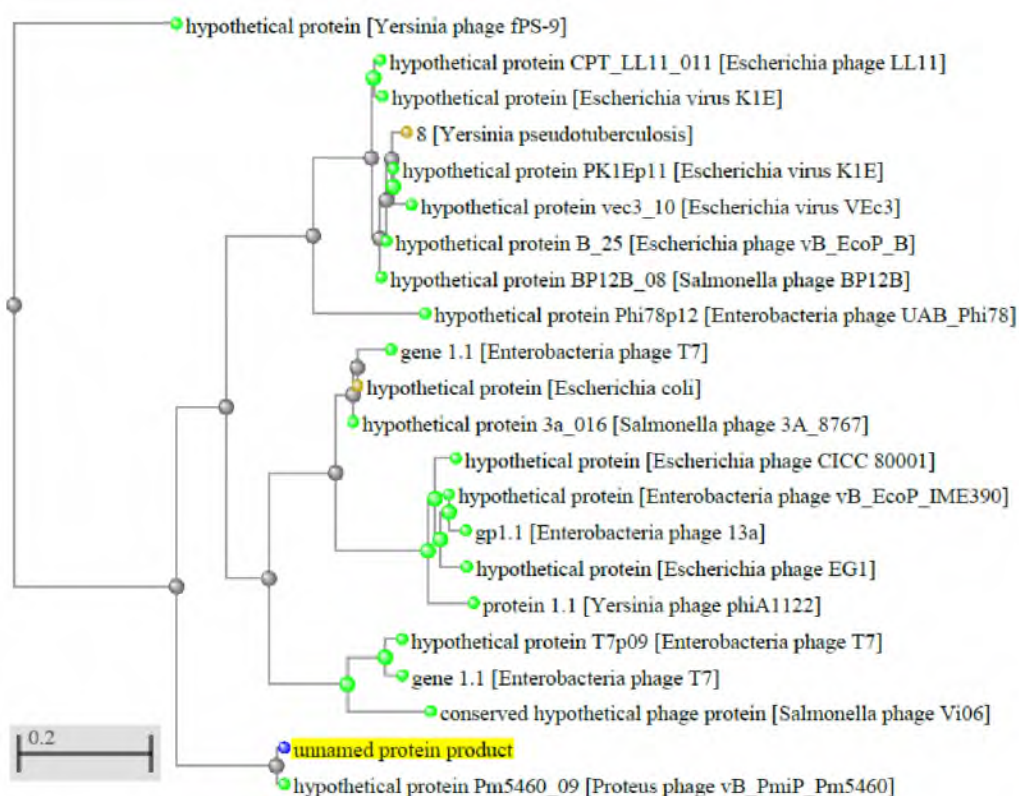


Рисунок 191 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00046 бактериофага Pr 4 - УГСХА

### BASYS00047

Таблица 122 - Данные о протеине BASYS00047 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/	/2 2 16 :1 8: 40 G M T
Entry ID	BASYS00047.1	
Accession No.	BASYS00047	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	

Other Databases	Not Available
Gene Position	37907-37494 (Counterclockwise)
Centisome Position	85.03
Gene Name	BASYS00047
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aggtaactaccttattatctcttcttataataagggtgtaatacctaggttaattagag accagtatagatataacattatttcattaaggaatttatt
Gene Sequence	atgagaggagatttagctagaagggcagaattggcaggttataccatacataaagatggc tctataacaggtaaagcgaggtaatatactaaaaccttggcttcaaacatcaggttactac gtggtaacatagtctttattaaggacaagaacaactacattagtgcatcgactaatt gcaagtaagtattgtgagtgcaatgatattgatgccaatgaagttaaccacaagacggt gacaaactaataatgattcatctaacttagaatggattacacatagacagaacgtaaat catcgtttggtttgagaactcaaagaacttacagcagatgatgcaagaataaagaat aacatccgttgctcaattcgtaataaattaaaacgtaaatcaaaggtaaattaa
GC Content [Percent]	33.82
Preceding Gene	BASYS00046
Following Gene	BASYS00048
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00047
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_137_residues MRGDLARRAELAGYTIHKDGSITGKRGNILKPWLQTSGYVNVNIVFIKGQRRTTLVHRLI ASKYCECNDIDANEVNHKDGDKLNNDSSNLEWITHRQNVNHRFGFENYKELTADDA- RIKN



	<p>NIRCSIRNKLKRKSKVN  &gt;Mature_137_residues  MRGDLARRAELAGYTIHKDGSITGKRGNILKPWLQTSGYYVNVNIVFIKGQRRTTLVHRLI  ASKYCECNDIDANEVNHKDGDKLNNDSSNLEWITHRQNVNHRFGFENYKELTADDA-  RIKN  NIRCSIRNKLKRKSKVN</p>
No. of Amino Acids	Translated: 137 ; Mature: 137
Cys/Met Content	<p>2.2 %Cys (Translated)  0.7 %Met (Translated)  2.9 %Cys+Met (Translated)  2.2 %Cys (Mature)  0.7 %Met (Mature)  2.9 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 15818 ; Mature: 15818
Theoretical pI	Translated: 10.28 ; Mature: 10.28
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

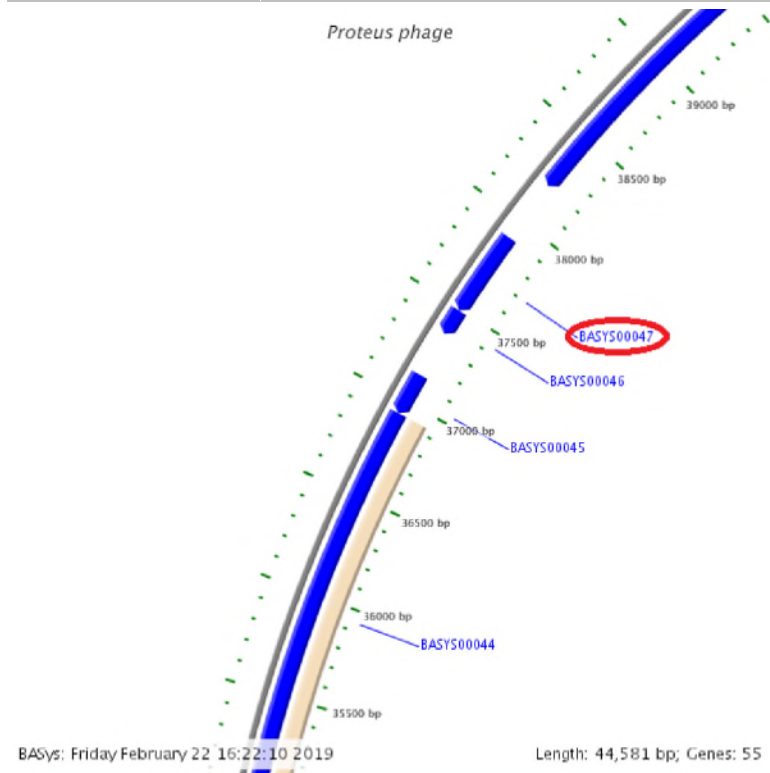


Рисунок 192 - Локализация BASYS00047 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

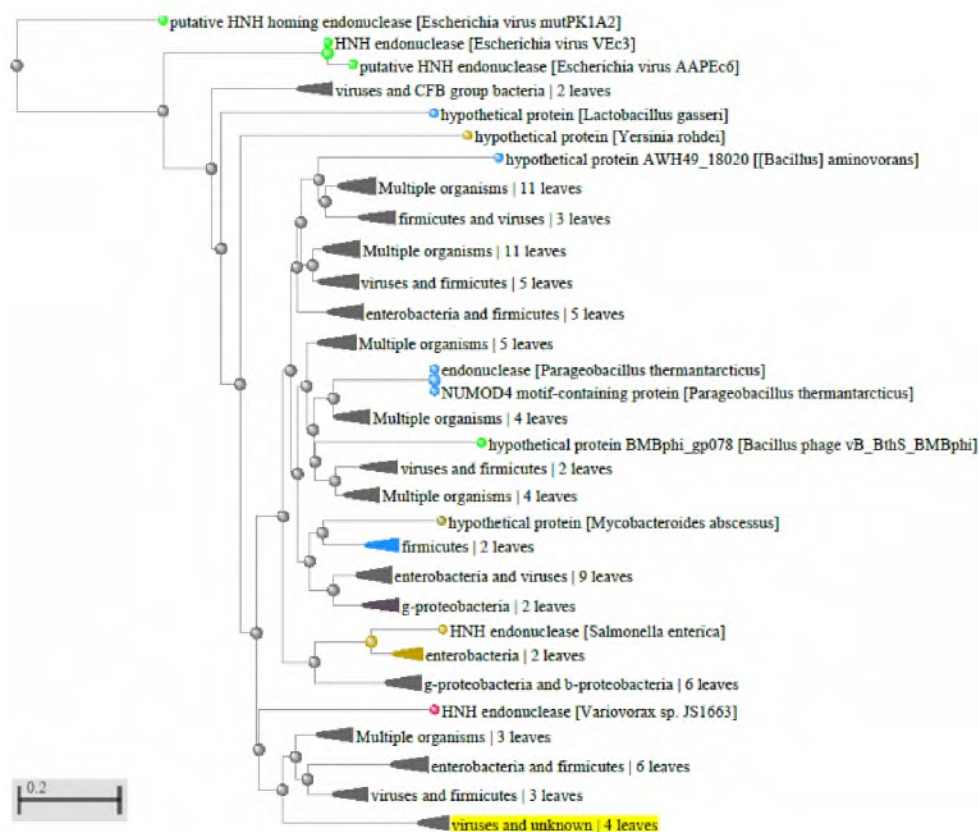


Рисунок 193 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00048 бактериофага Pr 4 – УГСХА

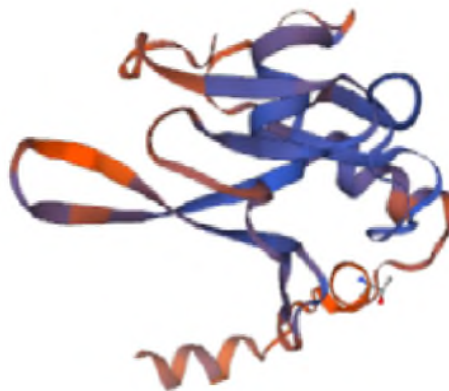


Рисунок 194 - Конформационная структура BASYS00047 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## BASYS00048

Таблица 123 - Данные о протеине BASYS00048 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:19:0 GMT
---------------	-----------------------

Entry ID	BASYS00048.1	
Accession No.	BASYS00048	
SWISS PROT (AC and ID)		ot Av ai- la- bl e
Other Databases	Not Available	
Gene Position	40837-38210 (Counterclockwise)	
Centisome	osition	91 .6 0
	ene Name	BA SY SO OO 48
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases gaagcagtagaagatttataaaataagttgacatatagagcgggctgagttataactta gcccgttttagtatgtttactttgtaataaggtgatgtt	
Gene Sequence	atggattacaagaaatacaattacagttagagaatgaaatgtttaacgggtggcattcgt agattcgaagcagaccaacaaagacatttacaatcaggtaatgcttctgatactgcatgg aatcgtaaagcttatctctgagtttatcgcacctatggcgcaaggtattcaagcatataaa gaagagtacaaggcaagataggtcgtgctcctcgtgcttttagctttcctaaattgtgta gaaaacgaagtgtctgcatatattactatgaaggtagtaatggatagatacaaacagac gtcactttacagtcaatagctatgagtatagctgaccgtattgaagaccaagtaagattt tctaactagaaggcaaagctaagaaatacttgagaaagtaaagcaagtcttaaagct tcacgctctaaacaatgacatggtcataaagttaggtagtagctgaaaagaatcct gctgagaagagcgaagatatagaccgttgattccttggggcaaagaggaattactaaat attggtcttactttacttgagatactagaaaactctgtgtctttaatggtgaaacctgtg ttttccgtactattcgactatgggatataagaaaacattatatttcttacagacatct gagaatattggtgagtggggtacgcatcattaaagaccatgtagcgcaactaagccccgct tatgctccttggtgttctcctcctcctgaaatctcctttaatgggtgggtccat actgagaaagtagctagtcgtattcgtctgtttaaaggtgaccgtgagcatgtacgtaag	

	<p> ttaaacaagcaaatgccgaaagtgtacaagctattaatgctttacaaaatacacia  tggcaagttaacaagagattctaaacgtagctgatgaggtgtaagattagacctggc  tatggtgtgccacacttaaacctctaattgataaagataacaagccagctaactctgtg  cctgttgaattccagcatctaagaggtagagagttaaaggaagtctaagtatgaaaa  tggcaatctttatgcaactggaaaggtgagtgccaagctatacacagcagaaactaag  agaggctctaaatctgcttctgtagttagaatgtagggcaagcgctaaatagcatg  ttgatgcaatctactttgtatatgctatggattcacgttctcgctttacgctcagagt  agcacgctaagcccacaaagtgcgacttaggcaaagcattattaagattcacagaaggg  cgtagcattaattctgtggaagattgaagtggttctgcattaatggtgctaactttgg  ggttgggataagaaaactttgatgtacgtttaataatgtactacaagaagatttcaa  gagatgtcagagatatagcaagtgaccattaacattactcaatgggttggtgctgac  gctccttcaattccttgcatgggctttgagtatgcaaattattagatttagttgat  gaaggaagagcgcagagttaaaactcactaccagtagcatcaggacggctctgtctca  ggtattcaacattatagcgtctatgtaaaagatgaagtaggtgctcgcgctgtaactt  aaacttccgatgcaccacaagacatctacggggaagtggcaaaggttattccgtaag  aataatgagaacatggaagcatcagaagaagactttatgacctctggctctatgcatca  caaggcgtgtattgctgctatggcttctcatgggatagtgtaggaataacaagggga  ttaactaaaaagccgctcatgactctccctacggctctacgcgataactgtcgtgag  tctgtagaagattacttgattaccttagaagaagaggaagttaaagagctattgcagaa  aacgcaaggctaacaaggttccccgttctgttgtagcaaaagaagggcagatttta  gaacgtgacgctttaaactatatgacagctttaatggccttctatctcagaagttgtt  aaggctcctattgtagcaatgcgtatgataaagcaactgcaagatgcatctaaacgc  aatgaaggcttagagtataccttaccactggctttatcttgaacaaaagattatggct  actgagatgctacgttctgcaccatgttaatgggtgatatccgtatgtcctacaagta  gatactgacgtagtagatgagacagcaatgagtgagcaagtcaccaaactttgtacac  ggtcacgatgcaagccacttaacttgacagtagtgacttagtagataaaggtatcaaa  tcaatagcagttattcatgattcatttggtacacatgcagataatacagtagctctacgt  gactctttacccataaaatggtagagatgtacgagaataccaatgcattacagaagtta  ttagaagagcatgaggagagatggttagttgatacaggtatcaaagttccagagcaaggc  actttgatataagagaaatcttaaatcagattatgtattcgcttaa </p>
GC Content [Percent]	39.31
Preceding Gene	BASYS00047
Following Gene	BASYS00049
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA-Directed RNA Polymerase

Alternate Protein Names	DNA-Dependent RNA Polymerase ; RNA-Polymerase ; DNA-Dependent RNA Polymerase Domain Protein
Sequence	<p>&gt;Translated_875_residues</p> <p>MDLQEIQQLLENEMFNGGIRRFEADQQRHLQSGNASDTAWNRLKLISEFIAPMAQGI-QAYK</p> <p>EEYKGIKGRAPRALAFLNCVENEVSAYITMKVVMDMIQTDVTLQSIAMSIADRIEDQVRF</p> <p>SNLEGKAKKYFEKVKASLKASRSKQYAHGHKVMVVAEKNLAEKSEDIDRWIPWG-KEELLN</p> <p>IGLTLEILENSVFFNGEPVFFRTIRTMGYKKTLYFLQTSNIGEWVRAFKDHVAQLSPA</p> <p>YAPCVVPPRPWKSPFNGGFHTEKVASRIRLVKGDREHVRKLTQKQMPKVYKAI-NALQNTQ</p> <p>WQVNKEILNVADEVVRLDLGYGVPHFKPLIDKDNKPANPVPVEFQHHLRGRELKEVLS-DEK</p> <p>WQSFMHWKGECAKLYTAETKRGSKSASVVRMLGQARKYSMFDAIYFVYAMDSSR-VYAQS</p> <p>STLSPQSDDLKALLRFTTEGRSINSVEDLKWFCINGANLWGWDKKTFDVRLLNNVL-QEDFQ</p> <p>EMCRDIASDPLTFTQWVGADAPYQFLAWAFEYANYLDLVDEGRA-HEFKTHLPVHQDGSCS</p> <p>GIQHYSAMLKDEVGARAVNLKPSDAPQDIYGEVAKVVIRKNNENMEA-SEEDFMTSGSMHL</p> <p>QGAVLRAMASSWDSVGITRGLTKKPVMTLPYGSTRITCRESVEDYLITLEEEVVKRAIAE</p> <p>NRKANKVHPFVGDKKEEQILERDALNYMTALIWPSISEVVKAPIVAMRMKQLA-RYASKR</p> <p>NEGLEYTLPTGFILKQKIMATEMLRVRTMLMGDIRMSLQVDTDVVDETAMSGA-SAPNFVH</p> <p>GHDASHLILTVCDLVKGIKSIKIAVIHDSFGTHADNTVALRDSLRLKHMVEMYENTNALQKL</p> <p>LEEHEERWLVDTGIKVPEQGTFDIREILNSDYVFA</p> <p>&gt;Mature_875_residues</p> <p>MDLQEIQQLLENEMFNGGIRRFEADQQRHLQSGNASDTAWNRLKLISEFIAPMAQGI-QAYK</p> <p>EEYKGIKGRAPRALAFLNCVENEVSAYITMKVVMDMIQTDVTLQSIAMSIADRIEDQVRF</p> <p>SNLEGKAKKYFEKVKASLKASRSKQYAHGHKVMVVAEKNLAEKSEDIDRWIPWG-KEELLN</p> <p>IGLTLEILENSVFFNGEPVFFRTIRTMGYKKTLYFLQTSNIGEWVRAFKDHVAQLSPA</p> <p>YAPCVVPPRPWKSPFNGGFHTEKVASRIRLVKGDREHVRKLTQKQMPKVYKAI-NALQNTQ</p> <p>WQVNKEILNVADEVVRLDLGYGVPHFKPLIDKDNKPANPVPVEFQHHLRGRELKEVLS-DEK</p> <p>WQSFMHWKGECAKLYTAETKRGSKSASVVRMLGQARKYSMFDAIYFVYAMDSSR-VYAQS</p> <p>STLSPQSDDLKALLRFTTEGRSINSVEDLKWFCINGANLWGWDKKTFDVRLLNNVL-QEDFQ</p> <p>EMCRDIASDPLTFTQWVGADAPYQFLAWAFEYANYLDLVDEGRA-HEFKTHLPVHQDGSCS</p>

	GIQHYSAMLKDEVGARAVNLKPSDAPQDIYGEVAKVVIRKNNENMEA- SEEDFMTSGSMHL QGAVLRAMASSWDSVGITRGLTKKPVMTLPYGSTRICTRESVEDYLITLLEEEVKRAIAE NRKANKVHPFVGDKEEGQILERDALNYMTALIWPSISEVVKAPIVAMRMKQLA- RYASKR NEGLEYLPTGFILKQKIMATEMLRVRTMLMGDIRMSLQVDTDVVDETAMSGA- SAPNFVH GHDASHLILTVCDLVDKGIKSIAMVHDSFGTHADNTVALRDSL RHKMMVEMYENTNALQKL LEEHEERWLVDTGIKVPEQGTFDIREILNSDYVFA
No. of Amino Acids	Translated: 875 ; Mature: 875
Cys/Met Content	0.9 %Cys (Translated) 3.7 %Met (Translated) 4.6 %Cys+Met (Translated) 0.9 %Cys (Mature) 3.7 %Met (Mature) 4.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 99626 ; Mature: 99626
Theoretical pI	Translated: 6.83 ; Mature: 6.83
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00900</a> RNA_POL_PHAGE_1 ; <a href="#">PS00489</a> RNA_POL_PHAGE_2
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available



COG ID	Not Available																														
Gene Ontology	Not Available																														
Cell Location	Cytoplasmic																														
Similarity	Not Available																														
Homologues	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Organism</th> <th>Length</th> <th>E-Value</th> <th>% Ident</th> <th>Accession</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Homo sapiens</td> <td>703</td> <td>6e-49,</td> <td>26.46</td> <td><a href="#">GI110618253</a></td> </tr> <tr> <td>Caenorhabditis elegans</td> <td>668</td> <td>4e-45,</td> <td>25.90</td> <td><a href="#">GI193203366</a></td> </tr> <tr> <td>Caenorhabditis elegans</td> <td>668</td> <td>7e-44,</td> <td>25.60</td> <td><a href="#">GI193203364</a></td> </tr> <tr> <td>Saccharomyces cerevisiae</td> <td>639</td> <td>4e-48,</td> <td>26.29</td> <td><a href="#">GI6321072</a></td> </tr> <tr> <td>Drosophila melanogaster</td> <td>760</td> <td>3e-45,</td> <td>25.00</td> <td><a href="#">GI20129143</a></td> </tr> </tbody> </table>	Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession	Homo sapiens	703	6e-49,	26.46	<a href="#">GI110618253</a>	Caenorhabditis elegans	668	4e-45,	25.90	<a href="#">GI193203366</a>	Caenorhabditis elegans	668	7e-44,	25.60	<a href="#">GI193203364</a>	Saccharomyces cerevisiae	639	4e-48,	26.29	<a href="#">GI6321072</a>	Drosophila melanogaster	760	3e-45,	25.00	<a href="#">GI20129143</a>
Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession																											
Homo sapiens	703	6e-49,	26.46	<a href="#">GI110618253</a>																											
Caenorhabditis elegans	668	4e-45,	25.90	<a href="#">GI193203366</a>																											
Caenorhabditis elegans	668	7e-44,	25.60	<a href="#">GI193203364</a>																											
Saccharomyces cerevisiae	639	4e-48,	26.29	<a href="#">GI6321072</a>																											
Drosophila melanogaster	760	3e-45,	25.00	<a href="#">GI20129143</a>																											
Paralogues	Not Available																														
PDB Accession	Not Available																														
Resolution	Not Available																														
Structure CLASS	Not Available																														
Cofactors	Not Available																														
Metal Ions	Not Available																														
EC Number	Not Available																														
Kcat Value [1/min]	Not Available																														
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available																														
Km Value [mM]	Not Available																														
Substrates	Not Available																														
Products	Not Available																														

Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

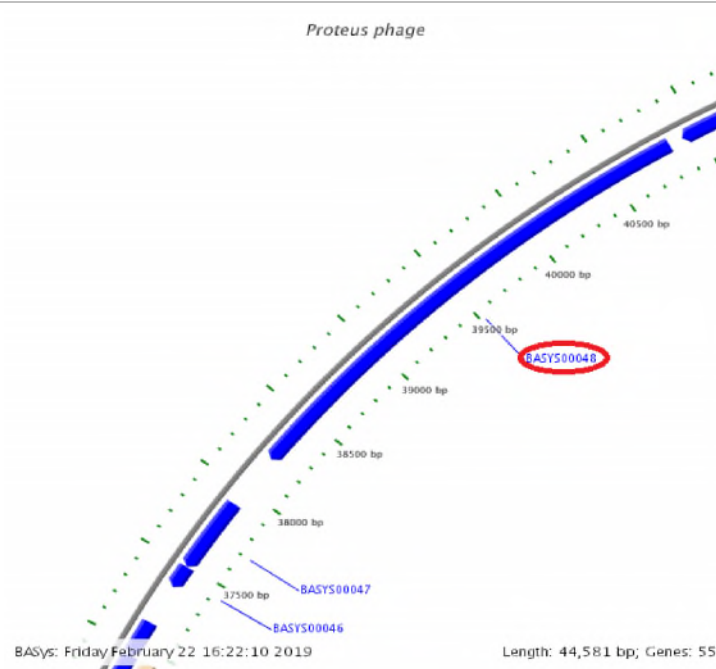


Рисунок 195 - Локализация BASYS00048 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

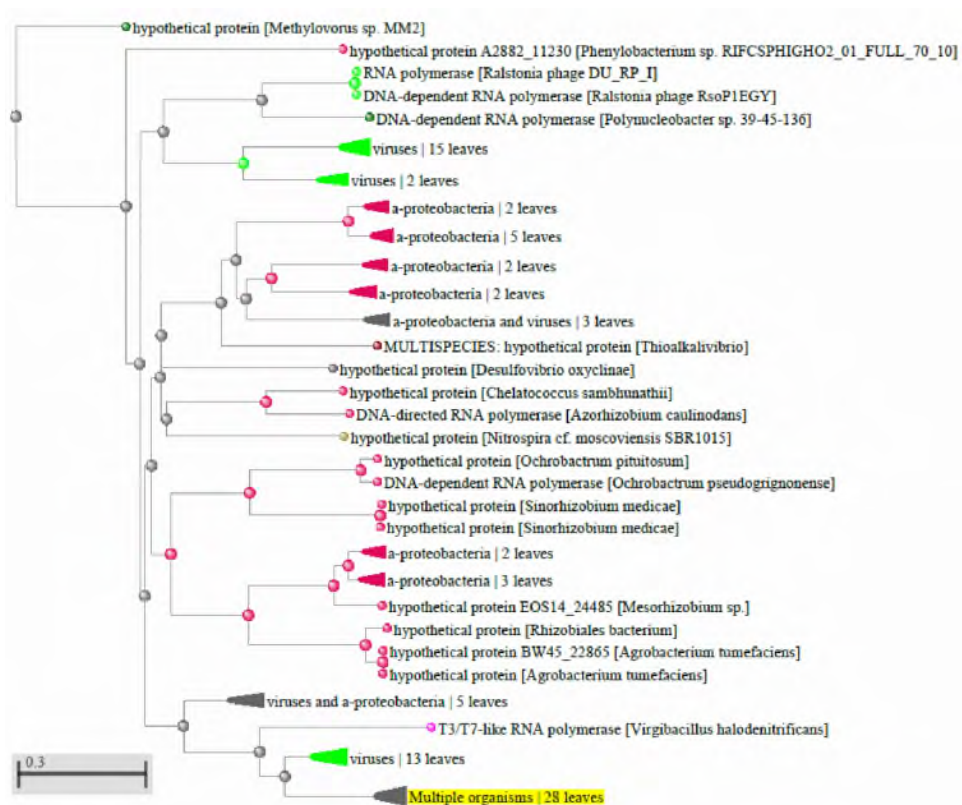


Рисунок 196 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00048 бактериофага Pr 4 - УГСХА

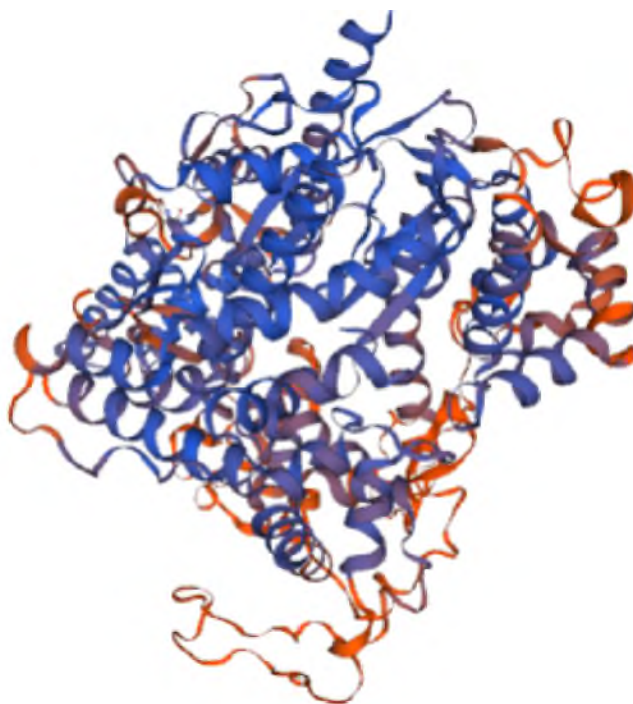


Рисунок 197 - Конформационная структура BASYS00048 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00049**

Таблица 124 - Данные о протеине BASYS00049 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:19:58 GMT	
Entry ID	BASYS	0 4 9 1
Accession No.	BASY	00 04 9
SWISS PROT (	C and ID)	Nk o t A v ai la
Other Databases	Not Available	
Gene Position	41756-40911 (Counterclockwise)	
Centisome Position	93.67	
Gene Name	BASYS00049	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases atagctaatttctttctaagattaagataataggtagcctaatgcgtctctgtggcgca ttgtgaaacttattaattaaccaacataaggtatattact	
Gene Sequence	atgactaaccaagttcttactttacgtgatgaaatcagaaatgaagttaatgcattatta gacaatattggtgcatcttacttacgtataggtgagttgttgatgaagcaagaagcgac tttgataatcaaagagacttcctatcatgggttgaatgaatttagtattaagaagtca caatgcttaacttaatgaaagtttcttcttcaatgaaacaaatgaatcatttcagaaa gtctcaatgcgtgattgttgcttattcccttacatggacgacaacgacattatgctc cgtgctgaggttctggcgttacgtgggtgacctaccacaacagcctaataatcatttta ggcaagcctgaaactaaagttaaggaaacacaagccgaacctgagaaaacacaggagaag	

	<p>ccagcacaattacaatctgtgccacaggaagaggctaaggaagaaaacaaaattccttt  gagccagatgtagaggaaaaggtcagtgagcctaaagctcaacctatcgagtcacaagat  aatgtggataatacggctatgaaagccttgcttgagcagattaaacgctcacagagcag  aacagagagctacaagagcgtattatctccttatcaagtgtgagagaaacaagaaagcc  acagctcctatgttgccacagtttaaatcttctgcatgtatgcacgcttaggcttatca  gcagaagaagcaacgaagaaaacagcggtaacaaagctaagcgtgaattagcaagtta  ggttatggcgaaggccatgaagcatgggattttattaagaagcagtagaagattatta  aaataa</p>
GC Content [Percent]	39.13
Preceding Gene	BASYS00048
Following Gene	BASYS00050
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00049
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_281_residues  MTNQVLTLRDEIRNEVNALLDNIGASYLRIGELLNEARSDFDNQRDFLSWVENEFSSIKKS  QCFNLMKVSLHFKDNESFQKVS MRVLLALIPYMDDNDIMRRAEVLALRGDLTTNSL-  NIIL  GKPETKVKETQAEPEKTQEKPAQLQSVPQEEAKEENKIPFEPDVEEKVSEPKAQPIESQD  NVDNTAMKALLEQIKLTLTEQNRELQERIISLSSVRETKKATAPMLPQFKSSCMYARLGLS  AEEATKKTAVNKAKRELVKLGYGEGHEAWDFIKEAVEDLLK</p> <p>&gt;Mature_280_residues  TNQVLTLRDEIRNEVNALLDNIGASYLRIGELLNEARSDFDNQRDFLSWVENEFSSIKKSQ  CFNLMKVSLHFKDNESFQKVS MRVLLALIPYMDDNDIMRRAEVLALRGDLTTNSL-  NIILG  KPETKVKETQAEPEKTQEKPAQLQSVPQEEAKEENKIPFEPDVEEKVSEPKAQPIESQDN  VDNTAMKALLEQIKLTLTEQNRELQERIISLSSVRETKKATAPMLPQFKSSCMYARLGLSA  EATKKTAVNKAKRELVKLGYGEGHEAWDFIKEAVEDLLK</p>
No. of Amino Acids	Translated: 281 ; Mature: 280
Cys/Met Content	0.7 %Cys (Translated) 2.8 %Met (Translated)

	3.6 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 2.5 %Met (Mature) 3.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 32074 ; Mature: 31943
Theoretical pI	Translated: 4.82 ; Mature: 4.82
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available

Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*



Рисунок 198 - Локализация BASYS00049 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

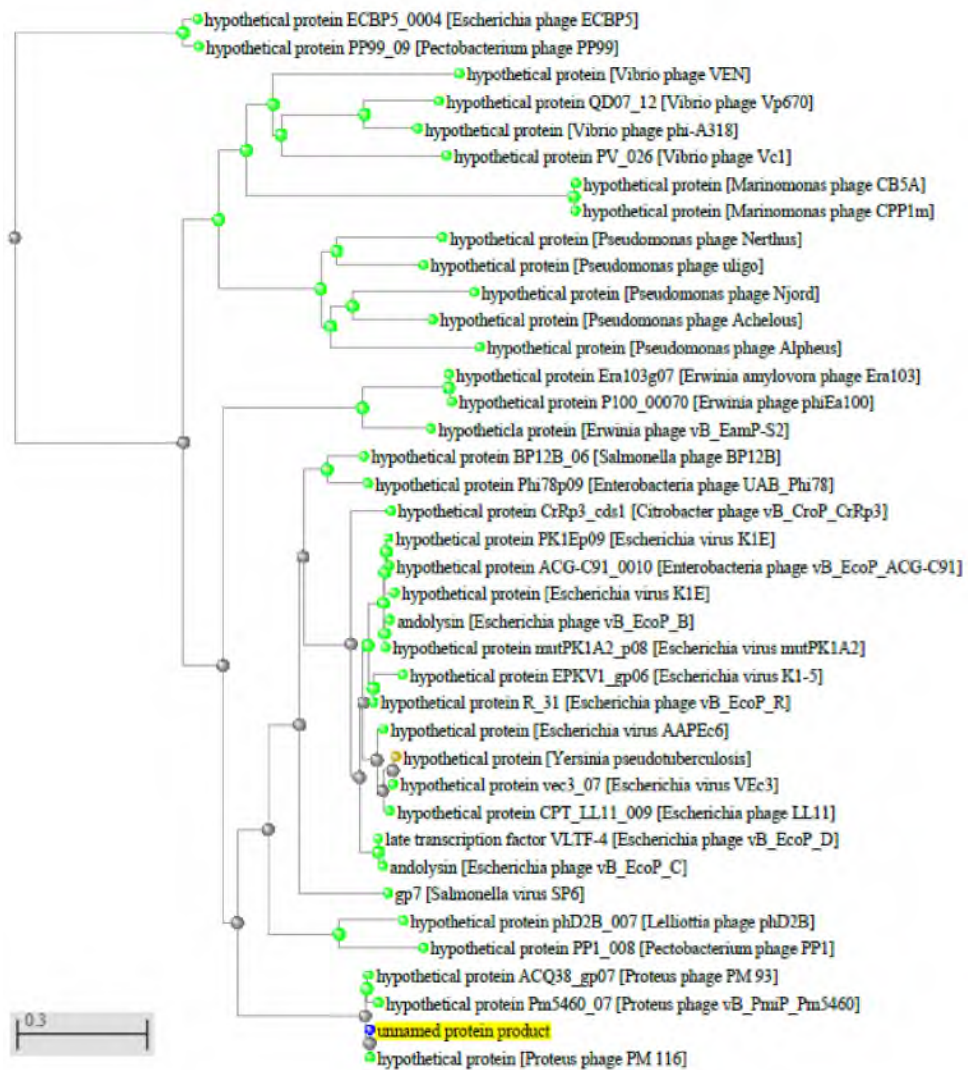


Рисунок 199 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00049 бактериофага Pr 4 - УГСХА

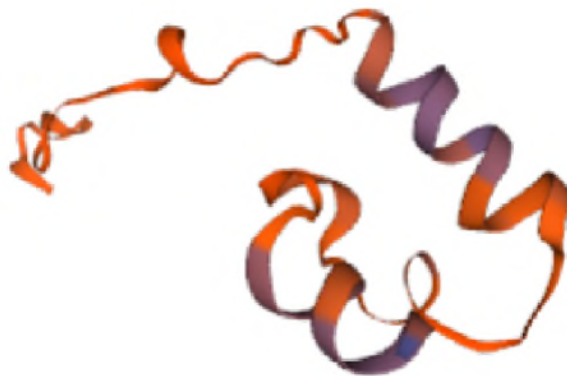


Рисунок 200 - Конформационная структура BASYS00049 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям)



<https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00050**

Таблица125 - Данные о протеине BASYS00050 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:20:26 GMT
Entry ID	BASYS00050.1
Accession No.	n No.
SWISS-PROT	SPROT (Accession No.)
Other Databases	Not Available
Gene Position	42045-41827 (Coordinates)
Centisome Position	94.31
Gene Name	BASYS00050
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aggaggttctaggaacaacctataaaatgtagctagttggtttatcaggcattcttg gagtgccctattaaactaattaactgataaggaataatt

BA  
SY  
SO  
00  
50

N  
I  
c  
D  
t  
)  
A  
v  
a  
l  
a  
b  
e

ter  
cl  
ck  
wi  
se

Gene Sequence	atggttatgttttcggtgttacaactctagttgctttctgctacttagtttatcgtgta ggtactactaataaagccataaatattataagagaagaaggcttaacggtttatggtgat ggtaatatgtatgtgttgattgataatcatgggtgaattgagtacataacagagaatcaa ttaattgaaatagctaatttcttctaagattaagataa
GC Content [Percent]	29.68
Preceding Gene	BASYS00049
Following Gene	BASYS00051
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00050
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_72_residues MVMFFGVTTLVAFICYLVYRVGTTNKAINIREEGLTVYGDGNMYVLIDNHGVIEYITENQ LIEIANFFLRLR >Mature_72_residues MVMFFGVTTLVAFICYLVYRVGTTNKAINIREEGLTVYGDGNMYVLIDNHGVIEYITENQ LIEIANFFLRLR
No. of Amino Acids	Translated: 72 ; Mature: 72
Cys/Met Content	1.4 %Cys (Translated) 4.2 %Met (Translated) 5.6 %Cys+Met (Translated) 1.4 %Cys (Mature) 4.2 %Met (Mature) 5.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 8298 ; Mature: 8298
Theoretical pI	Translated: 4.84 ; Mature: 4.84
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0xe2867d4)-
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available

Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	7.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

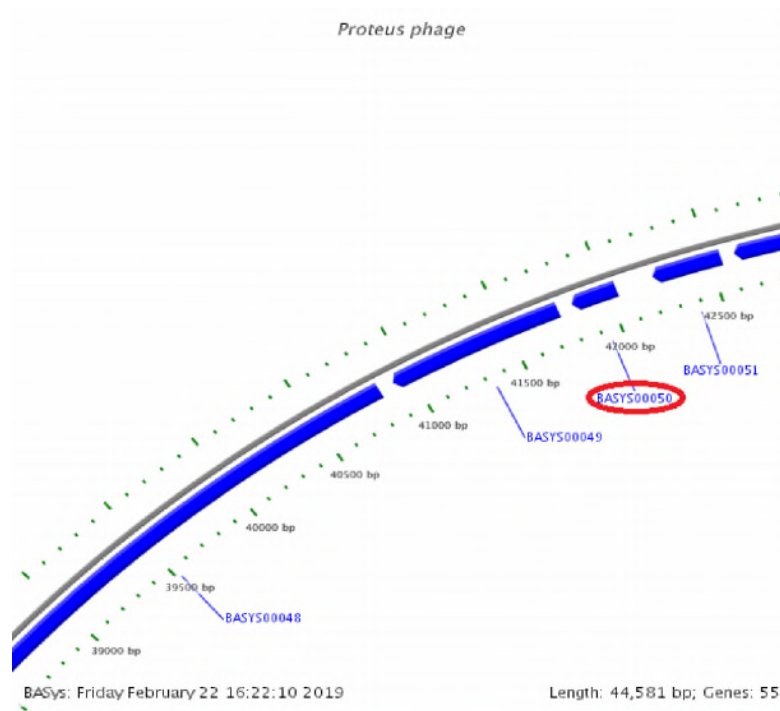


Рисунок 201 - Локализация BASYS00050 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

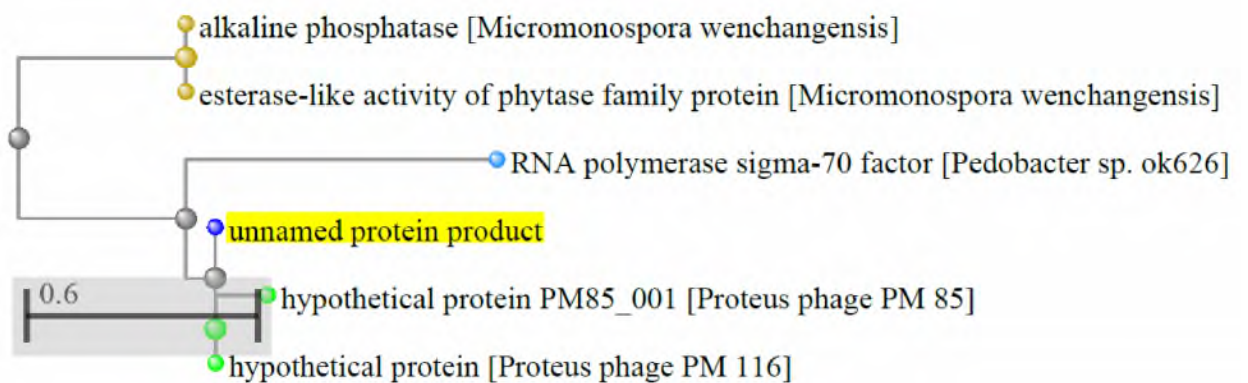


Рисунок 202 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00050 бактериофага Pr 4 - УГСХА

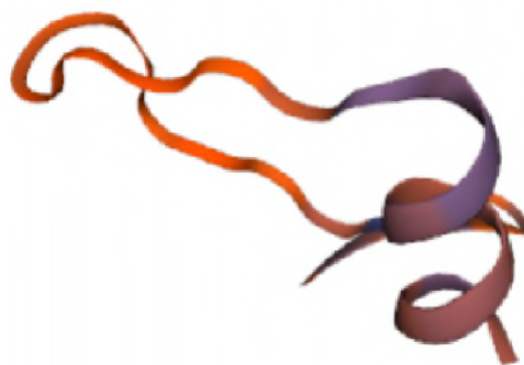


Рисунок 203 - Конформационная структура BASYS00050 бактериофага Pr 4  
 – УГСХА (согласно данным аналогиям  
<https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00051**

Таблица 126 - Данные о протеине BASYS00051 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:20:40 GMT	
Entry ID	BASYS00051.1	
Accession No.	BASYS00051	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
	ther Databases	Not Available
Gene Position	42553-42224 (C	unterclockwise)
Centisome Position	n	95.45
Gene Name	BASYS00051	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases cttacttggcttgggataatgtaagcatgagttaatagcctagtgagtcgcttagtggtgctcactgtgaaattaacttaacttaataaggattaaatc	
Gene Sequence	atgactacatataatgaagtttagacagtgctattgaatctttaaagaatacattgaa tgtaatgatattcaagaagaacatagaaattcaggatgcaatatccgaatagcagat aacgctataccaattataattgtgacattttctgtgtttgctgagggtggcattagc tatcaaatggatgatacaggttaatagagggttgatgatgtaatccagattctaaa atgagaatatatgaggaaacttagtaacgacctatcatatggtgagaggttaataaat gagatgtttattcactagaggaggagtaa	

GC Content [Percent]	32.12
Preceding Gene	BASYS00050
Following Gene	BASYS00052
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00051
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_109_residues MTTYNEVLDSAIESLKEYIECNDIQEETYEIQDAISEIADNAIPIYNCDFSVFAEGGIS YQMDDTGLIEGCDVVIQILQMRIYEELSNDLYHMVRGLINEYVYSLEEE >Mature_108_residues TTYNEVLDSAIESLKEYIECNDIQEETYEIQDAISEIADNAIPIYNCDFSVFAEGGISY QMDDTGLIEGCDVVIQILQMRIYEELSNDLYHMVRGLINEYVYSLEEE
No. of Amino Acids	Translated: 109 ; Mature: 108
Cys/Met Content	2.8 %Cys (Translated) 3.7 %Met (Translated) 6.4 %Cys+Met (Translated) 2.8 %Cys (Mature) 2.8 %Met (Mature) 5.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 12585 ; Mature: 12454
Theoretical pI	Translated: 3.35 ; Mature: 3.35
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available

Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available



Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Proteus phage*

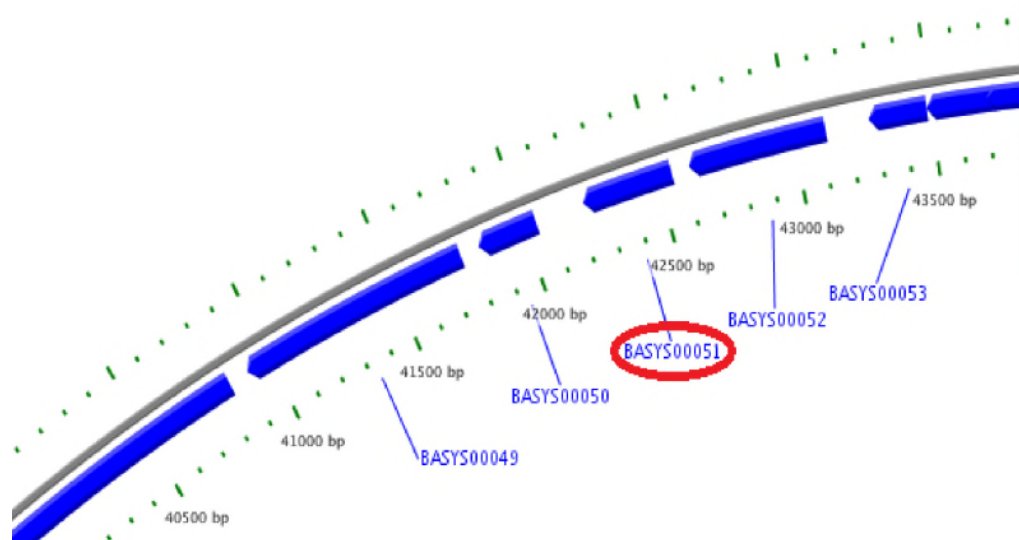


Рисунок 204 А - Локализация BASYS00051 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

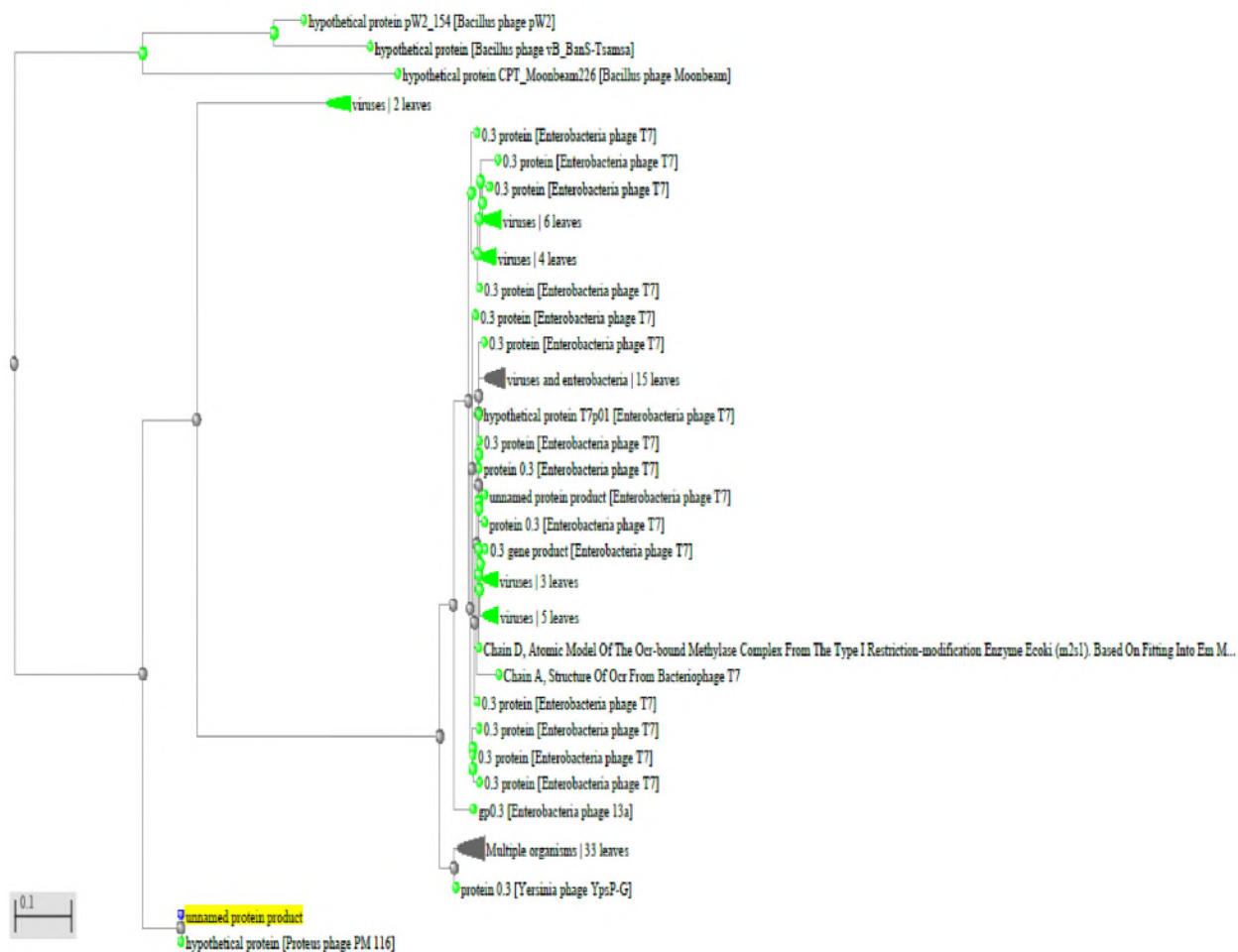


Рисунок 204 Б - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00051 бактериофага Pr 4 – УГСХА

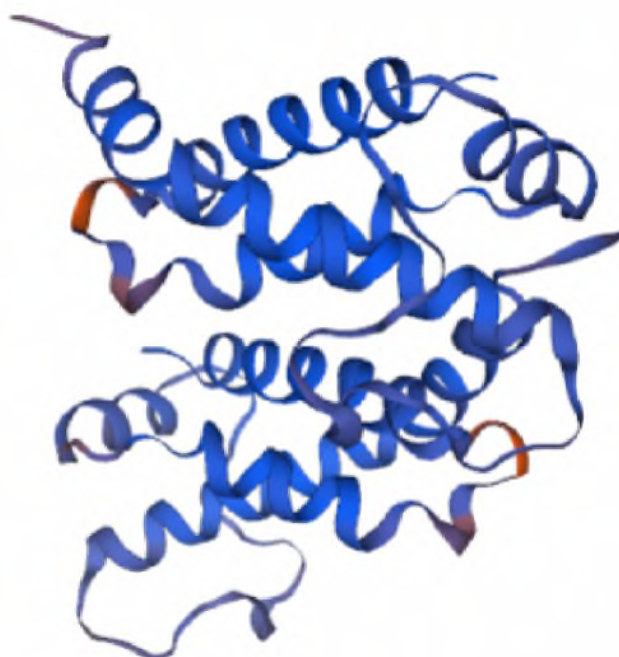


Рисунок 204 В - Конформационная структура BASYS00051 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00052**

Таблица 126 А - Данные о протеине BASYS00052 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	201	/2 /2 2 16 :2 0: 57 G M T
Entry ID	BASYS00052.1	
Accession No.	BASYS00052	
SWISS PROT (AC and ID)	Not A	ai- la- bl e
Other Databases	Not Available	
Gene Position	43118-42618 (Counterclockwise)	
Centisome Position	96.72	
Gene Name	BASYS00052	
Alternate Gene Names	Not Available	
Upstream 100 Bases	>100_bases ctttaacaatatggaaatgaggtgataggttagaacaagcctatcttacataggtaggct gattgtaacttatcaatcaatcaactaaaggttaattaact	

Gene Sequence	atgttaaatcgattgatgtacactttaattattatctgctgagaaagatatatacttt aaaagaacatggactacagaacctagtgactatccctttattatgggaatcaacattgat ggtactatgtattatcctgatggtaaacactatggataatgcactatacctgattgaaggt gaacactgtaaatggcactatatacaagatgtgctcaaagaaacattcaagcgtgacaaa gaatgcttatatctaacattcaacctctcattaagctacattatgatgatggtagtg aaagagttagacacaaaagatgattggttagctttgattggcatgaaggatgattgg agtttagaagaaagacttaacagttattctttgaaacagagcaagctggtgaagcaata ggtgacaatgtagaagacctgaagaatggctagaatcaaatctgcttacttggcttgg gataatgtaagcatgagttaa
GC Content [Percent]	34.13
Preceding Gene	BASYS00051
Following Gene	BASYS00053
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00052
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_166_residues MLNRIDVHFKLLSAEKDIYFKRTWTTEPSDYPFIMGINIDGTMYYPDGNTMDNALYLIEG EHCKWHYIQDVLKETFKRDKELYLTFQPLIKLHYDDGSVKELDTKDDWFSFDWHE- GYDW SLEERLNQLFFETEQAGEAIGDNVEDLEEWLESNLLTWSWDNVSMS >Mature_166_residues MLNRIDVHFKLLSAEKDIYFKRTWTTEPSDYPFIMGINIDGTMYYPDGNTMDNALYLIEG EHCKWHYIQDVLKETFKRDKELYLTFQPLIKLHYDDGSVKELDTKDDWFSFDWHE- GYDW SLEERLNQLFFETEQAGEAIGDNVEDLEEWLESNLLTWSWDNVSMS
No. of Amino Acids	Translated: 166 ; Mature: 166
Cys/Met Content	1.2 %Cys (Translated) 3.0 %Met (Translated) 4.2 %Cys+Met (Translated) 1.2 %Cys (Mature) 3.0 %Met (Mature)

	4.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 19922 ; Mature: 19922
Theoretical pI	Translated: 4.08 ; Mature: 4.08
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

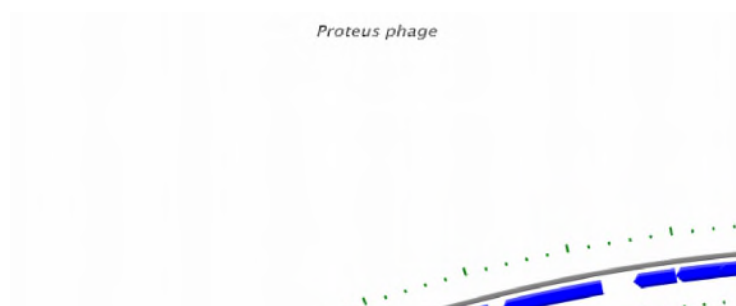


Рисунок 204 - Локализация BASYS00052 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

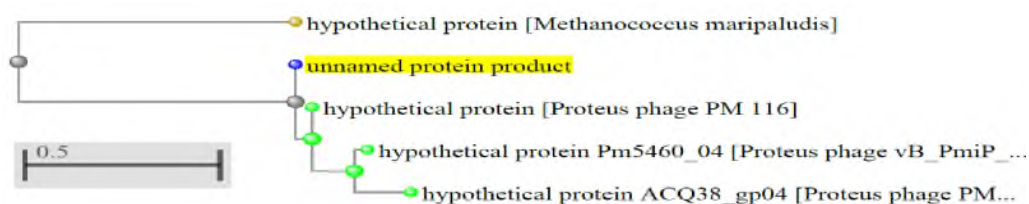


Рисунок 205 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00052 бактериофага Pr 4 - УГСХА

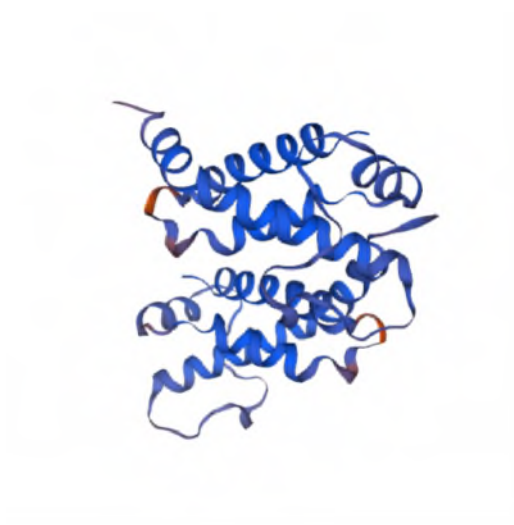


Рисунок 206 - Конформационная структура BASYS00052 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00053**

Таблица 127 - Данные о протеине BASYS00053 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:21:20 GMT
Entry ID	BASYS00053.1
Accession No.	BASYS00053
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available

Gene Position	on
Centisome Position	97.54
Gene Name	BASYS00053
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aagtaactatcactaggtgttatgacaagcaagcttgctttgatatgcttgaggatatag gaattaataatcgaatatgttattacagaggttatcta
Gene Sequence	atgttctacgagatatacttatcagattatgcttcctttaaactcttatcttcttgggtgt gaagctgaaagccgaacatataaccttaacggtgaccaagagatgtatgtagttaagatt gaacgcatgtactcagagcagacattacgggagttactgtggagaatggcattgagttt gatgatgtaattccatttaaaatgttttaa
GC Content [Percent]	35.71
Preceding Gene	BASYS00052
Following Gene	BASYS00054
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available



Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00053
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_69_residues MFYEIYLSDYASFKLLSSWCEAESRTYNLNGDQEMYVVKIERMYSEQLRELLVENGIEF DDVIPFKMF >Mature_69_residues MFYEIYLSDYASFKLLSSWCEAESRTYNLNGDQEMYVVKIERMYSEQLRELLVENGIEF DDVIPFKMF
No. of Amino Acids	Translated: 69 ; Mature: 69
Cys/Met Content	1.4 %Cys (Translated) 5.8 %Met (Translated) 7.2 %Cys+Met (Translated) 1.4 %Cys (Mature) 5.8 %Met (Mature) 7.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 8341 ; Mature: 8341
Theoretical pI	Translated: 4.01 ; Mature: 4.01
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available

COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available

Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

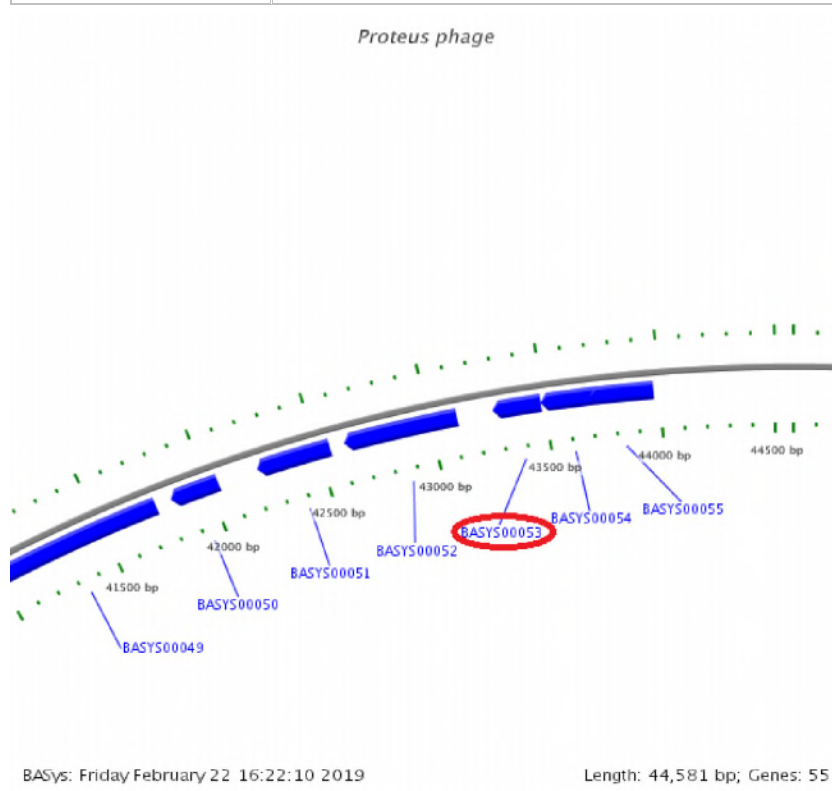


Рисунок 207 - Локализация BASYS00053 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

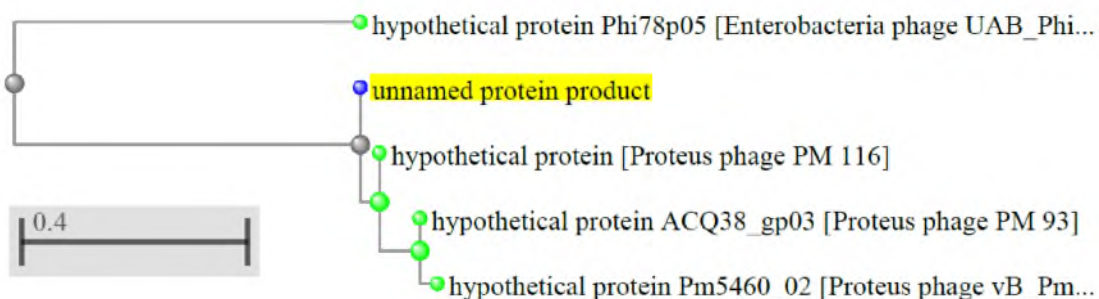


Рисунок 208 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00053 бактериофага Pr 4 - УГСХА



Рисунок 209 - Конформационная структура BASYS00053 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00054

Таблица 128 - Данные о протеине BASYS00054 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:21:35 GMT	
Entry ID	BASYS00054.1	
Accession No.	BASYS00054	
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available	
Other Databases	Not Available	
Gene Position	43730-43485 (Counterclockwise)	
Centisome P	sition	90 89
Gene Name	BASYS00054	
Alt	rnate Gene Names	Not Available

Upstream 100 Bases	>100_bases aaagtagaccttgctaacatgggaagtatggaacacctaagcaatcctaagaggctgatagaatcatgagttatcgtaaggcttactcaggtgatg
Gene Sequence	ttgttgacttcattatattgatgagggtgtaatatgtataaacatcatatagcaacattgatagaaatacctatgagttactttgtggttgcataatgcagtacctaagagaaacgcc ttatcattaggtttaaactgtttgaagtaactatcactaggtgttatgacaagcaagcttgctttgatatgcttgaggataggaattaataatcgaaatggttattacagaggttatctaa
GC Content [Percent]	30.49
Preceding Gene	BASYS00053
Following Gene	BASYS00055
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00054
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_81_residues MLTSLYLMRCNMYKHHIATFDRNTYELLCGLHNAVPKRNALSLGLNLF EVTITRCYDK-QA CFDMLEDIGINNIEVITEVI >Mature_81_residues MLTSLYLMRCNMYKHHIATFDRNTYELLCGLHNAVPKRNALSLGLNLF EVTITRCYDK-QA CFDMLEDIGINNIEVITEVI
No. of Amino Acids	Translated: 81 ; Mature: 81
Cys/Met Content	4.9 %Cys (Translated) 4.9 %Met (Translated) 9.9 %Cys+Met (Translated) 4.9 %Cys (Mature) 4.9 %Met (Mature) 9.9 %Cys+Met (Mature)

Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9433 ; Mature: 9433
Theoretical pI	Translated: 6.22 ; Mature: 6.22
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available

Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

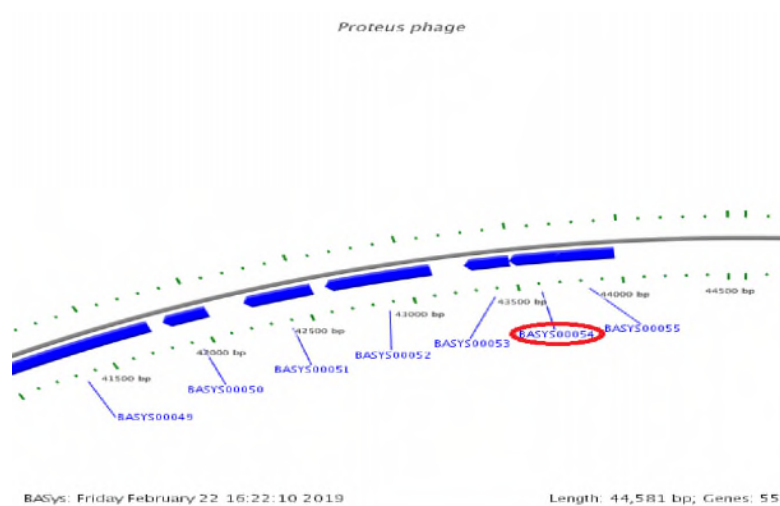


Рисунок 210 - Локализация BASYS00054 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

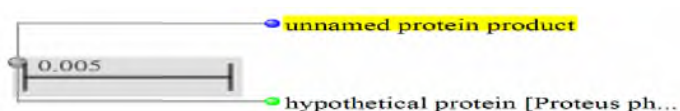


Рисунок 211 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00054 бактериофага Pr 4 – УГСХА



Рисунок 212 - Конформационная структура BASYS00054 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00055

Таблица 129 - Данные о протеине BASYS00055 бактериофага Pr 4 – УГСХА

Creation Date	2019/2/22 16:21:50 GMT
---------------	------------------------



Entry ID	BASYS00055.1
Accession No.	BASYS00055
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	43974-436
Centisom	Position
Gene Name	BASYS00055
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cagctagtaaggcatatgaagagactagcgtctaccttgctctttaacaataaggtagg tgtattcatgtatgccgtagttaattacttaataatta
Gene Sequence	atgaggataacatgaaactaaataagatgcgtaaaactgctaaatgcaatgtgctac ggtgctagatatgaaaccttgaggctatcatgttagctaagaaagctaagaagcgttac attaagaaggcttggaacaagccaaagtagaccttgctaacatgggaagttatggaaca cctaaagcaatcctaagagggtgctgatagaatcatgagttatcgtaaggcttactcaggt gatgttgtgacttcattatatttgatgaggtgtaa
GC Content [Percent]	37.32
Preceding Gene	BASYS00054
Following Gene	BASYS00001

9  
(C  
ou  
nt  
er  
clc  
ck  
wi  
se;  
98  
.6  
4

Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00055
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_91_residues MRYNMKLNKMRKTAKYAMCYGARYETFEAIMLAKKAKKRYIKKAWKQAKVDLANMG-SYGT PKAILRGADRIMSYRKAYSGDVVDFIIFDEV >Mature_75_residues AMCYGARYETFEAIMLAKKAKKRYIKKAWKQAKVDLANMGSYGTPKAILRGADRIM-SYRK AYSGDVVDFIIFDEV
No. of Amino Acids	Translated: 91 ; Mature: 75
Cys/Met Content	1.1 %Cys (Translated) 7.7 %Met (Translated) 8.8 %Cys+Met (Translated) 1.3 %Cys (Mature) 5.3 %Met (Mature) 6.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10622 ; Mature: 8563
Theoretical pI	Translated: 10.55 ; Mature: 10.15
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available

PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available

Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

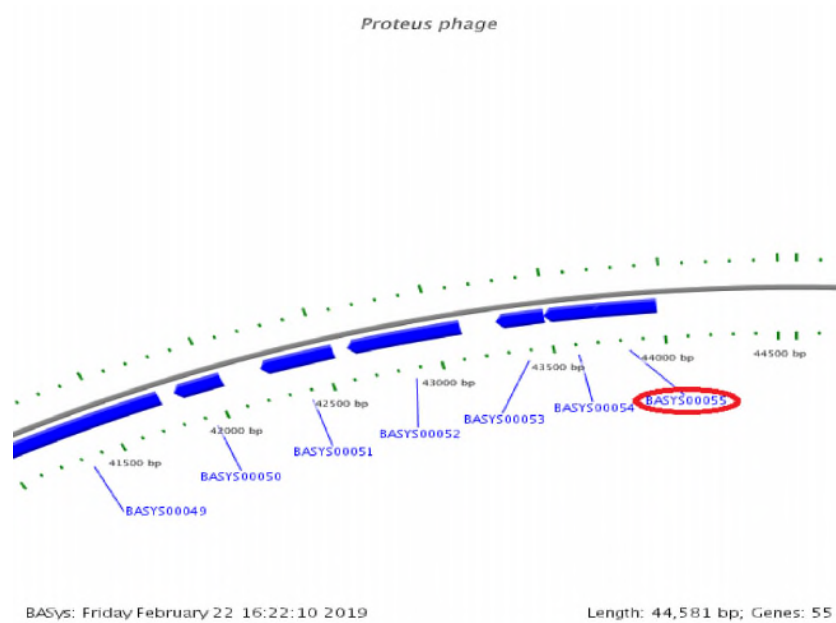


Рисунок 213 - Локализация BASYS00055 в геноме бактериофага Pr 4 - УГСХА

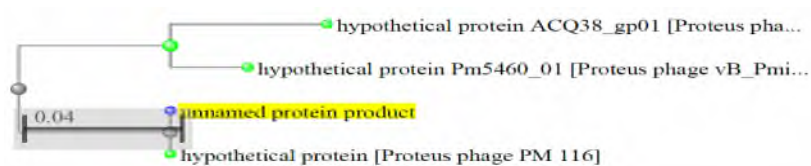


Рисунок 214 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00055 бактериофага Pr 4 - УГСХА

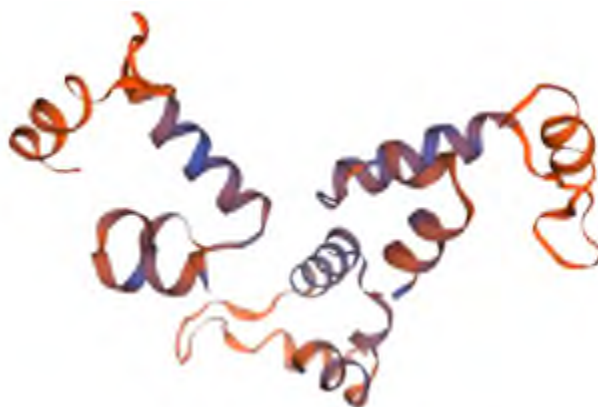


Рисунок 215 - Конформационная структура BASYS00055 бактериофага Pr 4 – УГСХА (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

При анализе соответствия протеомного состава, количества белков и распределения их по молекулярным массам в биоинформационных приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность (рисунке 216).

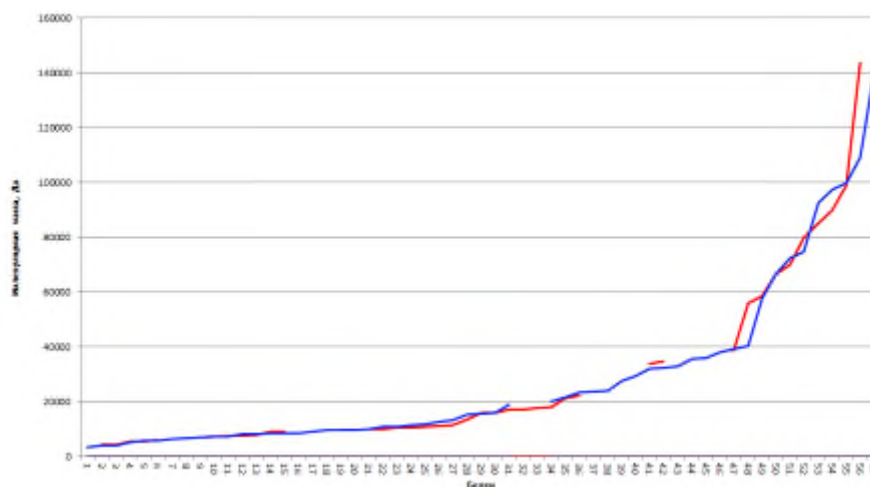


Рисунок 216 - Сравнительный график распределения белкового состава Proteus phage Pr 4 - УГСХА по молекулярной массе по данным приложений SnapGene Viewer 4.1.9 (красный цвет) и BASys version 1.0 (синий цвет)

## 8.2 Enterobacter phage (E7)

При анализе протеома бактериофага Enterobacter E7 в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты был выявлен 50 белков с молекулярными массами от

5,5 до 139 кДа. Качественный протеомный состав Enterobacter phage представлен в таблицах 130 - 133 и на рисунках 217 - 220.

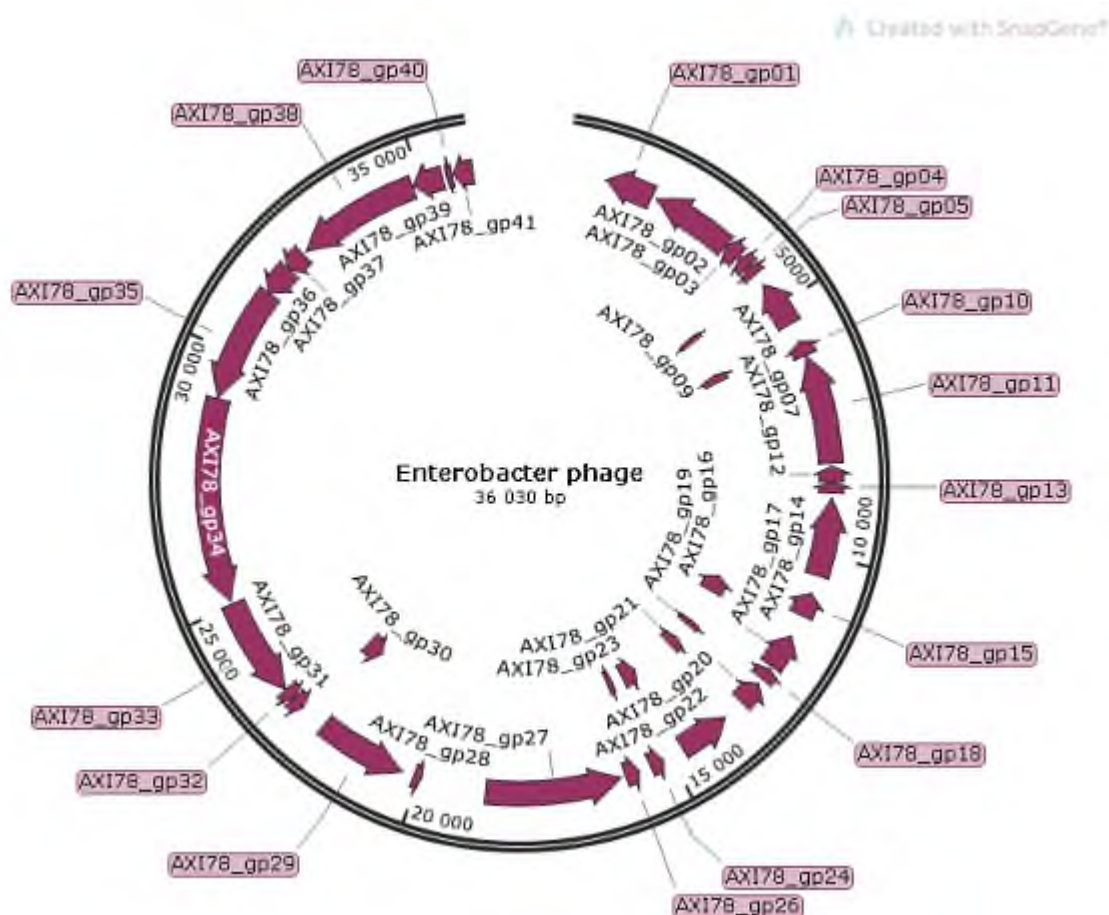


Рисунок 217 - Карта линейной ДНК бактериофага Enterobacter phage E7 с расшифровкой кодирующих областей генома (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

Таблица 130 - Локализация белков в геноме Enterobacter phage E7 (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

Sequence: Enterobacter.gb (Linear / 36 030 bp)  
Features: 83 total

Feature	Location	Size			Type
✓ capsid and scaffold protein	795 .. 1727	933 bp		←	CDS
✓ collar / head-to-tail joining pr...	1829 .. 3436	1608 bp		←	CDS
✓ hypothetical protein-1	3447 .. 3767	321 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein-2	3795 .. 4046	252 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein-3	4051 .. 4245	195 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein-4	4389 .. 4502	114 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ exonuclease	4484 .. 5395	912 bp		←	CDS   exonuclease
✓ inhibitor of recBCD nuclease	5392 .. 5574	183 bp		←	CDS   inhibitor of recBCD nuc...
✓ HNS binding protein-1	5571 .. 5780	210 bp		←	CDS   HNS binding protein
✓ HNS binding protein-2	5777 .. 6079	303 bp		←	CDS   HNS binding protein
✓ DNA polymerase	6096 .. 8210	2115 bp		←	CDS   DNA polymerase
✓ hypothetical protein-5	8278 .. 8562	285 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein-6	8575 .. 8787	213 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ primase/helicase protein	8886 .. 10 400	1515 bp		←	CDS
✓ N-acetylmuramoyl-L-alanine...	10 767 .. 11 222	456 bp		←	CDS
✓ endonuclease	11 215 .. 11 676	462 bp		←	CDS   endonuclease
✓ ssDNA-binding protein	11 676 .. 12 374	699 bp		←	CDS   ssDNA-binding protein
✓ host RNA polymerase inhibitor	12 427 .. 12 663	237 bp		←	CDS
✓ hypothetical protein-7	12 660 .. 12 797	138 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein-8	12 784 .. 13 263	480 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein-9	13 263 .. 13 520	258 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ DNA ligase	13 690 .. 14 706	1017 bp		←	CDS   DNA ligase
✓ hypothetical protein-10	14 703 .. 15 119	417 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ dGTP triphosphohydrolase inh...	15 146 .. 15 421	276 bp		←	CDS
✓ hypothetical protein-11	15 421 .. 15 561	141 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ hypothetical protein-12	15 654 .. 15 926	273 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ DNA-directed RNA polymerase	16 013 .. 18 667	2655 bp		←	CDS
✓ hypothetical protein-13	19 940 .. 20 089	150 bp		←	CDS   hypothetical protein
✓ DNA packaging protein	20 334 .. 22 097	1764 bp		←	CDS   DNA packaging protein
✓ endopeptidase-2	22 072 .. 22 524	453 bp		←	CDS   endopeptidase
✓ DNA packaging protein A	22 614 .. 22 880	267 bp		←	CDS
✓ holin class II	22 884 .. 23 087	204 bp		←	CDS   holin class II
✓ tail fibers protein	23 099 .. 25 042	1944 bp		←	CDS   tail fibers protein
✓ internal (core) protein	25 112 .. 29 074	3963 bp		←	CDS   internal (core) protein
✓ protein inside capsid C	29 093 .. 31 336	2244 bp		←	CDS   protein inside capsid C
✓ protein inside capsid B	31 339 .. 31 932	594 bp		←	CDS   protein inside capsid B
✓ protein inside capsid A	31 935 .. 32 345	411 bp		←	CDS   protein inside capsid A
✓ tail fiber protein-1	32 419 .. 34 824	2406 bp		←	CDS   tail fiber protein
✓ tail fiber protein-2	34 840 .. 35 430	591 bp		←	CDS   tail fiber protein
✓ capsid and scaffold protein-1	35 509 .. 35 625	117 bp		←	CDS
✓ capsid and scaffold protein-2	35 643 .. 36 026	384 bp		←	CDS

Таблица 131 - Протеомный состав бактериофага E7, активного в отношении Enterobacter (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

Наименование	Мол. масса, Да	pI
capsid and scaffold protein	33744	4,28
capsid and scaffold protein-1	4154	5,11
capsid and scaffold protein-2	13431	9,05
collar / head-to-tail joining protein	58605	4,56
dGTP triphosphohydrolase inhibitor	10478	7,96

DNA ligase	38425	5,15
DNA packaging protein	66727	5,32
DNA packaging protein A	9888	4,7
DNA polymerase	79851	6,42
DNA-directed RNA polymerase	98829	7,09
Endonuclease	17640	9,48
endopeptidase-2	16947	9,41
Exonuclease	34759	4,93
HNS binding protein-1	7260	9,81
HNS binding protein-2	11282	9,15
holin class II	7407	6,08
host RNA polymerase inhibitor	8840	4,85
hypothetical protein-1	10914	9,7
hypothetical protein-10	15889	9,69
hypothetical protein-11	5902	10,93
hypothetical protein-12	10312	9,38
hypothetical protein-13	5453	6,8
hypothetical protein-2	8848	9,13
hypothetical protein-3	7458	6,57
hypothetical protein-4	4145	9,69
hypothetical protein-5	10736	9,89
hypothetical protein-6	7732	10
hypothetical protein-7	5268	5,14
hypothetical protein-8	17870	9,19
hypothetical protein-9	9894	11,2
inhibitor of recBCD nuclease	6826	3,91
internal (core) protein	143526	8,41



N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase	16900	9,03
primase/helicase protein	55813	5,07
protein inside capsid A	15836	5,33
protein inside capsid B	21252	9,38
protein inside capsid C	85245	5,54
ssDNA-binding protein	25948	9,47
tail fiber protein-1	89818	6,2
tail fiber protein-2	22234	4,48
tail fibers protein	69955	5,08

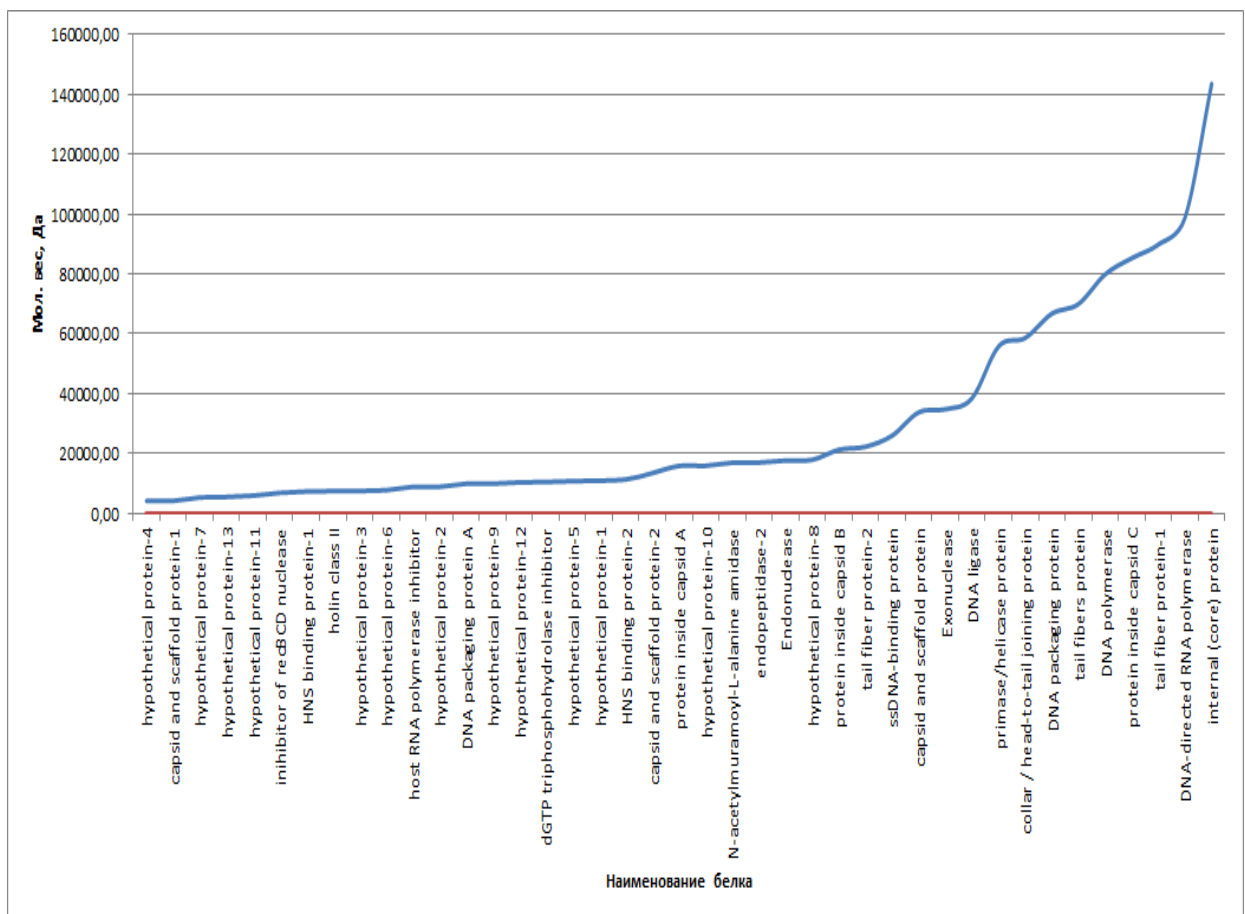


Рисунок 218 - График распределения белкового состава Enterobacter phage E7 по молекулярной массе (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

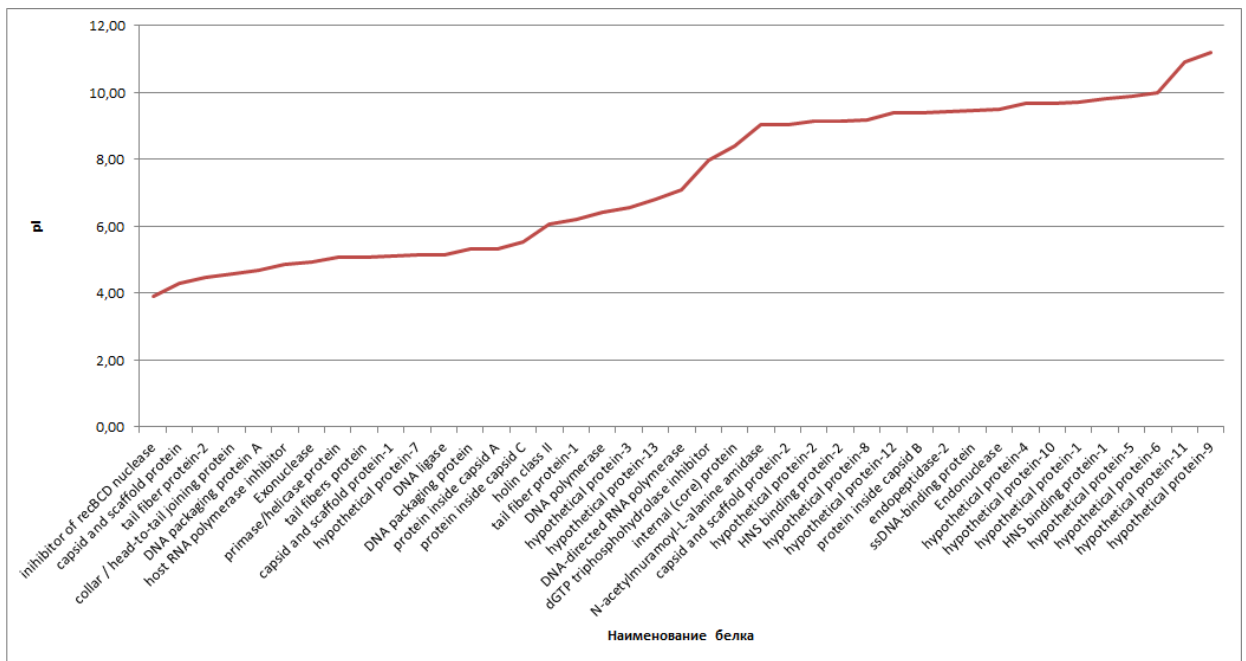


Рисунок 219 - График распределения белкового состава Enterobacter phage E7 по изоэлектрической точке (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

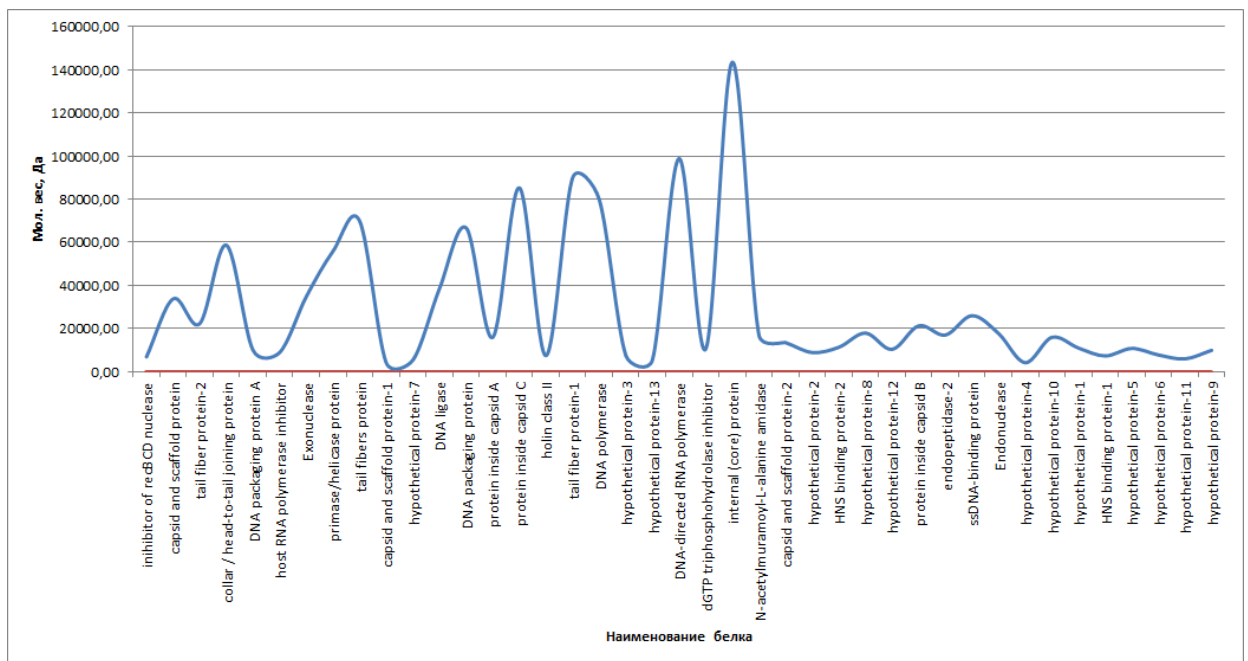


Рисунок 220 - График распределения белкового состава Enterobacter phage E7 по молекулярной массе в зависимости от pI (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

**capsid and scaffold protein**

10	20	30	40	50	60
MAESNADVYA	SFGVNNVMT	GSTPTEHEQN	MLSLDVAARD	GDDAIVLSEE	PSSHNDDPYA
70	80	90	100	110	120
SGVDPFAEGE	DDEGRIQVRI	SEDGSEAEFD	TGSDNAEVET	EGEADEFEPL	GDTPEELSQV

130            140            150            160            170            180  
 TEQLGQHEEG FQAMVEQAVE RGLSADSVTR IYEEYEADGI SEKSYAELEA AGYSRAFDVS  
 190            200            210            220            230            240  
 YISGQEALVD QYVNQVVAFA GGKERFSAIH THLEATNPAA AESLETAMMN RDLATVKAI I  
 250            260            270            280            290            300  
 NLAGESYTKK FGKPANRSVT KRATPVKPVA RQKEGFTNQA EMIKAMSDPR YRSDAAYRQM  
 310  
 VEQKVIDSSF

**Number of amino acids:** 310

**Molecular weight:** 33743.61

**Theoretical pI:** 4.28

**Amino acid composition:**

Ala (A)	39	12.6%
Arg (R)	14	4.5%
Asn (N)	12	3.9%
Asp (D)	23	7.4%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	14	4.5%
Glu (E)	39	12.6%
Gly (G)	21	6.8%
His (H)	5	1.6%
Ile (I)	11	3.5%
Leu (L)	13	4.2%
Lys (K)	11	3.5%
Met (M)	9	2.9%
Phe (F)	11	3.5%
Pro (P)	11	3.5%
Ser (S)	27	8.7%
Thr (T)	16	5.2%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	11	3.5%
Val (V)	23	7.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 62

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 25

**Atomic composition:**

Carbon	C	1446
Hydrogen	H	2241
Nitrogen	N	399
Oxygen	O	515
Sulfur	S	9

**Formula:** C<sub>1446</sub>H<sub>2241</sub>N<sub>399</sub>O<sub>515</sub>S<sub>9</sub>

**Total number of atoms:** 4610

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient      16390

Abs 0.1% (=1 g/l)    0.486

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.55

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 64.29

Grand average of hydropathicity (GRAVY) : -0.611

**collar / head-to-tail joining protein**

10	20	30	40	50	60
MADSKRTGLG	EDGAKATYDR	LTNDRRAYET	RAENCAQYTI	PSLFPKESDN	ESTDYTTPWQ
70	80	90	100	110	120
AVGARGLNLL	ASKLMLALFP	MQSWMKLTIS	EYEAKQLVGD	PAGLAKVDEG	LSMVERIIMN
130	140	150	160	170	180
YIESNSYRVT	LFECLKQLIV	AGNALLYLPE	PEGSYNPMKL	YRLSSYVVQR	DAYGNVLQIV
190	200	210	220	230	240
TRDQIAFGAL	PEDVRSVEK	AGGEKKMDEM	VDVYTHVYLD	EESGDYLYE	EVEDVEIDGS
250	260	270	280	290	300
DATYPTDAMP	YIPVRMVRID	GESYGRSYCE	EYLGDLRSLE	NLQEAIVKMS	MISAKVIGLV
310	320	330	340	350	360
NPAGITQPRR	LTKAQTGDFV	PGRREDIDFL	QLEKQADFTV	AKAVSDQIEA	RLSYAFMLNS
370	380	390	400	410	420
AVQRTGERVT	AEEIRYVASE	LEDTLGGVYS	ILSQELQLPL	VRVLLKQLQA	TSQIPELPKE
430	440	450	460	470	480
AVEPTISTGL	EAIGRGQDLD	KLERCISAWA	ALAPMQGDPD	INLAVIKLRI	ANAIGIDTSG
490	500	510	520	530	

**Number of amino acids:** 535

**Molecular weight:** 58605.36

**Theoretical pI:** 4.56

**Amino acid composition:**

Ala (A)	59	11.0%
Arg (R)	28	5.2%
Asn (N)	16	3.0%
Asp (D)	35	6.5%
Cys (C)	4	0.7%
Gln (Q)	28	5.2%
Glu (E)	45	8.4%
Gly (G)	39	7.3%
His (H)	1	0.2%
Ile (I)	30	5.6%
Leu (L)	55	10.3%
Lys (K)	23	4.3%
Met (M)	18	3.4%
Phe (F)	8	1.5%
Pro (P)	22	4.1%
Ser (S)	33	6.2%
Thr (T)	30	5.6%
Trp (W)	3	0.6%
Tyr (Y)	24	4.5%
Val (V)	34	6.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 80

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 51

**Atomic composition:**

Carbon	C	2568
Hydrogen	H	4113
Nitrogen	N	691
Oxygen	O	827
Sulfur	S	22

**Formula:** C<sub>2568</sub>H<sub>4113</sub>N<sub>691</sub>O<sub>827</sub>S<sub>22</sub>

**Total number of atoms:** 8221

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 52510  
Abs 0.1% (=1 g/l) 0.896, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 52260  
Abs 0.1% (=1 g/l) 0.892, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 37.47  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 91.42

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.234

**hypothetical protein-1**

10 20 30 40 50 60  
MGFFFKINKA VKKVVKEVSR PVEKAGKEVG KVVGGALGAG KQEIIQQEAP APVVAAPPPA  
70 80 90 100  
QIVDVPEQDK AEGEDEAQT E SARKKARAGG KKALSVARSS GGGINI

**Number of amino acids:** 106

**Molecular weight:** 10913.58

**Theoretical pI:** 9.70

**Amino acid composition:**

Ala (A)	16	15.1%
Arg (R)	4	3.8%
Asn (N)	2	1.9%
Asp (D)	3	2.8%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	6	5.7%
Glu (E)	10	9.4%
Gly (G)	13	12.3%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	6	5.7%
Leu (L)	2	1.9%
Lys (K)	15	14.2%
Met (M)	1	0.9%
Phe (F)	2	1.9%
Pro (P)	7	6.6%
Ser (S)	5	4.7%
Thr (T)	1	0.9%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	13	12.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 13

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 19

**Atomic composition:**

Carbon	C	478
Hydrogen	H	807
Nitrogen	N	141
Oxygen	O	147
Sulfur	S	1

**Formula:** C<sub>478</sub>H<sub>807</sub>N<sub>141</sub>O<sub>147</sub>S<sub>1</sub>

**Total number of atoms:** 1574

**Extinction coefficients:**

As there are no Trp, Tyr or Cys in the region considered, your protein should not be visible by UV spectrophotometry.

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 53.63

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 80.09

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.430

**hypothetical protein-2**

10 20 30 40 50 60  
MCWKPKVKVP KMDTNQIRAA EPAPLTEPPK SVVWGGDDDE DTSVSSSEVP TTPSSGKSSL  
70 80  
KVKLDDSAAK NKS KSSIRSK AFG

**Number of amino acids:** 83

**Molecular weight:** 8847.99

**Theoretical pI:** 9.13

**Amino acid composition:**

Ala (A)	6	7.2%
Arg (R)	2	2.4%
Asn (N)	2	2.4%
Asp (D)	7	8.4%
Cys (C)	1	1.2%
Gln (Q)	1	1.2%
Glu (E)	4	4.8%
Gly (G)	4	4.8%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	2	2.4%
Leu (L)	3	3.6%
Lys (K)	12	14.5%
Met (M)	2	2.4%
Phe (F)	1	1.2%
Pro (P)	8	9.6%
Ser (S)	14	16.9%
Thr (T)	5	6.0%
Trp (W)	2	2.4%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	7	8.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 11

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 14

**Atomic composition:**

Carbon	C	382
Hydrogen	H	626
Nitrogen	N	106
Oxygen	O	128
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>382</sub>H<sub>626</sub>N<sub>106</sub>O<sub>128</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 1245

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 11000  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.243, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 11000  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.243, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 50.41

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 55.18

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.795

### hypothetical protein-3

10 20 30 40 50 60  
MPRAAKEYLQ VRFNQTYVME SGEYRALRAA GYSESFIAGV MHGLYLASRT LDEIEVRKEQ  
LRQE

**Number of amino acids:** 64

**Molecular weight:** 7458.47

**Theoretical pI:** 6.57

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	10.9%
Arg (R)	7	10.9%
Asn (N)	1	1.6%
Asp (D)	1	1.6%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	4	6.2%
Glu (E)	8	12.5%
Gly (G)	4	6.2%
His (H)	1	1.6%
Ile (I)	2	3.1%
Leu (L)	6	9.4%
Lys (K)	2	3.1%
Met (M)	3	4.7%
Phe (F)	2	3.1%
Pro (P)	1	1.6%
Ser (S)	4	6.2%
Thr (T)	2	3.1%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	5	7.8%
Val (V)	4	6.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 9

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 9

**Atomic composition:**

Carbon	C	328
Hydrogen	H	518
Nitrogen	N	94
Oxygen	O	99
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>328</sub>H<sub>518</sub>N<sub>94</sub>O<sub>99</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 1042

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that

this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of  $M^{-1} \text{ cm}^{-1}$ , at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 7450

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.999

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 57.41

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 77.81

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.520

**hypothetical protein-4**

10 20 30  
MDAAKLITIA VLVGMLARGL WMFALIVRDV KRDSEIK

**Number of amino acids:** 37

**Molecular weight:** 4145.10

**Theoretical pI:** 9.69

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	13.5%
Arg (R)	3	8.1%
Asn (N)	0	0.0%
Asp (D)	3	8.1%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	1	2.7%
Gly (G)	2	5.4%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	4	10.8%
Leu (L)	5	13.5%
Lys (K)	3	8.1%
Met (M)	3	8.1%
Phe (F)	1	2.7%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	1	2.7%
Thr (T)	1	2.7%
Trp (W)	1	2.7%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	4	10.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 4

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 6

**Atomic composition:**

Carbon	C	188
Hydrogen	H	320
Nitrogen	N	50
Oxygen	O	48
Sulfur	S	3

**Formula:**  $C_{188}H_{320}N_{50}O_{48}S_3$

**Total number of atoms:** 609

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of  $M^{-1} \text{ cm}^{-1}$ , at 280 nm measured in water.



Ext. coefficient 5500  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.327

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.71

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 139.73

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.781

**Exonuclease**

10	20	30	40	50	60
MSPITLKDFA	EMREGKPM EK	GVLVMDGDWL	VYQSM AAAEV	ETDWDGDDIWT	LECDHAKARS
70	80	90	100	110	120
ILDSAIESYR	TRKKAWS DAM	VVLAYTDDVN	WRKVLVDETY	KENRKAT RKP	VG YRDFLSKL
130	140	150	160	170	180
WERDEFIHIK	EDMLEGDDVM	GIIGSGHEVF	GFKKAVLVSC	DKDFKTIPDV	DFLWCTTGNI
190	200	210	220	230	240
LTQTKETADW	WHLFQTIKGD	MTDGYSGIPG	WGDTAEGFLN	DPFIVEPVES	VLKSGKNKGQ
250	260	270	280	290	300
TVTKWVKRAP	DATETLWDCI	KSIGAKAGMT	EQEIIKQGQM	ARILRFEEYN	YIDKEIYLWT
PRS					

**Number of amino acids:** 303

**Molecular weight:** 34758.53

**Theoretical pI:** 4.93

**Amino acid composition:**

Ala (A)	19	6.3%
Arg (R)	13	4.3%
Asn (N)	6	2.0%
Asp (D)	29	9.6%
Cys (C)	4	1.3%
Gln (Q)	7	2.3%
Glu (E)	24	7.9%
Gly (G)	22	7.3%
His (H)	4	1.3%
Ile (I)	20	6.6%
Leu (L)	19	6.3%
Lys (K)	27	8.9%
Met (M)	11	3.6%
Phe (F)	11	3.6%
Pro (P)	9	3.0%
Ser (S)	14	4.6%
Thr (T)	22	7.3%
Trp (W)	13	4.3%
Tyr (Y)	9	3.0%
Val (V)	20	6.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 53

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 40

**Atomic composition:**

Carbon	C	1559
Hydrogen	H	2401
Nitrogen	N	403
Oxygen	O	468

Sulfur S 15

**Formula:** C<sub>1559</sub>H<sub>2401</sub>N<sub>403</sub>O<sub>468</sub>S<sub>15</sub>

**Total number of atoms:** 4846

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 85160

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.450, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 84910

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.443, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.01

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 75.61

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.458

### inhibitor of recBCD nuclease

10 20 30 40 50 60  
MIMPKSDTVT MTRDAWNDVS AYIDKLEKDL EFLNALKACG VDNWDGYSDA VEMVYGEDDE

**Number of amino acids:** 60

**Molecular weight:** 6825.55

**Theoretical pI:** 3.91

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	8.3%
Arg (R)	1	1.7%
Asn (N)	3	5.0%
Asp (D)	10	16.7%
Cys (C)	1	1.7%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	5	8.3%
Gly (G)	3	5.0%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	2	3.3%
Leu (L)	4	6.7%
Lys (K)	4	6.7%
Met (M)	4	6.7%
Phe (F)	1	1.7%
Pro (P)	1	1.7%
Ser (S)	3	5.0%
Thr (T)	3	5.0%
Trp (W)	2	3.3%
Tyr (Y)	3	5.0%
Val (V)	5	8.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 15

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 5

**Atomic composition:**

Carbon	C	296
Hydrogen	H	450
Nitrogen	N	72
Oxygen	O	103
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>296</sub>H<sub>450</sub>N<sub>72</sub>O<sub>103</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 926

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 15470

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.266, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 15470

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.266, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 11.52

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 71.50

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.483

**HNS binding protein-1**

10 20 30 40 50 60  
MSEYLKVLAA IKGCPKSFQS NYVRNNAALV AEAASRGHIS CLTVGGRNGG AWEVTASGVR  
FLKRMGGCV

**Number of amino acids:** 69

**Molecular weight:** 7260.42

**Theoretical pI:** 9.81

**Amino acid composition:**

Ala (A)	9	13.0%
Arg (R)	5	7.2%
Asn (N)	4	5.8%
Asp (D)	0	0.0%
Cys (C)	3	4.3%
Gln (Q)	1	1.4%
Glu (E)	3	4.3%
Gly (G)	9	13.0%
His (H)	1	1.4%
Ile (I)	2	2.9%
Leu (L)	5	7.2%
Lys (K)	4	5.8%
Met (M)	2	2.9%
Phe (F)	2	2.9%
Pro (P)	1	1.4%
Ser (S)	6	8.7%
Thr (T)	2	2.9%
Trp (W)	1	1.4%
Tyr (Y)	2	2.9%
Val (V)	7	10.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 3

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 9

**Atomic composition:**

Carbon	C	315
Hydrogen	H	512
Nitrogen	N	96
Oxygen	O	91

Sulfur S 5

**Formula:** C<sub>315</sub>H<sub>512</sub>N<sub>96</sub>O<sub>91</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 1019

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 8605

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.185, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 8480

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.168, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 44.17

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 82.03

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.091

## HNS binding protein-2

10 20 30 40 50 60  
MAMTKKFKVS FDVTAKMPSD VQAAL EKDIL HLCKQVGS GA IVPNGKQKEM IVQFLTYGME  
70 80 90 100  
GVMAFIVRSS FREAKDMHK EYSDKDCFKL SPATVREVFK

**Number of amino acids:** 100

**Molecular weight:** 11282.32

**Theoretical pI:** 9.15

**Amino acid composition:**

Ala (A)	8	8.0%
Arg (R)	3	3.0%
Asn (N)	1	1.0%
Asp (D)	6	6.0%
Cys (C)	2	2.0%
Gln (Q)	4	4.0%
Glu (E)	6	6.0%
Gly (G)	5	5.0%
His (H)	2	2.0%
Ile (I)	5	5.0%
Leu (L)	5	5.0%
Lys (K)	13	13.0%
Met (M)	7	7.0%
Phe (F)	7	7.0%
Pro (P)	3	3.0%
Ser (S)	7	7.0%
Thr (T)	4	4.0%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	2	2.0%
Val (V)	10	10.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 12

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 16

**Atomic composition:**

Carbon	C	504
Hydrogen	H	811
Nitrogen	N	131

Oxygen O 143  
Sulfur S 9

**Formula:** C<sub>504</sub>H<sub>811</sub>N<sub>131</sub>O<sub>143</sub>S<sub>9</sub>

**Total number of atoms:** 1598

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 3105

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.275, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 2980

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.264, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.51

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 76.00

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.121

**DNA polymerase**

10	20	30	40	50	60
MLVSDIEANN	LLEKVTKFHC	GVIYDYRDGE	YHSYRPGDFV	AYLDALEAEV	KRGGLIVFHN
70	80	90	100	110	120
GHKYDVPAL	EKLAKLQLN	RDFKLPRENC	IDTLVLSRLL	HANLKDPTDM	GLLRSGKLPGR
130	140	150	160	170	180
GSHALEAWG	YRLGEMKGE	YKDDFKAMLE	EQGEEYVDGAE	WVSFNPEPMM	AYNVQDVVVV
190	200	210	220	230	240
LLEKFLTDL	HLYFPAGMD	FTKYDADLFW	REAGESVDIE	HRAAWLLAKQ	ERNGFPFNTQ
250	260	270	280	290	300
ELYVELAAK	RAELLRKL	TETFGSWYQP	KGGKELFKHP	RTGKPLPSY	PRVVPYKQGG
310	320	330	340	350	360
PRNKAQRE	GLPEPCDL	DTRDYMEG	APYTPVEF	VTFKPSRD	HIQKKLQEA
370	380	390	400	410	420
APVVDDEV	LEHVRVDD	PEKQACID	LIKEYLMI	QKRIGQAA	EGDKAWLR
430	440	450	460	470	480
NPNGAVTG	RAHRSFPN	LAQVPG	VRSYPYGE	QCRSAFGAE	HHLDGITGK
490	500	510	520	530	540
LRCLAHFM	ARFDNGEY	ANEILNG	DIHTKNQ	NAAELP	TRDNAKTFIY
550	560	570	580	590	600
VGAGKERG	KEKLLKFF	LENTPA	IAALREAI	QSLVKSSA	WIGGEQKV
610	620	630	640	650	660
VHVRSPHA	ALNTLLQS	AGALICK	LWIIKTE	EMLIEKGL	KHGWDGDF
670	680	690	700		
RTEHIAQI	VI	DTAQEAM	RWVGEH	WAFRCRL	DTEGKMGS
				AVCH	

**Number of amino acids:** 704

**Molecular weight:** 79850.94

**Theoretical pI:** 6.42

**Amino acid composition:**

Ala (A)	63	8.9%
Arg (R)	40	5.7%
Asn (N)	23	3.3%
Asp (D)	43	6.1%
Cys (C)	10	1.4%
Gln (Q)	27	3.8%
Glu (E)	59	8.4%

Gly (G)	61	8.7%
His (H)	24	3.4%
Ile (I)	31	4.4%
Leu (L)	64	9.1%
Lys (K)	55	7.8%
Met (M)	14	2.0%
Phe (F)	27	3.8%
Pro (P)	29	4.1%
Ser (S)	21	3.0%
Thr (T)	26	3.7%
Trp (W)	17	2.4%
Tyr (Y)	26	3.7%
Val (V)	44	6.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 102

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 95

**Atomic composition:**

Carbon	C	3585
Hydrogen	H	5544
Nitrogen	N	994
Oxygen	O	1032
Sulfur	S	24

**Formula:** C<sub>3585</sub>H<sub>5544</sub>N<sub>994</sub>O<sub>1032</sub>S<sub>24</sub>

**Total number of atoms:** 11179

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 132865

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.664, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 132240

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.656, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.38

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.70

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.497

**hypothetical protein-5**

10	20	30	40	50	60
MSKSITHANT	IRLPDTADQF	SRRVHINVRG	EKVTMVYRWK	DHKSPKAHTQ	RMTLDDKQVG
70	80	90			
RLMGALTMAA	DKVVGDTRE	LVEFGAGMQE	IIEK		

**Number of amino acids:** 94

**Molecular weight:** 10736.39

**Theoretical pI:** 9.89

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	7.4%
Arg (R)	9	9.6%
Asn (N)	2	2.1%
Asp (D)	7	7.4%
Cys (C)	0	0.0%

Gln (Q)	4	4.3%
Glu (E)	5	5.3%
Gly (G)	6	6.4%
His (H)	4	4.3%
Ile (I)	5	5.3%
Leu (L)	5	5.3%
Lys (K)	8	8.5%
Met (M)	6	6.4%
Phe (F)	2	2.1%
Pro (P)	2	2.1%
Ser (S)	4	4.3%
Thr (T)	8	8.5%
Trp (W)	1	1.1%
Tyr (Y)	1	1.1%
Val (V)	8	8.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 12**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 17**

**Atomic composition:**

Carbon	C	462
Hydrogen	H	764
Nitrogen	N	144
Oxygen	O	138
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>462</sub>H<sub>764</sub>N<sub>144</sub>O<sub>138</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 1514

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 6990

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.651

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 30.96

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 73.62

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.632

**hypothetical protein-6**

10 20 30 40 50 60  
 MFKFINALGK LVVKLYFIEA KKLDKKAKAD SQRAIELAKQ SREKSDAAVS GIHKSAIIAA  
 70  
 KAQSMSKFFE

**Number of amino acids:** 70

**Molecular weight:** 7732.13

**Theoretical pI:** 10.00

**Amino acid composition:**

Ala (A)	13	18.6%
Arg (R)	2	2.9%
Asn (N)	1	1.4%
Asp (D)	3	4.3%
Cys (C)	0	0.0%

Gln (Q)	3	4.3%
Glu (E)	4	5.7%
Gly (G)	2	2.9%
His (H)	1	1.4%
Ile (I)	5	7.1%
Leu (L)	5	7.1%
Lys (K)	13	18.6%
Met (M)	2	2.9%
Phe (F)	5	7.1%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	7	10.0%
Thr (T)	0	0.0%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	1	1.4%
Val (V)	3	4.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 7**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 15**

**Atomic composition:**

Carbon	C	350
Hydrogen	H	577
Nitrogen	N	95
Oxygen	O	97
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>350</sub>H<sub>577</sub>N<sub>95</sub>O<sub>97</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 1121

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 1490

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.193

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 46.98

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 86.71

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.197

**primase/helicase protein**

10	20	30	40	50	60
MSYDVWNFGD	SNGRYSDLTA	RGISKETCQK	AGYWLAKVDN	RMYQVADYRD	QNGSIVSQKV
70	80	90	100	110	120
RDKDKNFKTT	GSHKSDALFL	KHLWSSGGKKI	VVTEGEIDAL	TMELQDCKY	PVVSLSHGAS
130	140	150	160	170	180
AAKKTCAANY	EYFDQFEQII	LMFDMDDAGR	KAVEEAAQVL	PAGKVRVAVL	PCKDANECHI
190	200	210	220	230	240
MGEDKAILIQ	IWNANPWVPD	GVVSALSLKD	RVKEAMTSED	AVGLLFDGCQ	GLNDRTLGAR
250	260	270	280	290	300
GGEVVMVTSG	SGMGKSTFVR	QQALAWGKRM	GKRVGLAMLE	ESVEDTIQDM	MGLNNKVRLR



310            320            330            340            350            360  
 QSDEVKKAIA EDGRFDEWYD ELFGDDTFHL YDSFAEAEAD RLLAKLAYMR TGLGCDVIVL  
 370            380            390            400            410            420  
 DHISIVVSAS EESDERKMID RLMTKLGFA KSTGVVLVVI CHLKNPEK GK AHEEGRAVSI  
 430            440            450            460            470            480  
 TDLRGSALR QLSDTIIALR RNQQGDMPNL VLVRLKCRF TGDTGIAGYM EYNRETGWLE  
 490            500

PSSYTGEEGE GDTGWTEQDG QSDF

**Number of amino acids:** 504

**Molecular weight:** 55813.09

**Theoretical pI:** 5.07

**Amino acid composition:**

Ala (A)	41	8.1%
Arg (R)	27	5.4%
Asn (N)	16	3.2%
Asp (D)	43	8.5%
Cys (C)	9	1.8%
Gln (Q)	19	3.8%
Glu (E)	37	7.3%
Gly (G)	48	9.5%
His (H)	8	1.6%
Ile (I)	20	4.0%
Leu (L)	43	8.5%
Lys (K)	35	6.9%
Met (M)	18	3.6%
Phe (F)	15	3.0%
Pro (P)	8	1.6%
Ser (S)	31	6.2%
Thr (T)	24	4.8%
Trp (W)	9	1.8%
Tyr (Y)	14	2.8%
Val (V)	39	7.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 80

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 62

**Atomic composition:**

Carbon	C	2434
Hydrogen	H	3854
Nitrogen	N	680
Oxygen	O	769
Sulfur	S	27

**Formula:** C<sub>2434</sub>H<sub>3854</sub>N<sub>680</sub>O<sub>769</sub>S<sub>27</sub>

**Total number of atoms:** 7764

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient        70860

Abs 0.1% (=1 g/l)    1.270, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient        70360

Abs 0.1% (=1 g/l)    1.261, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 29.87

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.33

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.389

## N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase

10            20            30            40            50            60  
MAKVQFKPRA TTEAIFVHCS ATKPSQNIQV REIRQWHKEQ GWLDVGYHFI IKRDGTVEAG  
70            80            90            100           110           120  
RDELAVGSHV KGYNHNSVGV CLVGGIDDKG KFDANFTPAQ MQALRSLLVLT LLAKYEGSIL  
130           140           150  
RAHHDVAPKA CPSFDLKRWW EKNELVTSDR G

**Number of amino acids:** 151

**Molecular weight:** 16900.28

**Theoretical pI:** 9.03

### Amino acid composition:

Ala (A)	13	8.6%
Arg (R)	9	6.0%
Asn (N)	5	3.3%
Asp (D)	9	6.0%
Cys (C)	3	2.0%
Gln (Q)	6	4.0%
Glu (E)	8	5.3%
Gly (G)	13	8.6%
His (H)	7	4.6%
Ile (I)	7	4.6%
Leu (L)	11	7.3%
Lys (K)	12	7.9%
Met (M)	2	1.3%
Phe (F)	6	4.0%
Pro (P)	5	3.3%
Ser (S)	8	5.3%
Thr (T)	7	4.6%
Trp (W)	4	2.6%
Tyr (Y)	3	2.0%
Val (V)	13	8.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 17

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 21

### Atomic composition:

Carbon	C	753
Hydrogen	H	1179
Nitrogen	N	219
Oxygen	O	215
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>753</sub>H<sub>1179</sub>N<sub>219</sub>O<sub>215</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 2371

### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient    26595

Abs 0.1% (=1 g/l)    1.574, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient    26470

Abs 0.1% (=1 g/l)    1.566, assuming all Cys residues are reduced

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

### Instability index:

The instability index (II) is computed to be 38.01

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 80.07

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.399

## Endonuclease

10 20 30 40 50 60  
MAGAYAARGV RKGAFRSGL EDKVSQLES KGIKFDYELW RIPYVIPASD HLYTPDFLLP  
70 80 90 100 110 120  
NGIFIETKGL WSDDDRKKHL LIREQHPELD IRLVFSSRS KLYKGSPTS YAEWCEKHGIL  
130 140 150  
FADKLIPVEW LKEPKKEVPF DKFKTKKGVK KNG

**Number of amino acids:** 153

**Molecular weight:** 17640.43

**Theoretical pI:** 9.48

### Amino acid composition:

Ala (A)	8	5.2%
Arg (R)	8	5.2%
Asn (N)	2	1.3%
Asp (D)	10	6.5%
Cys (C)	1	0.7%
Gln (Q)	2	1.3%
Glu (E)	11	7.2%
Gly (G)	11	7.2%
His (H)	4	2.6%
Ile (I)	9	5.9%
Leu (L)	15	9.8%
Lys (K)	21	13.7%
Met (M)	1	0.7%
Phe (F)	8	5.2%
Pro (P)	9	5.9%
Ser (S)	11	7.2%
Thr (T)	4	2.6%
Trp (W)	4	2.6%
Tyr (Y)	6	3.9%
Val (V)	8	5.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 21

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 29

### Atomic composition:

Carbon	C	813
Hydrogen	H	1268
Nitrogen	N	214
Oxygen	O	221
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>813</sub>H<sub>1268</sub>N<sub>214</sub>O<sub>221</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 2518

### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 30940

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.754, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 30940

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.754, assuming all Cys residues are reduced

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 30.44  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 81.57

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.573

### ssDNA-binding protein

```
      10      20      30      40      50      60
MAGFKKKIYT SGLGTAEPYA YLSKPDYGNE ERGFGNPRGV YKVDLTLSNK DPRCQAMVDE
      70      80      90     100     110     120
IVKTHEEAYA AAVEEFEANP PQVQRGKKPL KPYEGDMPFF DNGDGTTFK FKCYASFQDK
      130     140     150     160     170     180
KTKETKHINL VVVD SKGKI QEVPIIGGS KLKVKYSLVP YKWNTAVGAS VKLQLESVML
      190     200     210     220     230
VELATFGGGG EDEWADEVED GGYTASESRQ SRDEQEWQED EHEETPDDDE DF
```

**Number of amino acids:** 232

**Molecular weight:** 25947.78

**Theoretical pI:** 4.78

#### Amino acid composition:

Ala (A)	15	6.5%
Arg (R)	6	2.6%
Asn (N)	7	3.0%
Asp (D)	18	7.8%
Cys (C)	2	0.9%
Gln (Q)	9	3.9%
Glu (E)	26	11.2%
Gly (G)	22	9.5%
His (H)	3	1.3%
Ile (I)	6	2.6%
Leu (L)	12	5.2%
Lys (K)	24	10.3%
Met (M)	4	1.7%
Phe (F)	10	4.3%
Pro (P)	12	5.2%
Ser (S)	12	5.2%
Thr (T)	13	5.6%
Trp (W)	3	1.3%
Tyr (Y)	11	4.7%
Val (V)	17	7.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 44

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 30

#### Atomic composition:

Carbon	C	1151
Hydrogen	H	1761
Nitrogen	N	299
Oxygen	O	373
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>1151</sub>H<sub>1761</sub>N<sub>299</sub>O<sub>373</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 3590

#### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 33015

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.272, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 32890

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.268, assuming all Cys residues are reduced

#### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 29.80  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 57.97

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.829

**host RNA polymerase inhibitor**

10 20 30 40 50 60  
MSQCNNGCQY AKDVGMEHNS CANRCMYSEQ KYLLTIEGNT ESFEVPV FAR SLEEATLQAE  
70  
HYEDAGFVVT RIRPEVKA

**Number of amino acids:** 78

**Molecular weight:** 8839.87

**Theoretical pI:** 4.85

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	9.0%
Arg (R)	4	5.1%
Asn (N)	5	6.4%
Asp (D)	2	2.6%
Cys (C)	4	5.1%
Gln (Q)	4	5.1%
Glu (E)	10	12.8%
Gly (G)	4	5.1%
His (H)	2	2.6%
Ile (I)	2	2.6%
Leu (L)	4	5.1%
Lys (K)	3	3.8%
Met (M)	3	3.8%
Phe (F)	3	3.8%
Pro (P)	2	2.6%
Ser (S)	5	6.4%
Thr (T)	4	5.1%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	4	5.1%
Val (V)	6	7.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 12

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 7

**Atomic composition:**

Carbon	C	378
Hydrogen	H	586
Nitrogen	N	106
Oxygen	O	125
Sulfur	S	7

**Formula:** C<sub>378</sub>H<sub>586</sub>N<sub>106</sub>O<sub>125</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 1202

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 6210

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.702, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 5960

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.674, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 68.16

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 61.28

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.517

**hypothetical protein-7**

10 20 30 40  
MTLRECCDWC AAKWNQAI EA GDEAAANAYQ QLYALWERRF KEANK

**Number of amino acids:** 45

**Molecular weight:** 5267.92

**Theoretical pI:** 5.14

**Amino acid composition:**

Ala (A)	10	22.2%
Arg (R)	3	6.7%
Asn (N)	3	6.7%
Asp (D)	2	4.4%
Cys (C)	3	6.7%
Gln (Q)	3	6.7%
Glu (E)	5	11.1%
Gly (G)	1	2.2%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	1	2.2%
Leu (L)	3	6.7%
Lys (K)	3	6.7%
Met (M)	1	2.2%
Phe (F)	1	2.2%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	0	0.0%
Thr (T)	1	2.2%
Trp (W)	3	6.7%
Tyr (Y)	2	4.4%
Val (V)	0	0.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 7

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 6

**Atomic composition:**

Carbon	C	230
Hydrogen	H	346
Nitrogen	N	66
Oxygen	O	69
Sulfur	S	4

**Formula:** C<sub>230</sub>H<sub>346</sub>N<sub>66</sub>O<sub>69</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 715

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 19605

Abs 0.1% (=1 g/l) 3.722, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 19480

Abs 0.1% (=1 g/l) 3.698, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 67.75

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 56.89

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.689

**hypothetical protein-8**

10 20 30 40 50 60  
MLQHHWNKPD LEARFPVNSA VRYSGDNPVL KGLTGTVQGY SHTGRVKVQF GIRETEVHPS  
70 80 90 100 110 120  
VLIPLPKIGP NVEAPKSAVK SDVTHPNHYM LFDNVEAIEV IARSMTVEAF RGYCLGNILK  
130 140 150  
YRLRAGKKSE LATMEKDLKK AAFYQELFDK HKGLCYDAS

**Number of amino acids:** 159

**Molecular weight:** 17869.57

**Theoretical pI:** 9.19

**Amino acid composition:**

Ala (A)	12	7.5%
Arg (R)	8	5.0%
Asn (N)	7	4.4%
Asp (D)	7	4.4%
Cys (C)	2	1.3%
Gln (Q)	4	2.5%
Glu (E)	10	6.3%
Gly (G)	11	6.9%
His (H)	7	4.4%
Ile (I)	6	3.8%
Leu (L)	14	8.8%
Lys (K)	14	8.8%
Met (M)	4	2.5%
Phe (F)	6	3.8%
Pro (P)	9	5.7%
Ser (S)	9	5.7%
Thr (T)	7	4.4%
Trp (W)	1	0.6%
Tyr (Y)	7	4.4%
Val (V)	14	8.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 17

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 22

**Atomic composition:**

Carbon	C	802
Hydrogen	H	1263
Nitrogen	N	223
Oxygen	O	228
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>802</sub>H<sub>1263</sub>N<sub>223</sub>O<sub>228</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 2522

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 16055

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.898, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 15930

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.891, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.69

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 82.14

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.389

**hypothetical protein-9**

10 20 30 40 50 60  
MRLHFNTSNG IFSVRREDRS TAVASERNAK LPLIGSVVPL SPRVHLLITR GEFIKAMNKE  
70 80  
RPHLEAVVTY WPRIRLFVKW IKEVL

**Number of amino acids:** 85

**Molecular weight:** 9893.68

**Theoretical pI:** 11.20

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	5.9%
Arg (R)	10	11.8%
Asn (N)	4	4.7%
Asp (D)	1	1.2%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	6	7.1%
Gly (G)	3	3.5%
His (H)	3	3.5%
Ile (I)	6	7.1%
Leu (L)	9	10.6%
Lys (K)	5	5.9%
Met (M)	2	2.4%
Phe (F)	4	4.7%
Pro (P)	5	5.9%
Ser (S)	6	7.1%
Thr (T)	4	4.7%
Trp (W)	2	2.4%
Tyr (Y)	1	1.2%
Val (V)	9	10.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 7

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 15

**Atomic composition:**

Carbon	C	450
Hydrogen	H	730
Nitrogen	N	132
Oxygen	O	115
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>450</sub>H<sub>730</sub>N<sub>132</sub>O<sub>115</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 1429

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 12490

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.262

**Estimated half-life:**





**Total number of atoms:** 5360

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of  $M^{-1} cm^{-1}$ , at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 63620

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.656, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 63370

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.649, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 38.08

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.88

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.389

**hypothetical protein-10**

10 20 30 40 50 60  
MRNIERFNAK TEPCGDCLRW TGRIQPNGYG QFRLEGKTQY AHRAAYKLFY GELDNKDTVL  
70 80 90 100 110 120  
HSCDNRWCVN PEHLTKGTQA DNLKDMAIKG RHHAIKIPND AIEGIRKDPR SSTVIAAEWG  
130

VHPTTIHKIK RNINRRFV

**Number of amino acids:** 138

**Molecular weight:** 15889.13

**Theoretical pI:** 9.69

**Amino acid composition:**

Ala (A)	10	7.2%
Arg (R)	13	9.4%
Asn (N)	10	7.2%
Asp (D)	8	5.8%
Cys (C)	4	2.9%
Gln (Q)	4	2.9%
Glu (E)	7	5.1%
Gly (G)	10	7.2%
His (H)	7	5.1%
Ile (I)	12	8.7%
Leu (L)	7	5.1%
Lys (K)	11	8.0%
Met (M)	2	1.4%
Phe (F)	4	2.9%
Pro (P)	6	4.3%
Ser (S)	3	2.2%
Thr (T)	9	6.5%
Trp (W)	3	2.2%
Tyr (Y)	3	2.2%
Val (V)	5	3.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 15

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 24

**Atomic composition:**

Carbon	C	695
Hydrogen	H	1105
Nitrogen	N	219
Oxygen	O	198

Sulfur S 6

**Formula:** C<sub>695</sub>H<sub>1105</sub>N<sub>219</sub>O<sub>198</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 2223

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 21220

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.336, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 20970

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.320, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 42.52

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 71.45

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.794

### dGTP triphosphohydrolase inhibitor

10 20 30 40 50 60  
MMGRIYSGNL HDYKDAVARL QEDHDVTVKV ESFSYENPAK MCRSSGEALR VFTRSGHLVA  
70 80 90  
SRTFEHSDSD VQINAQTAWL RKVHSDLKHW K

**Number of amino acids:** 91

**Molecular weight:** 10477.74

**Theoretical pI:** 7.96

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	7.7%
Arg (R)	7	7.7%
Asn (N)	3	3.3%
Asp (D)	7	7.7%
Cys (C)	1	1.1%
Gln (Q)	3	3.3%
Glu (E)	5	5.5%
Gly (G)	4	4.4%
His (H)	6	6.6%
Ile (I)	2	2.2%
Leu (L)	6	6.6%
Lys (K)	6	6.6%
Met (M)	3	3.3%
Phe (F)	3	3.3%
Pro (P)	1	1.1%
Ser (S)	10	11.0%
Thr (T)	4	4.4%
Trp (W)	2	2.2%
Tyr (Y)	3	3.3%
Val (V)	8	8.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 12

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 13

**Atomic composition:**

Carbon	C	456
Hydrogen	H	710
Nitrogen	N	138
Oxygen	O	139

Sulfur S 4

**Formula:** C<sub>456</sub>H<sub>710</sub>N<sub>138</sub>O<sub>139</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 1447

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 15470

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.476, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 15470

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.476, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 40.06

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 67.47

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.684

**hypothetical protein-11**

10 20 30 40  
MRTNFEKFTK RDSVVNEHGE QWQERRDRMK KRHKQQRGNS QKREWN

**Number of amino acids:** 46

**Molecular weight:** 5901.57

**Theoretical pI:** 10.93

**Amino acid composition:**

Ala (A)	0	0.0%
Arg (R)	8	17.4%
Asn (N)	4	8.7%
Asp (D)	2	4.3%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	5	10.9%
Glu (E)	5	10.9%
Gly (G)	2	4.3%
His (H)	2	4.3%
Ile (I)	0	0.0%
Leu (L)	0	0.0%
Lys (K)	6	13.0%
Met (M)	2	4.3%
Phe (F)	2	4.3%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	2	4.3%
Thr (T)	2	4.3%
Trp (W)	2	4.3%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	2	4.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 7

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 14

**Atomic composition:**

Carbon	C	248
Hydrogen	H	397
Nitrogen	N	91
Oxygen	O	74
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>248</sub>H<sub>397</sub>N<sub>91</sub>O<sub>74</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 812

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of  $M^{-1} \text{ cm}^{-1}$ , at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 11000

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.864

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 59.29

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 12.61

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -2.383

**hypothetical protein-12**

10 20 30 40 50 60  
MINIKTFLKN IFKLNRLTSV KFYAWMPGSD DLRKTEFKLG LGPCGKVVTK LECYSTSSGM  
70 80 90  
VIFQTEDNE TKSFYYPKGS TCGRIERTYS

**Number of amino acids:** 90

**Molecular weight:** 10311.95

**Theoretical pI:** 9.38

**Amino acid composition:**

Ala (A)	1	1.1%
Arg (R)	4	4.4%
Asn (N)	4	4.4%
Asp (D)	3	3.3%
Cys (C)	3	3.3%
Gln (Q)	1	1.1%
Glu (E)	5	5.6%
Gly (G)	7	7.8%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	5	5.6%
Leu (L)	7	7.8%
Lys (K)	10	11.1%
Met (M)	3	3.3%
Phe (F)	6	6.7%
Pro (P)	3	3.3%
Ser (S)	8	8.9%
Thr (T)	10	11.1%
Trp (W)	1	1.1%
Tyr (Y)	5	5.6%
Val (V)	4	4.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 8

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 14

**Atomic composition:**

Carbon	C	464
Hydrogen	H	728
Nitrogen	N	118
Oxygen	O	135
Sulfur	S	6

**Formula:**  $C_{464}H_{728}N_{118}O_{135}S_6$

**Total number of atoms:** 1451

**Extinction coefficients:**



Leu (L)	84	9.5%
Lys (K)	68	7.7%
Met (M)	25	2.8%
Phe (F)	35	4.0%
Pro (P)	40	4.5%
Ser (S)	40	4.5%
Thr (T)	41	4.6%
Trp (W)	18	2.0%
Tyr (Y)	25	2.8%
Val (V)	53	6.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 107

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 106

**Atomic composition:**

Carbon	C	4444
Hydrogen	H	6977
Nitrogen	N	1203
Oxygen	O	1280
Sulfur	S	34

**Formula:** C<sub>4444</sub>H<sub>6977</sub>N<sub>1203</sub>O<sub>1280</sub>S<sub>34</sub>

**Total number of atoms:** 13938

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 136750

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.384, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 136250

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.379, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 36.71

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 87.81

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.258

**hypothetical protein-13**

10 20 30 40  
 MLHLLIALLR HRVTWRFLLV LTATLGYAGL TDHLGQLEVA FCSILSCGD

**Number of amino acids:** 49

**Molecular weight:** 5452.53

**Theoretical pI:** 6.80

**Amino acid composition:**

Ala (A)	4	8.2%
Arg (R)	3	6.1%
Asn (N)	0	0.0%
Asp (D)	2	4.1%
Cys (C)	2	4.1%
Gln (Q)	1	2.0%
Glu (E)	1	2.0%
Gly (G)	4	8.2%
His (H)	3	6.1%
Ile (I)	2	4.1%
Leu (L)	13	26.5%
Lys (K)	0	0.0%

Met (M)	1	2.0%
Phe (F)	2	4.1%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	2	4.1%
Thr (T)	4	8.2%
Trp (W)	1	2.0%
Tyr (Y)	1	2.0%
Val (V)	3	6.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 3**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 3**

**Atomic composition:**

Carbon	C	250
Hydrogen	H	402
Nitrogen	N	66
Oxygen	O	64
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>250</sub>H<sub>402</sub>N<sub>66</sub>O<sub>64</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 785

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 7115

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.305, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 6990

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.282, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 26.54

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 145.31

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.927

**DNA packaging protein**

10	20	30	40	50	60
MSDTQANRNA	LIIAQLKGF	VAFLFVLWKA	LALPPPDKCQ	IDMARCLANG	DNKKFILQAF
70	80	90	100	110	120
RGIGKSFITC	AFVVTWLRD	PQLKILIVSA	SKERADANSI	FIKNIIDLPL	FLAELKPRPG
130	140	150	160	170	180
QRDSVISFDV	GPAKPDHSPS	VKSVGITGQL	TGSRADIIIA	DDVEIPSNSA	TQGAREKLWT
190	200	210	220	230	240
LVQEFAAALLK	PLPISRVIYL	GTPQTEMTLY	KELEDNRGYT	TIIWPALYPR	SREEDLYYGD
250	260	270	280	290	300
RLAPMLREEF	NDGFEMLQGG	PTDPVRFDM	DLRERELEYG	KAGFTLQFML	NPNLSDAEKY
310	320	330	340	350	360
PLRLRDAIVC	GLDFEKAPMH	YQWLPNRQNR	NEELPNVGLK	GDDIHSYHSC	SQNTGQYQQR
370	380	390	400	410	420
ILVIDPSGRG	KDETYAVLFL	TLNGYIYLME	AGGFRDGYSD	KTLESLAKKA	KQWKVQTVVF
430	440	450	460	470	480
ESNFGDGMFG	KVFSPLLKHL	HAAQLEEIRA	RGMKELRICD	TLEPVLSTHR	LVIKRVDEVIRE
490	500	510	520	530	540
DYQTARDADG	KHDVRYSLFY	QLTRMAREKG	AVAHDDRDLDA	LALGVEFLRS	TMELDAVKVE
550	560	570	580		
AEVLEAFLEE	HMEHPIHSAG	HVVTSMVDGM	ELYWEDDDVN	SNRFIDW	



Number of amino acids: 587

Molecular weight: 66727.07

Theoretical pI: 5.32

**Amino acid composition:**

Ala (A)	45	7.7%
Arg (R)	38	6.5%
Asn (N)	20	3.4%
Asp (D)	45	7.7%
Cys (C)	6	1.0%
Gln (Q)	24	4.1%
Glu (E)	42	7.2%
Gly (G)	37	6.3%
His (H)	13	2.2%
Ile (I)	32	5.5%
Leu (L)	63	10.7%
Lys (K)	31	5.3%
Met (M)	16	2.7%
Phe (F)	27	4.6%
Pro (P)	28	4.8%
Ser (S)	30	5.1%
Thr (T)	27	4.6%
Trp (W)	9	1.5%
Tyr (Y)	19	3.2%
Val (V)	35	6.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 87

Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 69

**Atomic composition:**

Carbon	C	2985
Hydrogen	H	4661
Nitrogen	N	811
Oxygen	O	882
Sulfur	S	22

**Formula:** C<sub>2985</sub>H<sub>4661</sub>N<sub>811</sub>O<sub>882</sub>S<sub>22</sub>

Total number of atoms: 9361

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 78185

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.172, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 77810

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.166, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.42

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 88.07

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.332

**endopeptidase-2**

10	20	30	40	50	60
MLKLLRSALP	WVLAGTLEFMG	GWHLGSTHER	ANWKEVIQNE	YIAKTKATAA	TQAEVSRVSR
70	80	90	100	110	120
EYQEEIAAIE	GSTDRLNDL	RSNNKRLSVR	IKTLTGLPED	NGRCEFNGRA	ELHESDAKRI

130 140 150  
IGITQAADAH VRALQRTIKE MQNERHPSKP

**Number of amino acids:** 150

**Molecular weight:** 16947.25

**Theoretical pI:** 9.41

**Amino acid composition:**

Ala (A)	16	10.7%
Arg (R)	14	9.3%
Asn (N)	8	5.3%
Asp (D)	5	3.3%
Cys (C)	1	0.7%
Gln (Q)	6	4.0%
Glu (E)	14	9.3%
Gly (G)	9	6.0%
His (H)	5	3.3%
Ile (I)	9	6.0%
Leu (L)	14	9.3%
Lys (K)	9	6.0%
Met (M)	4	2.7%
Phe (F)	2	1.3%
Pro (P)	4	2.7%
Ser (S)	9	6.0%
Thr (T)	10	6.7%
Trp (W)	3	2.0%
Tyr (Y)	2	1.3%
Val (V)	6	4.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 19

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 23

**Atomic composition:**

Carbon	C	733
Hydrogen	H	1196
Nitrogen	N	228
Oxygen	O	224
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>733</sub>H<sub>1196</sub>N<sub>228</sub>O<sub>224</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 2386

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 19480

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.149, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 19480

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.149, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 37.53

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 82.07

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.638

**DNA packaging protein A**

10 20 30 40 50 60  
MSDKTLIKLL EMLDTEMAQR MLADLQSEER RTPQLYNAIG KLLDRHKFQI SKLTDPDENIL

70 80  
GGLAAGLEDY NKVVGPNGLT DDETITLQ

**Number of amino acids:** 88

**Molecular weight:** 9888.31

**Theoretical pI:** 4.70

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	5.7%
Arg (R)	4	4.5%
Asn (N)	4	4.5%
Asp (D)	8	9.1%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	5	5.7%
Glu (E)	7	8.0%
Gly (G)	6	6.8%
His (H)	1	1.1%
Ile (I)	5	5.7%
Leu (L)	15	17.0%
Lys (K)	6	6.8%
Met (M)	4	4.5%
Phe (F)	1	1.1%
Pro (P)	3	3.4%
Ser (S)	3	3.4%
Thr (T)	7	8.0%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	2	2.3%
Val (V)	2	2.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 15

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 10

**Atomic composition:**

Carbon	C	430
Hydrogen	H	711
Nitrogen	N	117
Oxygen	O	140
Sulfur	S	4

**Formula:** C<sub>430</sub>H<sub>711</sub>N<sub>117</sub>O<sub>140</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 1402

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 2980

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.301

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 49.99

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 100.91

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.436

holin class II

10 20 30 40 50 60  
MLSFDFNNEV VKAAPIVGTG VADGAARLFW GLSLNEWFYV AAIAYTVVQI GAKVVDKMID  
WKRANKE

**Number of amino acids:** 67

**Molecular weight:** 7406.59

**Theoretical pI:** 6.08

**Amino acid composition:**

Ala (A)	10	14.9%
Arg (R)	2	3.0%
Asn (N)	4	6.0%
Asp (D)	4	6.0%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	1	1.5%
Glu (E)	3	4.5%
Gly (G)	5	7.5%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	4	6.0%
Leu (L)	4	6.0%
Lys (K)	5	7.5%
Met (M)	2	3.0%
Phe (F)	4	6.0%
Pro (P)	1	1.5%
Ser (S)	2	3.0%
Thr (T)	2	3.0%
Trp (W)	3	4.5%
Tyr (Y)	2	3.0%
Val (V)	9	13.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 7

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 7

**Atomic composition:**

Carbon	C	343
Hydrogen	H	526
Nitrogen	N	86
Oxygen	O	93
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>343</sub>H<sub>526</sub>N<sub>86</sub>O<sub>93</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 1050

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 19480

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.630

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 12.44

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 100.45

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.322

### tail fibers protein

10 20 30 40 50 60  
MATNIKTVMT YPLDGSTTDF NIPFEYLARK FVRVTLIGVD RKELILNQDY RFATKTTIST

70	80	90	100	110	120
TRALGPADGY	TLIEIRRFST	ATDRLVDFTD	GSILRAYDLN	ISQVQTLHVA	EEARDLTADT
130	140	150	160	170	180
IGVNNNDGNLD	ARGRRIVNVA	DAQDVGDAIN	LGQIQRWNS	ALNSANRAKQ	EADRATARAN
190	200	210	220	230	240
DANNSANASA	SSASSSAGSA	ELSKQWAVKE	TAVEPNLESS	RTYALHMSY	RNEAKDAADR
250	260	270	280	290	300
AKTSEANAKD	SESNKNSEA	NAKSSEAKAK	ASEERAIEEA	SKLGNMNDFA	AAIDSVDGIH
310	320	330	340	350	360
VTMNGNINSP	GNITGGGLVS	TGAASIQKGA	LVGEDLIVER	DITAKRDMYS	QRNIAVAGVT
370	380	390	400	410	420
YAHGGINQTL	SPNVYNKLSR	LHIDTNPQHV	GQRQGLHIGW	NEGGSGESNF	ITNRGAGSGG
430	440	450	460	470	480
FVFRTVNAEN	SVETGRVDIT	GGGVIYASHL	QVRSGARIEE	NNNIVGQONLY	AGMGSTMFEG
490	500	510	520	530	540
NGNLTGGIWA	QWGNLWGLN	NNSLFAKPPG	GVQLFTARGG	DYLEGRVDGT	AVGFRWFKSD
550	560	570	580	590	600
RRLKEDIKVV	RSADDMLNII	RSYIPVSYKY	KDASYTDNRG	RTNTIEGKRS	RAGFITQDLI
610	620	630	640		
RLWPEAVDVM	SDGIQSPDPN	QIIGGLMLLV	KNLDARVQEL	ESKLMTD	

**Number of amino acids:** 647

**Molecular weight:** 69954.53

**Theoretical pI:** 5.80

**Amino acid composition:**

Ala (A)	69	10.7%
Arg (R)	44	6.8%
Asn (N)	53	8.2%
Asp (D)	44	6.8%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	22	3.4%
Glu (E)	34	5.3%
Gly (G)	61	9.4%
His (H)	8	1.2%
Ile (I)	41	6.3%
Leu (L)	44	6.8%
Lys (K)	27	4.2%
Met (M)	12	1.9%
Phe (F)	16	2.5%
Pro (P)	13	2.0%
Ser (S)	53	8.2%
Thr (T)	42	6.5%
Trp (W)	8	1.2%
Tyr (Y)	17	2.6%
Val (V)	39	6.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 78

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 71

**Atomic composition:**

Carbon	C	3013
Hydrogen	H	4811
Nitrogen	N	905
Oxygen	O	991
Sulfur	S	12

**Formula:** C<sub>3013</sub>H<sub>4811</sub>N<sub>905</sub>O<sub>991</sub>S<sub>12</sub>

**Total number of atoms:** 9732

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 69330

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.991

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
 The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
 >20 hours (yeast, in vivo).  
 >10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 39.16

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.38

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.469

**internal (core) protein**

10	20	30	40	50	60
MSYDKNKPSE	FDGLFQKAAD	KHGVSYDLLR	KLAFNESSFN	PKAKSPTGPK	GLMQFTKGTA
70	80	90	100	110	120
TALGLKVTDA	DDDDRYNPEL	AVDAAARHLS	DLIRKYDGDE	LKAALAYNQG	EGRNGAPQMQ
130	140	150	160	170	180
AYDKGDWASI	SEEGRNYMRN	LMDVANSRPR	GDLEAFGGIT	PKAKGIPSGD	AFAGIGKKQT
190	200	210	220	230	240
VGTDLPESTG	FKVEGKEQKA	PNVPYAKDFW	EKTGTTLDEF	NARSTFFGIG	DATSAELHNS
250	260	270	280	290	300
VLGVAFRAAR	SDDGFDLFKD	TITPTRWNSH	TWTPEELERI	RKEVKNPAYI	NVVTGGSPEN
310	320	330	340	350	360
LDALIKMAND	NYEMDARSAD	AGVGAKLTAG	IVGAGVDPLS	YVPLVGVAGK	GLKVVNKAFV
370	380	390	400	410	420
VGTQSAGLAI	ASEGIRTSIA	GGEAHYADAA	LGGLMFGAGM	SAISDAIAAG	IRRSRGTEVV
430	440	450	460	470	480
NDFAPMAHRL	EARETALNAG	GEDLTRMPSE	NRVFDREHAG	VEYSPLETEP	GAVVLPQGOI
490	500	510	520	530	540
LSDTNPLNPQ	TLSEFEAVNP	ERAARGISLG	GFTEIGLKTL	RSENPTVRSI	ASDLVRSPTG
550	560	570	580	590	600
MESGSNGKFG	ATASDIKERL	HANNQRTYNQ	LYDAVRTAMK	DPEFSTGGAT	MSRKEIRQEI
610	620	630	640	650	660
YKRAALAIER	PELQANLTKG	ERNVMNILKQ	HFDLREIME	NPSIFGNTKA	VSIFPGSRHK
670	680	690	700	710	720
GTYVPNVYDR	AIKIEMVKRY	GNDGLQRAIA	ESWLTSYRAR	PEVKARVDEY	LMELNGLKSV
730	740	750	760	770	780
QEVTPPEMVQK	HAMDKAYGIS	HTDQFSASSV	IEDNIEGLVG	IENNNFLEAR	NMFDSDMAVT
790	800	810	820	830	840
LPDGNTFSVN	DLRTYDMAEI	LPAYDRRVDG	DVAIMGSGSK	TTKDLKDEIM	ALDKQSEGNG
850	860	870	880	890	900
TLKGEVEALK	DTVKILTGRA	RRNPEGAWGT	ALRSVNDLTF	FAKNAYMGAQ	NVTEIAGMLA
910	920	930	940	950	960
KGNVSAITHG	IPMINDWVNR	GKPLRASEIK	EIHGMVFGKE	LDQLIRPGRE	DHVRRLREST
970	980	990	1000	1010	1020
DTSAAVANVV	GTIRFGTQEL	AARSPWTMLL	NGTSNYILDA	ARQGVLDVA	GAALAGKASK
1030	1040	1050	1060	1070	1080
FGKANYLKSA	SISPEQWNGI	KQLFRDYATR	GEDGKFTIRD	KQAFANDPRS	MDLWRLADKV
1090	1100	1110	1120	1130	1140
ADETILRPHK	VSSQDSKAFG	AGVKMVMQFK	NFVIKSLNSR	FVRSFYEATK	NNRALDQALT
1150	1160	1170	1180	1190	1200
HIISLGLAGG	YYVAQAHLKA	ASLQEHKRKE	YLKNALDPKM	IAHASISRSS	HLGSPLSIYD
1210	1220	1230	1240	1250	1260
MFAGMVGSDT	YKYTRSTVLP	KESEKRDPNK	ALTGRQVASS	IAGAVGEQVP	GLGFVGSVGA
1270	1280	1290	1300	1310	1320
TAINAASLLS	SPNKATALEF	RTGLFNTRSRE	LIPNDPLSQQ	LIMKIYEANG	IRIKETPKKQ

**Number of amino acids:** 1320

**Molecular weight:** 143525.97

**Theoretical pI:** 8.41

**Amino acid composition:**

Ala (A) 145 11.0%

Arg (R) 80 6.1%

Asn (N)	70	5.3%
Asp (D)	81	6.1%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	38	2.9%
Glu (E)	83	6.3%
Gly (G)	120	9.1%
His (H)	21	1.6%
Ile (I)	66	5.0%
Leu (L)	102	7.7%
Lys (K)	88	6.7%
Met (M)	37	2.8%
Phe (F)	47	3.6%
Pro (P)	54	4.1%
Ser (S)	91	6.9%
Thr (T)	76	5.8%
Trp (W)	10	0.8%
Tyr (Y)	36	2.7%
Val (V)	75	5.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 164

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 168

**Atomic composition:**

Carbon	C	6290
Hydrogen	H	10028
Nitrogen	N	1808
Oxygen	O	1960
Sulfur	S	37

**Formula:** C<sub>6290</sub>H<sub>10028</sub>N<sub>1808</sub>O<sub>1960</sub>S<sub>37</sub>

**Total number of atoms:** 20123

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 108640

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.757

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 37.02

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 77.10

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.436

**protein inside capsid C**

10	20	30	40	50	60
MASKLNSVLG	NMATPGMERL	RGVKGMDYRA	ATIQAEPRA	SLLDSIGRFA	KAGADMYMAK
70	80	90	100	110	120
DERDKQRADE	RSNEIIRKLT	PEQRRQAIQN	GTLTYQDDPY	AMQALKFKTG	RNAAFVLVDDE
130	140	150	160	170	180
VQQAIEGRF	RTREEMEQYR	HSRLQEHSKS	FAEQFGINEM	DEEYQKGFNA	NITERNIALY
190	200	210	220	230	240
GAHDTFLSDQ	AQKGAILNSK	VELNGVLSDP	DLLSRPESGE	FFQNYIDNSL	VTGMTDNQAQ
250	260	270	280	290	300
QVISSSLNDV	LQRPGGAAF	QNIENRKVTL	NGATTTYREL	MGDEQWQAMM	IKAQHTQFQN
310	320	330	340	350	360
NAKLTEKFRL	DINSALNQAD	TGKGWETLQG	IKAELDKIQP	GEEMTPEREW	LISAQEQMRT

370            380            390            400            410            420  
 RFKQEQAEETA KLMDKQKQKTL NKSLVIDKQF QKRLNGEYVS TNYKDMPTNE NTGEFTHSDM  
 430            440            450            460            470            480  
 VNYANQKLAIE IEAMDLTPEQ KDKLKLKLDYLR ADSKEGAFRA AFGEMITDAG NEWQAAVING  
 490            500            510            520            530            540  
 KMPESTPAMD NLRRIRNTDP DLIASLYPDK AELFLTMDML DNQGIDTQVL IDADKARAQK  
 550            560            570            580            590            600  
 TKEMQFEDDR AWAAMMNDST NPQIKYMPSS VQGYARKIYD SVKYRTGNPD MATEQVAKFL  
 610            620            630            640            650            660  
 SDSTTTFFSSS DVEGDTYGVLP KKNILTVSDD PKSWEQGKNI LDEAIKRITE ANPWITNKQL  
 670            680            690            700            710            720  
 TVYQQGDAIY LMDTTGQVRT RFDQELLKRE YQRTAQEQAE AAREKALKEA NKRAPISRPV  
 730            740  
 QAREEARKRV QEKRRKTPKY IYGRKED

**Number of amino acids:** 747

**Molecular weight:** 85244.58

**Theoretical pI:** 5.54

**Amino acid composition:**

Ala (A)	70	9.4%
Arg (R)	49	6.6%
Asn (N)	42	5.6%
Asp (D)	55	7.4%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	59	7.9%
Glu (E)	61	8.2%
Gly (G)	39	5.2%
His (H)	5	0.7%
Ile (I)	36	4.8%
Leu (L)	55	7.4%
Lys (K)	57	7.6%
Met (M)	30	4.0%
Phe (F)	23	3.1%
Pro (P)	24	3.2%
Ser (S)	37	5.0%
Thr (T)	49	6.6%
Trp (W)	7	0.9%
Tyr (Y)	24	3.2%
Val (V)	25	3.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 116

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 106

**Atomic composition:**

Carbon	C	3690
Hydrogen	H	5887
Nitrogen	N	1069
Oxygen	O	1191
Sulfur	S	30

**Formula:** C<sub>3690</sub>H<sub>5887</sub>N<sub>1069</sub>O<sub>1191</sub>S<sub>30</sub>

**Total number of atoms:** 11867

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient        74260

Abs 0.1% (=1 g/l)    0.871

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**



The instability index (II) is computed to be 33.54

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 66.59

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.871

### protein inside capsid B

```
      10      20      30      40      50      60
MCWMAAIPIA MMGAQALSSQ NSADKARVAQ TEAGRRQAME MVKEMNIQNA NASLEQRDAL
      70      80      90     100     110     120
EAASSELTTR NMQKVQAMGT IRAAIGEGML EGESMKRIKR IEEGNYIREA NSVTENYRRD
      130     140     150     160     170     180
YASIFAQQLG RTQSTASQVD AMYKSEAKGK SGLMRVLDPL SIMGQEASQ YAAGGFDDKK
      190
GNQAAPISAA KGTKTGR
```

**Number of amino acids:** 197

**Molecular weight:** 21252.10

**Theoretical pI:** 9.38

#### Amino acid composition:

Ala (A)	32	16.2%
Arg (R)	14	7.1%
Asn (N)	9	4.6%
Asp (D)	6	3.0%
Cys (C)	1	0.5%
Gln (Q)	15	7.6%
Glu (E)	15	7.6%
Gly (G)	17	8.6%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	11	5.6%
Leu (L)	9	4.6%
Lys (K)	12	6.1%
Met (M)	14	7.1%
Phe (F)	2	1.0%
Pro (P)	3	1.5%
Ser (S)	16	8.1%
Thr (T)	9	4.6%
Trp (W)	1	0.5%
Tyr (Y)	5	2.5%
Val (V)	6	3.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 21

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 26

#### Atomic composition:

Carbon	C	892
Hydrogen	H	1476
Nitrogen	N	276
Oxygen	O	294
Sulfur	S	15

**Formula:** C<sub>892</sub>H<sub>1476</sub>N<sub>276</sub>O<sub>294</sub>S<sub>15</sub>

**Total number of atoms:** 2953

#### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 12950

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.609, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 12950

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.609, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 39.21

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 64.67

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.529

**protein inside capsid A**

```
      10      20      30      40      50      60
MYITKCLQDH ADNFQPSIED ILEAEALGVE PKVIPDENTV AMLSDNAVLS IGGNQGDRVW
      70      80      90     100     110     120
FLTSKYVPLF TLKERLEFRR LIIEYRDMML SQYESIWNFV WVGNKSHIRF LKTIGAVFHN
     130
EFTADGQFQL FTISRR
```

**Number of amino acids:** 136

**Molecular weight:** 15836.14

**Theoretical pI:** 5.33

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	5.1%
Arg (R)	8	5.9%
Asn (N)	7	5.1%
Asp (D)	8	5.9%
Cys (C)	1	0.7%
Gln (Q)	6	4.4%
Glu (E)	10	7.4%
Gly (G)	7	5.1%
His (H)	3	2.2%
Ile (I)	11	8.1%
Leu (L)	13	9.6%
Lys (K)	6	4.4%
Met (M)	4	2.9%
Phe (F)	10	7.4%
Pro (P)	4	2.9%
Ser (S)	8	5.9%
Thr (T)	7	5.1%
Trp (W)	3	2.2%
Tyr (Y)	4	2.9%
Val (V)	9	6.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 18

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 14

**Atomic composition:**

Carbon	C	720
Hydrogen	H	1106
Nitrogen	N	188
Oxygen	O	205
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>720</sub>H<sub>1106</sub>N<sub>188</sub>O<sub>205</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 2224

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 22460

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.418, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 22460

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.418, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 38.99

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 93.16

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.136

**tail fiber protein-1**

10	20	30	40	50	60
MALISQSIKN	LKGGISQQPD	ILRFAEQGSV	QINGWSSESE	GLQKRPPMIH	LKTLGPAGYV
70	80	90	100	110	120
GAQPYVHLIN	RDEFEQYLTV	FTGEDIKVFD	LDGKEYQVRG	DRSYVRTANP	REDLRMVTVA
130	140	150	160	170	180
DYTFVTNRKV	VVQSNQSVN	LPGFKDQGDA	LINVRGGQYG	RRLSIEFNGA	ERAAVQLPDG
190	200	210	220	230	240
SQPAHVNEVD	GQAIAEKLAA	QLRNNLGNPN	NKQDPNKWRF	NVGPFGFIHIL	APNNDNVWGL
250	260	270	280	290	300
QTKDGYADQL	INPVTHYTQS	FQKLPINAPD	GYIVKIVGDT	SKTADQYYVR	FDLNRKVVVE
310	320	330	340	350	360
TIGWNTRTHL	HYHTMPWALV	RASDGNFDFK	VLEWGARTVG	DDTTNPYPSPF	TGQTINDIFF
370	380	390	400	410	420
FRNRLGFLSG	ENIILSRTSK	YFNFFPASVS	NYSDDDPIDV	AVSHNRVSTL	KYAVPFSEEL
430	440	450	460	470	480
LLWSDQAQFV	LTASGILSSR	SVELNLTQF	DVQDRARPHG	VGRNVYFASP	RASFTSINRY
490	500	510	520	530	540
YAVQDVSSVK	NAEDMTAHPV	NYIPNGVFSI	SGTTAENFAA	ILTSGAPNRV	YIYKFLYIDE
550	560	570	580	590	600
EIRQQSWSHW	DFGDNVTVFA	AQVINSTMTV	LMGNEHAVWM	GRLHFTKNSI	DIPGEPYRLY
610	620	630	640	650	660
IDAKRKYTIP	AGTYNDDTYQ	TSISLATIYG	MNFTKGRVSV	VFPDGKIIIEV	DQPINGWSSD
670	680	690	700	710	720
PVLRLDGNQE	GQVVYIGFNI	PFTYTFSKFL	IKKTAEDGST	ATEDIGRLQL	RRAWVNYEDS
730	740	750	760	770	780
GAFTIRVNNL	SREFIYTMAG	ARLGSNDLRV	GRSNIGTGQY	RFPVVGNAQT	NIVTIESDAS
790	800				
TPLNIIGCGW	EGNYLRRSSG	I			

**Number of amino acids:** 801

**Molecular weight:** 89817.58

**Theoretical pI:** 6.20

**Amino acid composition:**

Ala (A)	51	6.4%
Arg (R)	48	6.0%
Asn (N)	58	7.2%
Asp (D)	51	6.4%
Cys (C)	1	0.1%
Gln (Q)	39	4.9%
Glu (E)	32	4.0%
Gly (G)	64	8.0%
His (H)	14	1.7%
Ile (I)	53	6.6%
Leu (L)	52	6.5%
Lys (K)	29	3.6%
Met (M)	10	1.2%
Phe (F)	41	5.1%
Pro (P)	36	4.5%
Ser (S)	57	7.1%

Thr (T)	51	6.4%
Trp (W)	14	1.7%
Tyr (Y)	36	4.5%
Val (V)	64	8.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 83**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 77**

**Atomic composition:**

Carbon	C	4023
Hydrogen	H	6163
Nitrogen	N	1113
Oxygen	O	1209
Sulfur	S	11

**Formula:** C<sub>4023</sub>H<sub>6163</sub>N<sub>1113</sub>O<sub>1209</sub>S<sub>11</sub>

**Total number of atoms:** 12519

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 130640

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.455, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 130640

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.455, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 35.30

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 80.66

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.368

**tail fiber protein-2**

10	20	30	40	50	60
MRSYEMNIET	AEELSAVNDI	LASIGEPVVS	TLEGDANADV	ANARRVLNKI	NRQIQSRGWT
70	80	90	100	110	120
FNIEEGVTLL	PDAFSGMIPF	SSDYLSVMAT	SGQTQYINRG	GYIYDRSAKT	DRFPSGVQVN
130	140	150	160	170	180
LIRLREFDEM	PECFRNYIVT	KASRQFNNRF	FGAPEVDGVL	QEEEQEAWRA	CFEYELDYGN
190					
YNMLDGDAFT	SGLLNR				

**Number of amino acids:** 196

**Molecular weight:** 22233.69

**Theoretical pI:** 4.48

**Amino acid composition:**

Ala (A)	15	7.7%
Arg (R)	15	7.7%
Asn (N)	15	7.7%
Asp (D)	12	6.1%
Cys (C)	2	1.0%
Gln (Q)	8	4.1%
Glu (E)	18	9.2%
Gly (G)	14	7.1%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	11	5.6%
Leu (L)	14	7.1%

Lys (K)	3	1.5%
Met (M)	6	3.1%
Phe (F)	11	5.6%
Pro (P)	7	3.6%
Ser (S)	14	7.1%
Thr (T)	9	4.6%
Trp (W)	2	1.0%
Tyr (Y)	9	4.6%
Val (V)	11	5.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 30**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 18**

**Atomic composition:**

Carbon	C	975
Hydrogen	H	1495
Nitrogen	N	269
Oxygen	O	312
Sulfur	S	8

**Formula:** C<sub>975</sub>H<sub>1495</sub>N<sub>269</sub>O<sub>312</sub>S<sub>8</sub>

**Total number of atoms:** 3059

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 24535

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.104, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 24410

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.098, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 58.58

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 73.67

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.456

## capsid and scaffold protein-1

10 20 30  
MNAESEVEPT QEVADVALT PQQKAAITRA RNKALKSQ

**Number of amino acids:** 38

**Molecular weight:** 4153.63

**Theoretical pI:** 5.11

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	18.4%
Arg (R)	2	5.3%
Asn (N)	2	5.3%
Asp (D)	1	2.6%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	4	10.5%
Glu (E)	5	13.2%
Gly (G)	0	0.0%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	1	2.6%
Leu (L)	2	5.3%
Lys (K)	3	7.9%
Met (M)	1	2.6%

Phe (F)	0	0.0%
Pro (P)	2	5.3%
Ser (S)	2	5.3%
Thr (T)	3	7.9%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	3	7.9%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 6**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 5**

**Atomic composition:**

Carbon	C	174
Hydrogen	H	295
Nitrogen	N	53
Oxygen	O	62
Sulfur	S	1

**Formula:** C<sub>174</sub>H<sub>295</sub>N<sub>53</sub>O<sub>62</sub>S<sub>1</sub>

**Total number of atoms:** 585

**Extinction coefficients:**

As there are no Trp, Tyr or Cys in the region considered, your protein should not be visible by UV spectrophotometry.

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 48.24

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 72.11

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.800

**capsid and scaffold protein-2**

10	20	30	40	50	60
MPNAANYQAL	LDPERGTIRN	VMGFVVEVP	HLTAGGAGDT	REDAPADQKH	AFPATSSATV
70	80	90	100	110	120
KVALDNNVVG	FQHRSAVGTV	KLKDLALERA	RRANYQADQI	IAKYAMGHGG	LRPEAAGAIV
LPKTSKA					

**Number of amino acids:** 127

**Molecular weight:** 13431.28

**Theoretical pI:** 9.05

**Amino acid composition:**

Ala (A)	22	17.3%
Arg (R)	8	6.3%
Asn (N)	5	3.9%
Asp (D)	7	5.5%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	5	3.9%
Glu (E)	6	4.7%
Gly (G)	11	8.7%
His (H)	4	3.1%
Ile (I)	4	3.1%
Leu (L)	10	7.9%
Lys (K)	7	5.5%
Met (M)	3	2.4%
Phe (F)	3	2.4%
Pro (P)	7	5.5%

Ser (S)	4	3.1%
Thr (T)	7	5.5%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	3	2.4%
Val (V)	11	8.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 13**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 15**

**Atomic composition:**

Carbon	C	588
Hydrogen	H	952
Nitrogen	N	176
Oxygen	O	178
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>588</sub>H<sub>952</sub>N<sub>176</sub>O<sub>178</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 1897

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient           4470

Abs 0.1% (=1 g/l)       0.333

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 32.89

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 85.43

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.223

При анализе протеома бактериофага Enterobacter E7 в приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты был выявлен 41 белок с молекулярными массами от 4,1 до 143 кДа. Качественный протеомный состав Enterobacter phage представлен в таблицах 133-175 и на рисунках 221-343.

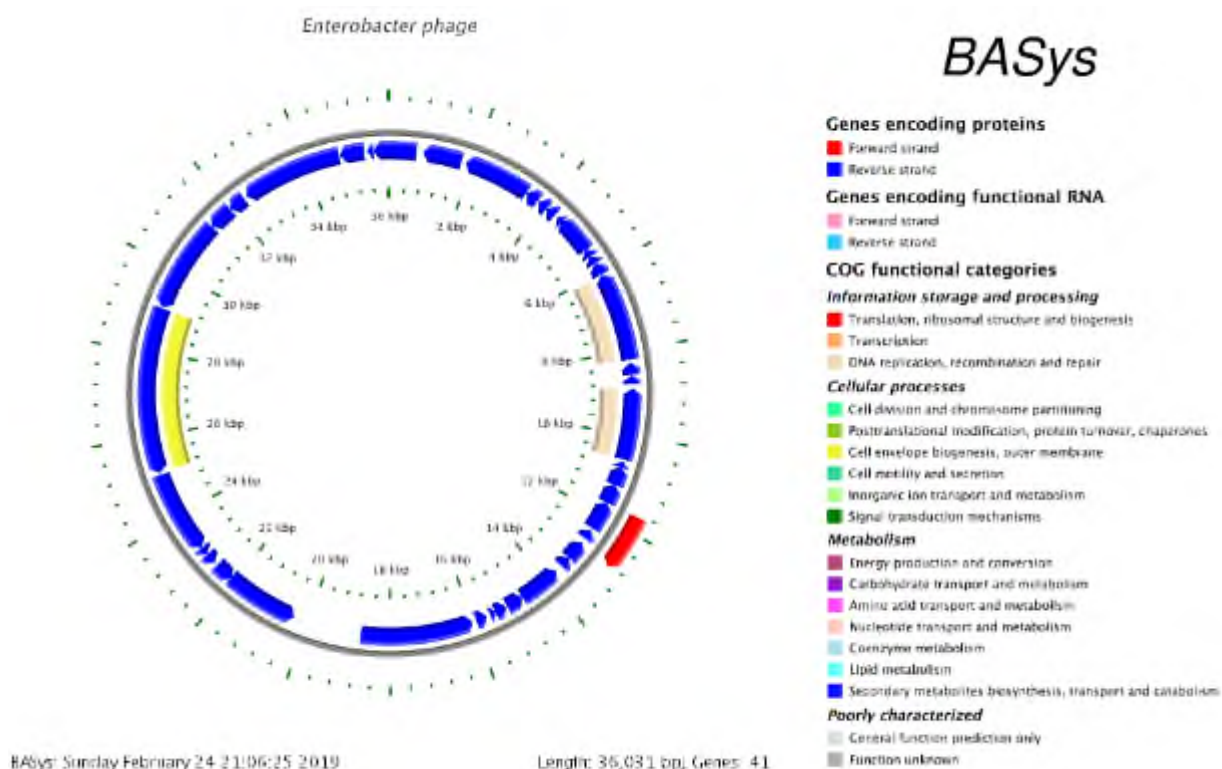


Рисунок 221 - Карта линейной ДНК бактериофага *Enterobacter phage E7* с расшифровкой кодирующих областей генома (по данным приложения BASys version 1.0.)

Таблица 133 - Локализация белков в геноме *Enterobacter phage E7* (по данным приложения BASys version 1.0.)

Protein Function	Start	End	Size, bp	Strand
Capsid Assembly Protein	1727	795	932	-
Head--Tail Joining Protein	3436	1829	1607	-
Hypothetical Protein BASYS00003	3767	3447	320	-
Hypothetical Protein BASYS00004	4046	3795	251	-
Hypothetical Protein BASYS00005	4296	4051	245	-
Hypothetical Protein BASYS00006	4502	4389	113	-
Phage Exonuclease	5395	4484	911	-
Hypothetical Protein BASYS00008	5580	5392	188	-
Hypothetical Protein BASYS00009	5780	5571	209	-



Hypothetical Protein BASYS00010	6079	5777	302	-
DNA polymerase I, thermostable [H]	8210	6096	2114	-
Hypothetical Protein BASYS00012	8562	8278	284	-
Hypothetical Protein BASYS00013	8787	8575	212	-
DNA Primase/Helicase	10586	8886	1700	-
Hypothetical Protein BASYS00015	10762	10655	107	-
Uncharacterized protein HI_1494 [H]	11222	10767	455	-
Phage Endodeoxyribonuclease I	11676	11215	461	-
Hypothetical Protein BASYS00018	12374	11676	698	-
Hypothetical Protein BASYS00019	12663	12427	236	-
Hypothetical Protein BASYS00020	11664	12851	1187	+
Hypothetical Protein BASYS00021	13263	12784	479	-
Hypothetical Protein BASYS00022	13520	13263	257	-
Conserved Hypothetical Protein	14706	13690	1016	-
Bacteriophage-Related Protein	15119	14703	416	-
Hypothetical Protein BASYS00025	15430	15146	284	-
Hypothetical Protein BASYS00026	15561	15421	140	-
Hypothetical Protein BASYS00027	15926	15654	272	-
DNA-Directed RNA Polymerase	18694	16013	2681	-
Hypothetical Protein Aasi	22097	20334	1763	-
Hypothetical Protein BASYS00030	22539	22072	467	-
Hypothetical Protein BASYS00031	22880	22614	266	-
Hypothetical Protein BASYS00032	23087	22884	203	-
Phage Tail Fiber Protein	25066	23099	1967	-
Putative murein lytic transglycosylase yjbJ [H]	29074	25112	3962	-
Hypothetical Protein BASYS00035	31336	29093	2243	-
Hypothetical Protein BASYS00036	31932	31339	593	-

Hypothetical Protein BASYS00037	32345	31935	410	-
Tail Tubular Protein B	34824	32419	2405	-
Tail Tubular Protein A	35430	34840	590	-
Hypothetical Protein BASYS00040	35631	35509	122	-
Minor Capsid Protein	36038	35643	395	-

Таблица 134 - Протеомный состав бактериофага E7, активного в отношении *Enterobacter* (по данным приложения BASys version 1.0.)

<b>Protein Function</b>	<b>Molecular Weight [Daltons]</b>	<b>pI</b>
Capsid Assembly Protein	33744	4,01
Head--Tail Joining Protein	58606	4,29
Hypothetical Protein BASYS00003	10914	10,5
Hypothetical Protein BASYS00004	8848	9,8
Hypothetical Protein BASYS00005	9368	6,24
Hypothetical Protein BASYS00006	4145	10,49
Phage Exonuclease	34759	4,69
Hypothetical Protein BASYS00008	7113	3,83
Hypothetical Protein BASYS00009	7260	10,25
Hypothetical Protein BASYS00010	11282	9,6
DNA polymerase I, thermostable [H]	79852	6,87
Hypothetical Protein BASYS00012	10737	10,61
Hypothetical Protein BASYS00013	7732	10,75
DNA Primase/Helicase	62800	4,81
Hypothetical Protein BASYS00015	4160	8,34
Uncharacterized protein HI_1494 [H]	16900	9,23
Phage Endodeoxyribonuclease I	17641	10,05

Hypothetical Protein BASYS00018	25948	4,51
Hypothetical Protein BASYS00019	8840	4,56
Hypothetical Protein BASYS00020	43828	9,7
Hypothetical Protein BASYS00021	17870	9,54
Hypothetical Protein BASYS00022	9894	11,75
Conserved Hypothetical Protein	38425	4,91
Bacteriophage-Related Protein	15889	10,23
Hypothetical Protein BASYS00025	10851	7,77
Hypothetical Protein BASYS00026	5902	11,58
Hypothetical Protein BASYS00027	10312	10,72
DNA-Directed RNA Polymerase	99985	7,85
Hypothetical Protein Aasi	66728	5,17
Hypothetical Protein BASYS00030	17423	9,98
Hypothetical Protein BASYS00031	9888	4,45
Hypothetical Protein BASYS00032	7407	6,67
Phage Tail Fiber Protein	70855	6,28
Putative murein lytic transglycosylase yjbJ [H]	143527	8,92
Hypothetical Protein BASYS00035	85246	5,34
Hypothetical Protein BASYS00036	21252	9,86
Hypothetical Protein BASYS00037	15836	5,2
Tail Tubular Protein B	89818	6,64
Tail Tubular Protein A	22234	4,21
Hypothetical Protein BASYS00040	4372	4,8
Minor Capsid Protein	36277	7,32

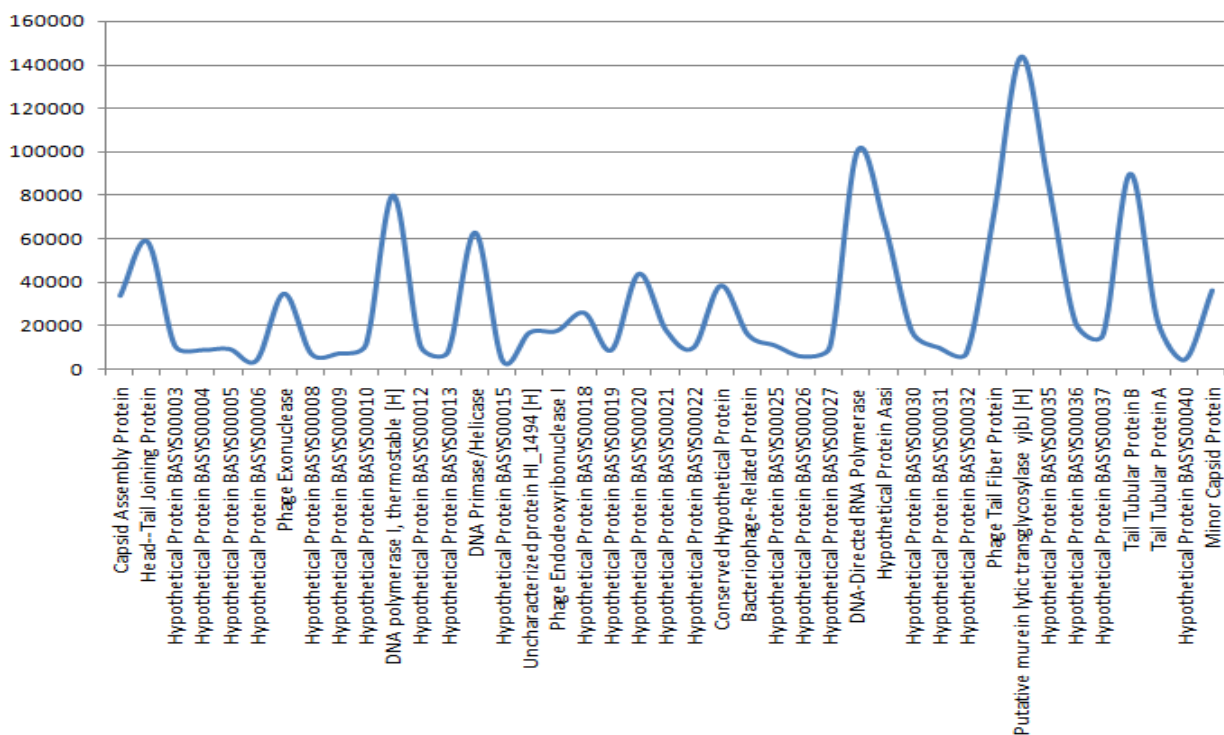


Рисунок 222 - График распределения белкового состава Enterobacter phage E7 по молекулярной массе (по данным приложения BASys version 1.0.)

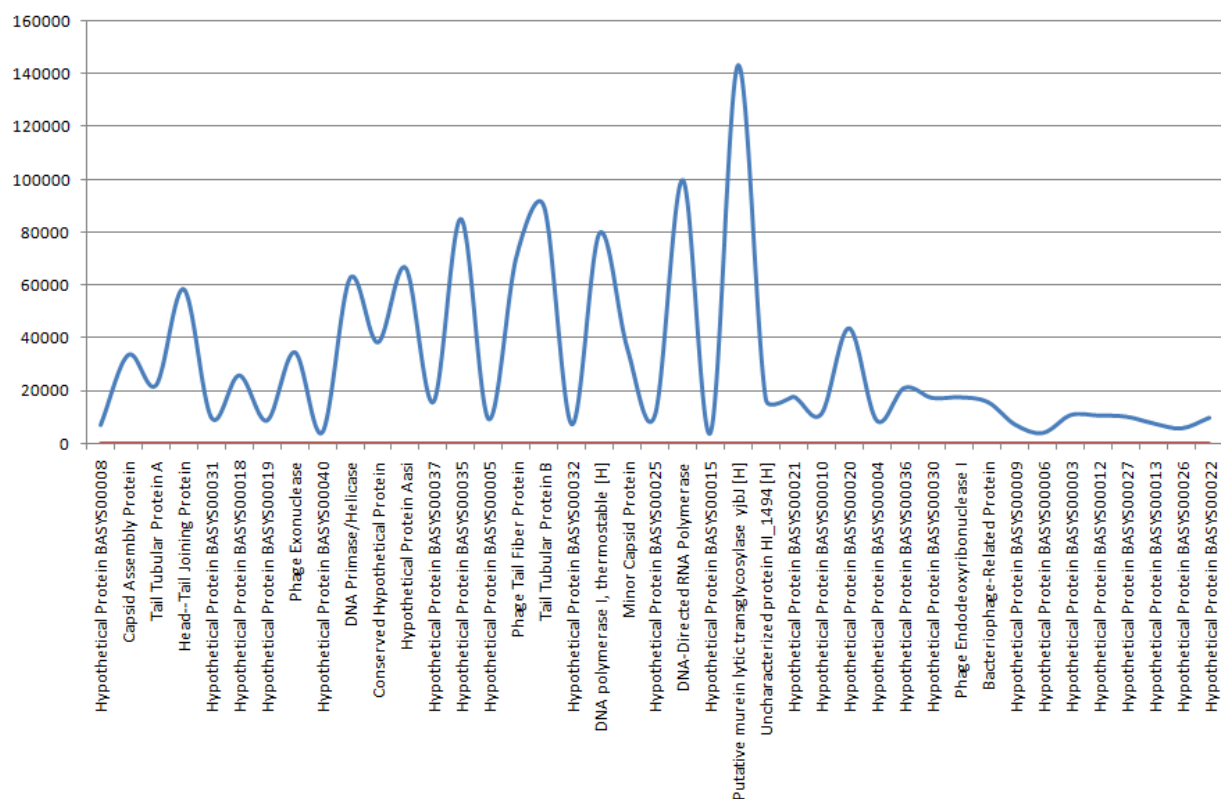


Рисунок 223 - График распределения белкового состава Enterobacter phage E7 по молекулярной массе в зависимости от pI (по данным приложения BASys version 1.0.)

**BASYS00001**

Таблица 135 - Данные о протеине BASYS00001 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:49:1 GMT
Entry ID	BASYS00001.1
Accession No.	BASYS00001
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	1727-795 (Counterclockwise)
Centisome Position	4.79
Gene Name	BASYS00001
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aacctcactaaagggagacctcatctttgaaatgagcgatgactaaaggttgagtcct ttggttccctttatctttaacaacttaggagatttaaca
Gene Sequence	atggctgaatctaatagcagacgtttatgctccttcggtgtgaacaacgcgtaatgacc ggaagtacacctactgaacacgaacagaatatgctgagtctcgatgttgctgccgat ggcgatgatgcaatcgacttagcgaggaaccgagttccataacgatgacctatgca tccggtgtagaccgttcgctgagggcgaggatgatgagggccgtattcaggttcgtatc agtgaagatggtagtgaagctgagttcgacactggtagcgataacgctgaggtggagacc gaaggtgaagccgatgagttgaaccgctgggtgataccccggaggaactaagtcaagt actgagcagttggccagcacgaagaaggctttcaggcgatggtcgagcagccgttgag cgtggactgagcgcagactctgtgaccgaatctacgaagatgaagccgatggtatc tctgagaaatctacgcggaactcgaagctgctggctatagtcgtgcctttgtggactcc tacatctccggtcaggaagccctttagaccagtacgtcaatcaggtagttgctttgct gggtgtaaggagcgttttagcgaatccatacgcacctgaagcaacaaccggctgcg gctgagtccttgagactgcatgatgaacagagacttgcgactgtcaaagcaattatc aatctggctggtgagagttacgaagaattcggttaagcccgaaccgtagtattacc aagcgtgctactccggttaacctgtagctcgtcagaagagggcttacgaatcaggct

	gagatgattaaagctatgagtgacccggttacgtagtgatgctgacctaccgtcaaatg gtagaacagaaggttatcgactccagtttctaa
GC Content [Percent]	51.45
Preceding Gene	BASYS00041
Following Gene	BASYS00002
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Capsid Assembly Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_310_residues MAESNADVYASFGVNNVMTGSTPTEHEQNMLSLDVAARDGDDAIVLSEEPSSHND- PYA SGVDPFAEGEDDEGRIQVRISEDGSEAEFDTGSDNAEVETEGEADEFELGDTPEELSQV TEQLGQHEEGFQAMVEQAVERGLSADSVTRIYEEYEADGISEKSYAELEAAGYSRAFVDS YISGQEALVDQYVNQVAFAGGKERFSAIHHTLEATNPAAAESLETAMMNRDLATVKAI NLAGESYTKKFGKPANRSVTKRATPVKPVARQKEGFTNQAEMIKAMSDPRYRS- DAAYRQM VEQKVIDSSF >Mature_309_residues AESNADVYASFGVNNVMTGSTPTEHEQNMLSLDVAARDGDDAIVLSEEPSSHNDPYAS GVDPFAEGEDDEGRIQVRISEDGSEAEFDTGSDNAEVETEGEADEFELGDTPEELSQVT EQLGQHEEGFQAMVEQAVERGLSADSVTRIYEEYEADGISEKSYAELEAAGYSRAFVDSY ISGQEALVDQYVNQVAFAGGKERFSAIHHTLEATNPAAAESLETAMMNRDLATVKAIIN LAGESYTKKFGKPANRSVTKRATPVKPVARQKEGFTNQAEMIKAMSDPRYRS- DAAYRQMV EQKVIDSSF
No. of Amino Acids	Translated: 310 ; Mature: 309
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 2.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.6 %Met (Mature)

	2.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 33744 ; Mature: 33613
Theoretical pI	Translated: 4.01 ; Mature: 4.01
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



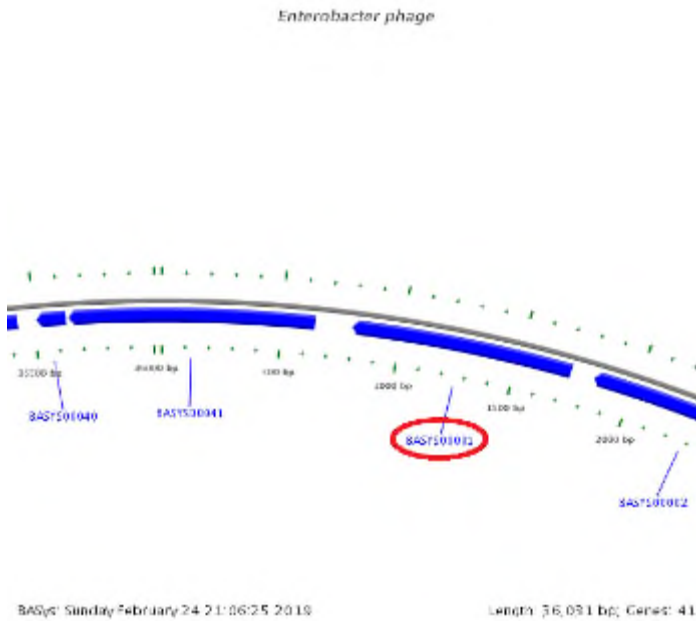


Рисунок 224 - Локализация BASYS00001 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

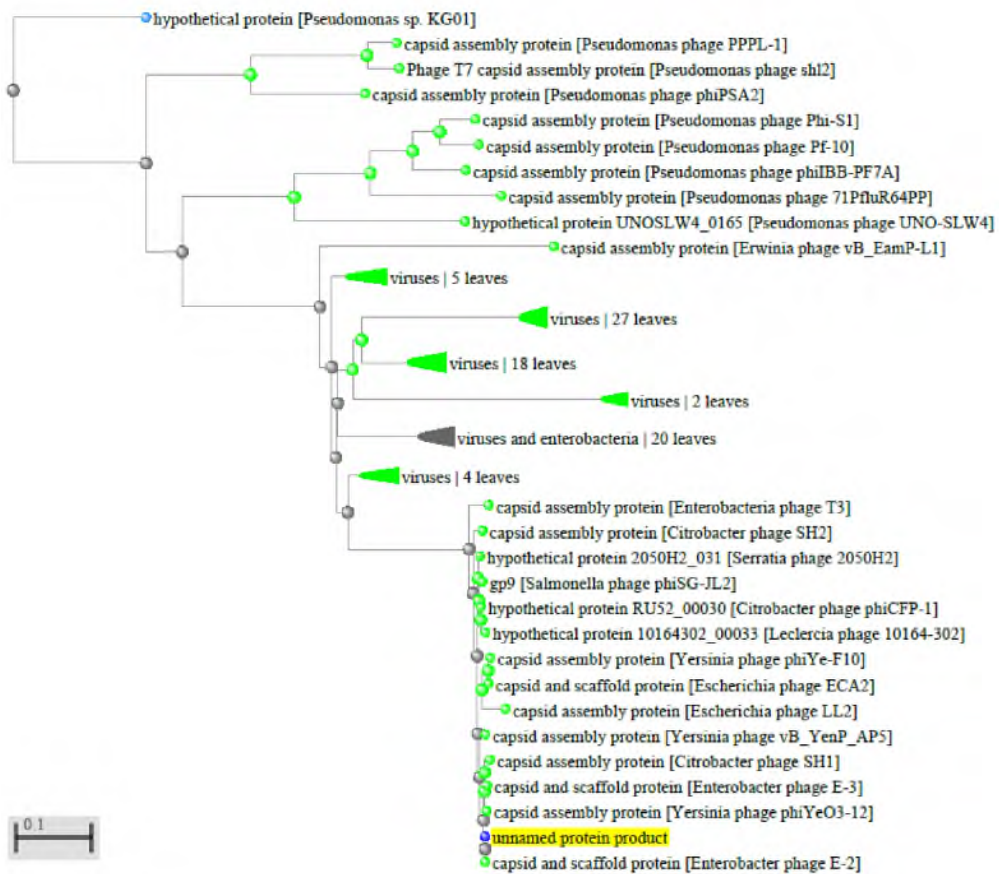


Рисунок 225 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00001 бактериофага Enterobacter phage E7

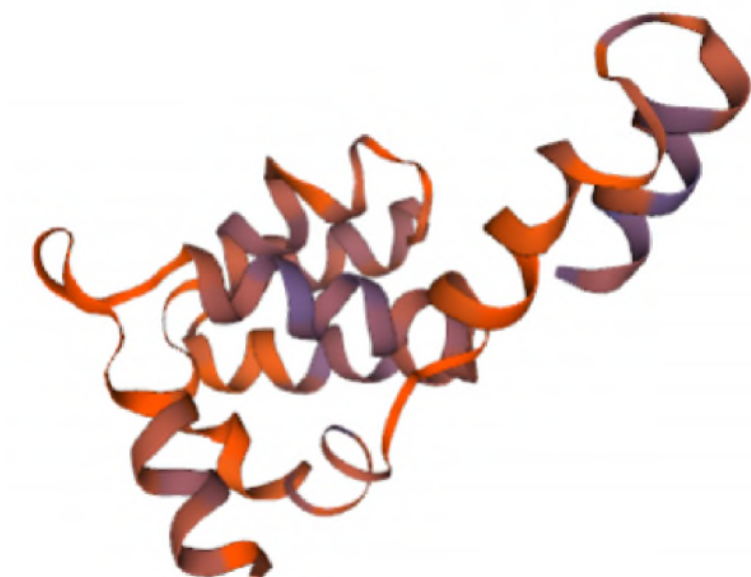


Рисунок 226 - Конформационная структура BASYS00001 бактериофага Enterobacter phage E7  
(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00002**

Таблица 136 - Данные о протеине BASYS00002 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:50:30 GMT
Entry ID	BASYS00002.1
A	cession No.
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available

B  
A  
S  
Y  
S  
0  
0  
0

Gene Position	3436-1829 (Counterclockwise)
Centisome Position	9.54
Gene Name	BASYS00002
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases caaaccgagagcgcacgtaagaaggcacgcgctgggggtaagaaggcacttagcgtagct cgcagttcaggcggtggaatcaatatctgaggaggactga
Gene Sequence	atggctgattcaaacgtacaggcctaggagaagacggtgctaaagctacctatgaccgc ctaactaacgaccgtagagcctatgagactcgtgcggaaaactgtgcaatacaccatt ccgtcctgttcccgaaggagtcgataacgaatctaccgactacacgactccgtggcag gctgtaggtgcgggggtcttaacaatctggcctctaaattaatgctggcactattcccg atgcagtcgtggatgaagctgaccattagtgaatatgaggcgaagcagcttgttgagac cctgctggactcgtaaggtaggaaggtctgtctatggtgagcgtattatcatgaat tatatcgaatccaacagttaccgtgtgacactcttgagtgcctcaagcagttaatcgtg gctggtaacgccctgcttacttaccggaacccgaaggtagctacaatccgatgaagctg taccgattgtcttctatgttgcctcaagagacgcatacggcaatgtttacagattgtc actcgtgaccagatagccttgggtgctctcccgaagacgttcggtctcggttagagaaa gctggtagcagaagaagatggacgaaatggcgtatgtataccatgtgtatctcgat gaagagtccggcgattacctaagtagcagaagtagaggacgttgagattgatggctct gatgccacttaccgactgacgctatgccctacattccgggtcgcattggttcgattgat ggcagcttacggctgctcactgtgaagaatacttaggtgacttaaggctctttag aatctcaagaggctatcgtaagatgagcatgattagtgcaaggtcatcggtctggct aacctgctggtattacacaaccgctcgattaaccaaggctcagactgggtgacttcggt ccgggtcgtcgagaagatattgacttctgcaactggagaagcaagctgactttaccgta gcaaaagctgtgagtgaccagatagaagcacgcttatcgtatgcctttatgttgaactct gcggtacagcgaacaggtgaacgtgtgaccgccaagagattcgatacgttgctgagaa ctggaagatacgttgggtgctctattcgattctgtctcaagaactgcaattgcctctg gttcgtgtgcttgaagcaactcaagcaacctcgcagattcctgagctaccgaaagaa gccgttgagcctactatcagtagcaggtctggaagcaatcgggctgggtcaagacctgat aagctggagcgtgtatctccgcttgggctgctctggctcctatgcagggagaccggac attaacctgtgtcattaagctgacgattgtaacccattggtattgatacttctggt atcctactgacggacgagcagaagcaagcactgatgatgcaggatgcggcccaaacaggt atcgagaacgctgccgactggtggtgctggtggtgctctagcgacctcaagtcca gaagctatgcaggggtcagcagcacaggctggcctagaccacaccta
GC Content [Percent]	50.81
Preceding Gene	BASYS00001

Following Gene	BASYS00003
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Head--Tail Joining Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_535_residues  MADSKRTGLGEDGAKATYDRLTNDRRAYETRAENCAQYTIPSLFPKESDNESTDYTTPWQ  AVGARGLNNLASKLMLALFPMQSWMKLTISEYEAKQLVGDPAGLAKVDEGLSMVE-  RIIMN  YIESNSYRVTLFECLKQLIVAGNALLYLPEPEGSYNPMKLYRLSSYVVQRDAYGNVLQIV  TRDQIAFGALPEDVRSVEKAGGEKKMDEMVDVYTHVYLDEESGDYLYEVEEDVEIDGS  DATYPTDAMPYIPVRMVRIDGESYGRSYCEEYLGDLRSLLENLQEAIVKMSMISAKVIGLV  NPAGITQPRRLTKAQTGFVPGRRREDIDFLQLEKQADFTVAKAVSDQIEARLSYAFMLNS  AVQRTGERVTAAEIRYVASELEDTLGGVYSILSQELQLPLVRVLLKQLQATSQIPELPKE  AVEPTISTGLEAIGRGQDLKLERCISAWAALAPMQGDPDINLAVIKLRIANAIGIDTSG  ILLTDEQKQALMMQDAAQTGIENAAATGGAGVVGALATSSPEAMQGAAAQAGLDAT</p> <p>&gt;Mature_534_residues  ADSKRTGLGEDGAKATYDRLTNDRRAYETRAENCAQYTIPSLFPKESDNESTDYTTPWQA  VGARGLNNLASKLMLALFPMQSWMKLTISEYEAKQLVGDPAGLAKVDEGLSMVERIIMNY  IESNSYRVTLFECLKQLIVAGNALLYLPEPEGSYNPMKLYRLSSYVVQRDAYGNVLQIVT  RDQIAFGALPEDVRSVEKAGGEKKMDEMVDVYTHVYLDEESGDYLYEVEEDVEIDGSD  ATYPTDAMPYIPVRMVRIDGESYGRSYCEEYLGDLRSLLENLQEAIVKMSMISAKVIGLVN  PAGITQPRRLTKAQTGFVPGRRREDIDFLQLEKQADFTVAKAVSDQIEARLSYAFMLNSA  VQRTGERVTAAEIRYVASELEDTLGGVYSILSQELQLPLVRVLLKQLQATSQIPELPKEA  VEPTISTGLEAIGRGQDLKLERCISAWAALAPMQGDPDINLAVIKLRIANAIGIDTSGI  LLTDEQKQALMMQDAAQTGIENAAATGGAGVVGALATSSPEAMQGAAAQAGLDAT</p>
No. of Amino Acids	Translated: 535 ; Mature: 534
Cys/Met Content	0.7 %Cys (Translated) 3.4 %Met (Translated) 4.1 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 3.2 %Met (Mature) 3.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 58606 ; Mature: 58475

Theoretical pl	Translated: 4.29 ; Mature: 4.29
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available

EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

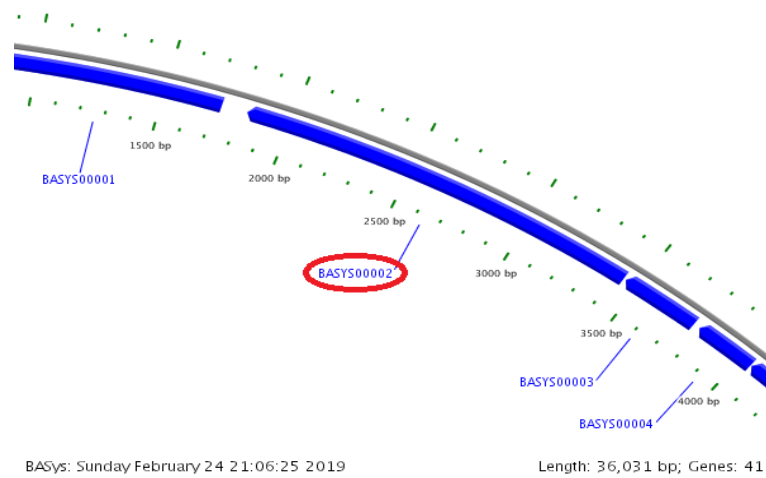


Рисунок 227 - Локализация BASYS00002 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

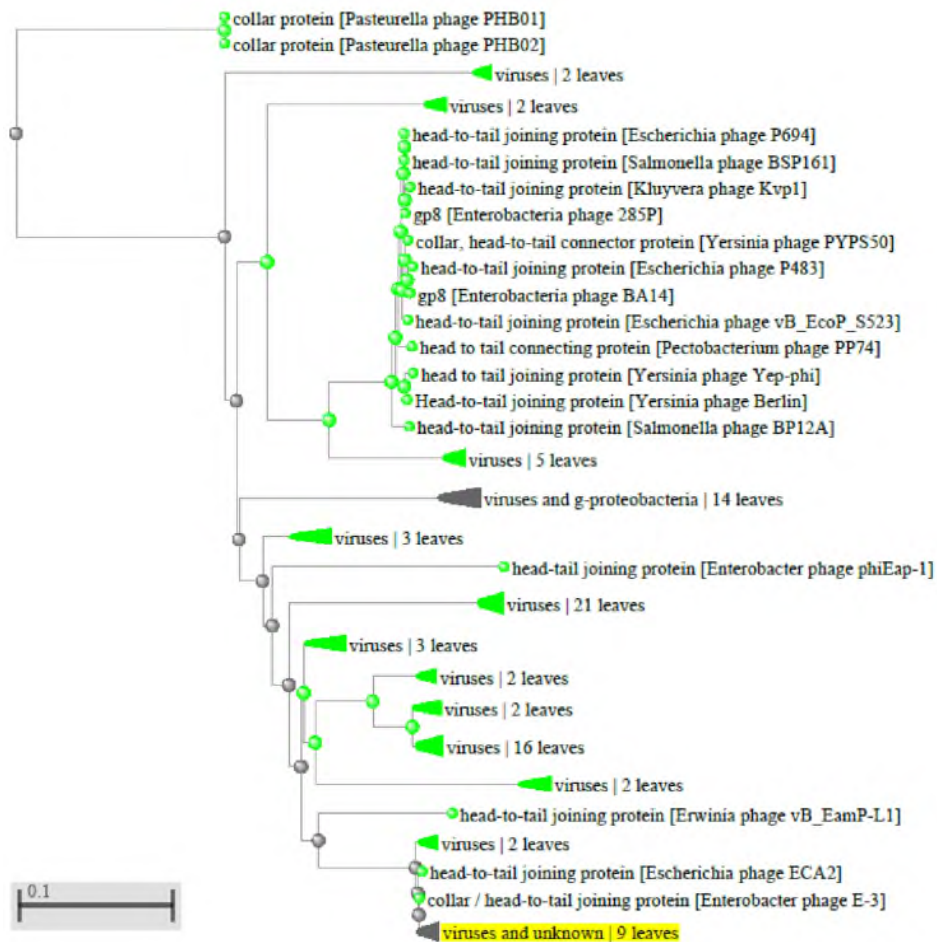


Рисунок 228 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00002 бактериофага Enterobacter phage E7

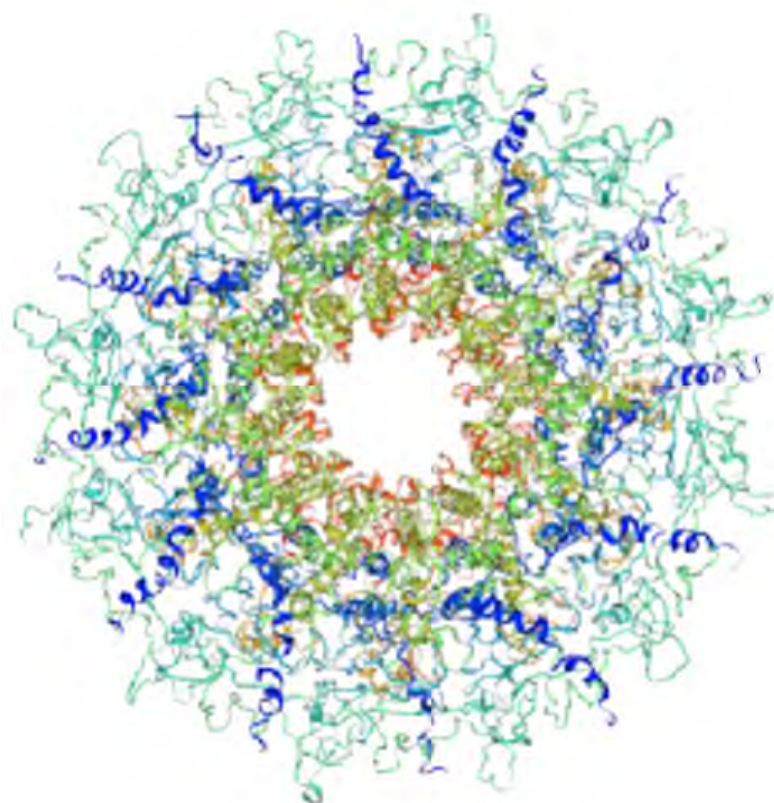


Рисунок 229 - Конформационная структура BASYS00002 бактериофага Enterobacter phage E7  
(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00003**

Таблица 137 - Данные о протеине BASYS00003 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:51:15 GMT
Entry ID	BASYS00003.1
Accession No.	BASYS00003
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available



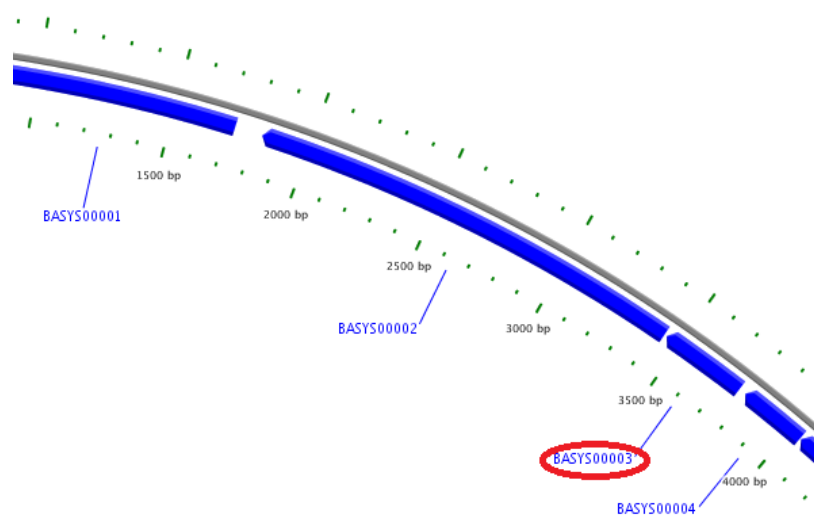
Gene Position	3767-3447 (Counterclockwise)
Centisome Position	10.46
Gene Name	BASYS00003
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aaaggtaaagctggatgacagcgagccaagaacaagagtaaattcctccattcgctcaa ggcgtttgggtaactgagtcatagcatagggagaaacatc
Gene Sequence	atgggattctcaagaaaatcaataaggctgtaagaaagtgtgaaggaagttagcaga ccagtcgagaaggcaggttaaggaagttgtaaggtggtgaggcgctgggtgcaggt aagcaggagattatccaacaagaggctccagcaccagtagtagctgcaccgccaccagca cagattgtagacgtacctgaacaggataaggctgagggcgaggatgaggcgcaaaccgag agcgcacgtaagaaggcacgctgggggtaagaaggcacttagcgtagctcgcagttca ggcgggtggaatcaatatctga
GC Content [Percent]	52.02
Preceding Gene	BASYS00002
Following Gene	BASYS00004
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00003
Alternate Protein Names	Not Available

Sequence	>Translated_106_residues MGFFKKINKAVKKVVKEVSRPVEKAGKEVGKVVGGALGAGKQEIIQQEA- PAPVVAAPPPA QIVDVPEQDKAEGEDEAQTESARKKARAGGKKALSVARSSGGGINI >Mature_105_residues GFFKKINKAVKKVVKEVSRPVEKAGKEVGKVVGGALGAGKQEIIQQEA- PAPVVAAPPPAQ IVDVPEQDKAEGEDEAQTESARKKARAGGKKALSVARSSGGGINI
No. of Amino Acids	Translated: 106 ; Mature: 105
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 0.9 %Met (Translated) 0.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10914 ; Mature: 10782
Theoretical pI	Translated: 10.50 ; Mature: 10.50
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available

Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available

Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Enterobacter phage*



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 230 - Локализация BASYS00003 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

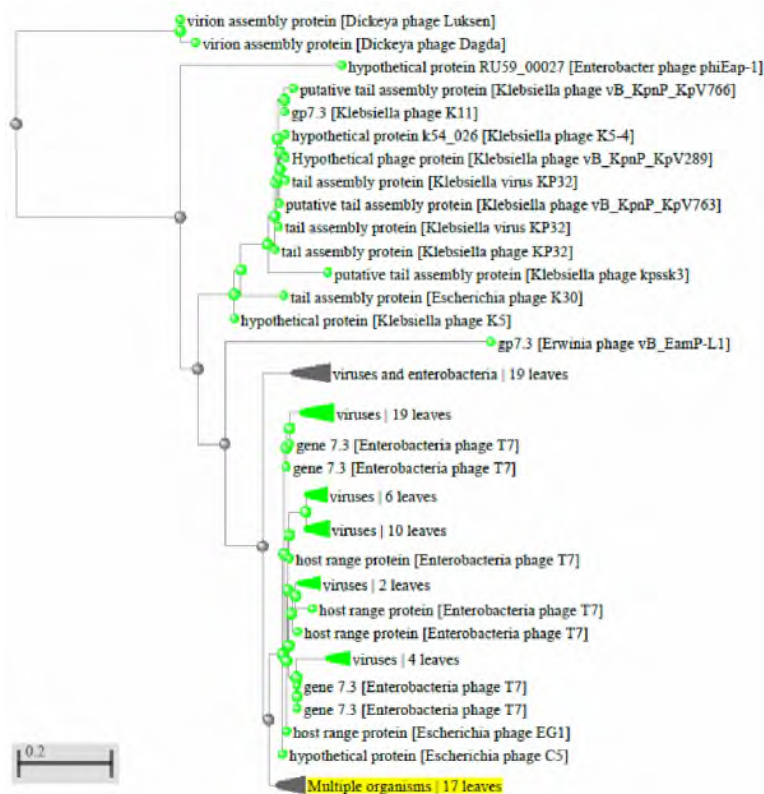


Рисунок 231 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00003 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 232 - Конформационная структура BASYS00003 бактериофага Enterobacter phage E7

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00004**

Таблица 138 - Данные о протеине BASYS00004 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:51:33 GMT
Entry ID	BASYS00004.1
Accession No.	BASYS00004
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	4046-3795 (Counterclockwise)
Centisome Position	11.23
Gene Name	BASYS00004
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gagtctttcattgctggtgtgatgcatggtctgtaccttgctctcgtaacttgatgag attgaggtgctgaaagagcaactgagacaggagtaattat
Gene Sequence	atgtgctggaaaccgaaggtgaaagtcctaagatggacactaaccagattcgcgctgct gaaccagcacctttgactgaacctccgaagtctgtggtatggggaggcgatgatgacgag gacaccagcgtgtcttctctgaggtgccaaccacaccgagcagcggcaagagcagtcta aaggtaaagctggatgacagcgcagccaagaacaagagtaaatacctccattcgctccaag gcgtttgggtaa
GC Content [Percent]	53.17

Preceding Gene	BASYS00003
Following Gene	BASYS00005
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00004
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_83_residues  MCWKPKVKVPKMDTNQIRAAEPAPLTEPPKSVVWGGDDDEDTSVSS-  SEVPTTPSSGKSSL  KVKLDDSAAKNKS KSSIRSKAFG</p> <p>&gt;Mature_64_residues  AEPAPLTEPPKSVVWGGDDDEDTSVSSSEVPTTPSSGKSSLKVKLDD-  SAAKNKS KSSIRS  KAFG</p>
No. of Amino Acids	Translated: 83 ; Mature: 64
Cys/Met Content	1.2 %Cys (Translated) 2.4 %Met (Translated) 3.6 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 8848 ; Mature: 6592
Theoretical pI	Translated: 9.80 ; Mature: 4.97

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available



Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

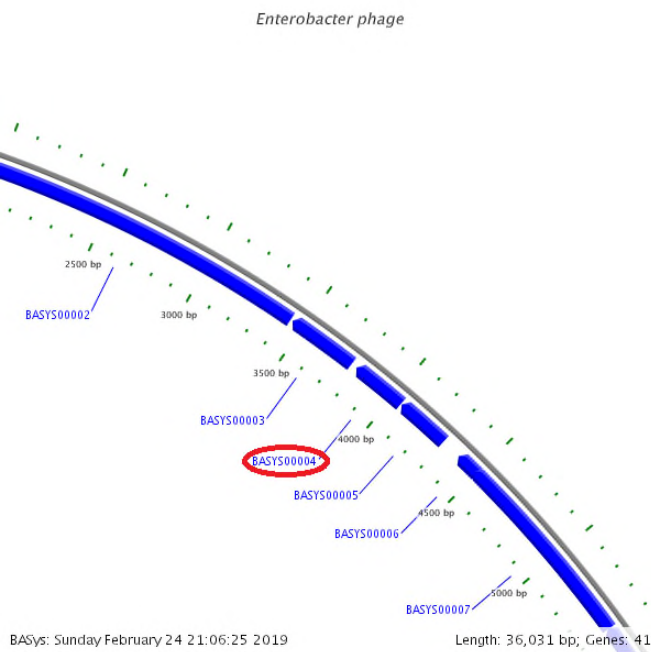


Рисунок 233 - Локализация BASYS00004 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

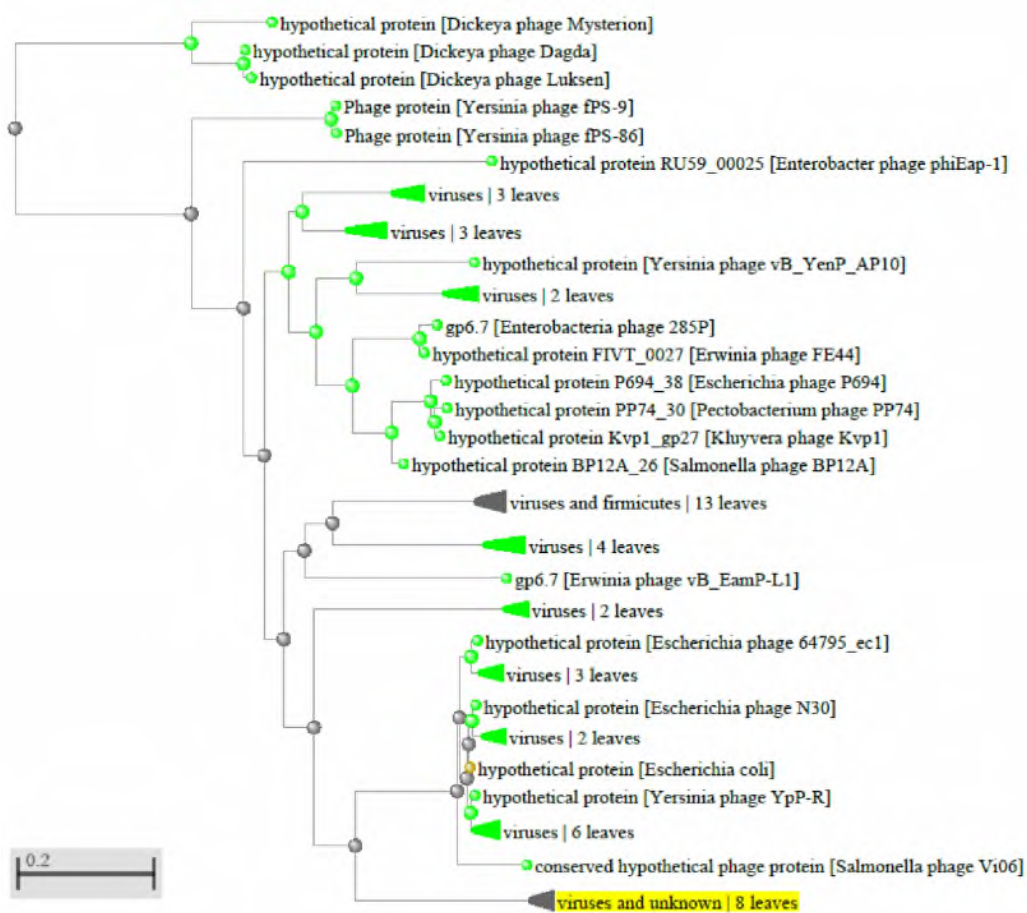


Рисунок 234 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00004 бактериофага Enterobacter phage E7

**BASYS00005**

Таблица 139 - Данные о протеине BASYS00005 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:51:52 GMT
Entry ID	BASYS00005.1
Accession No.	BASYS00005
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	4296-4051 (Counterclockwise)
Centisome Position	11.92
Gene Name	BASYS00005
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttaagtgataaactcaaggctctgtattaacctcactaaaggaagaggagccttt atgattattactttaagacttaaccttaagaggtgaaatt
Gene Sequence	atgttacaaccaattaatcatgttttaactcatccgatgatattcctagtagtgcctcgt gcagctaaagagtatctacaggtgcgcttcaatcagacctatgtgatggagtccggggag taccgtgctacgctgctggctactctgagctttcattgctgggtgatgcatggt ctgtacctgacctctgtacacttgatgagattgaggtgcgtaaagagcaactgagacag gagtaa
GC Content [Percent]	47.15

Preceding Gene	BASYS00004
Following Gene	BASYS00006
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00005
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_81_residues  MLQPINHVLTHPDDIPSMPRAAKEYLQVRFNQTYVMESGEYRALRAAGY-  SEFSIAGVMHG  LYLASRTLDEIEVRKEQLRQE</p> <p>&gt;Mature_81_residues  MLQPINHVLTHPDDIPSMPRAAKEYLQVRFNQTYVMESGEYRALRAAGY-  SEFSIAGVMHG  LYLASRTLDEIEVRKEQLRQE</p>
No. of Amino Acids	Translated: 81 ; Mature: 81
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 4.9 %Met (Translated) 4.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 4.9 %Met (Mature) 4.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9368 ; Mature: 9368
Theoretical pI	Translated: 6.24 ; Mature: 6.24

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Enterobacter phage*

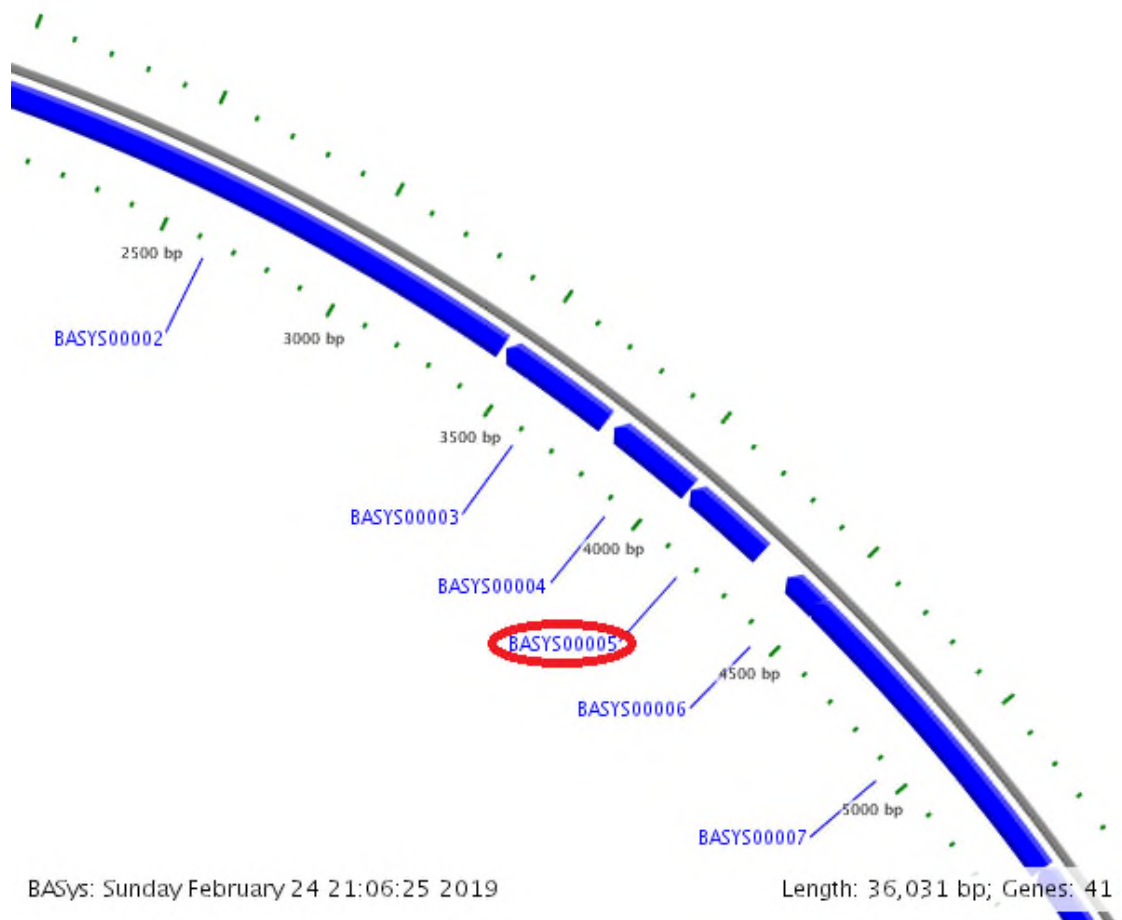


Рисунок 235 - Локализация BASYS00005 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

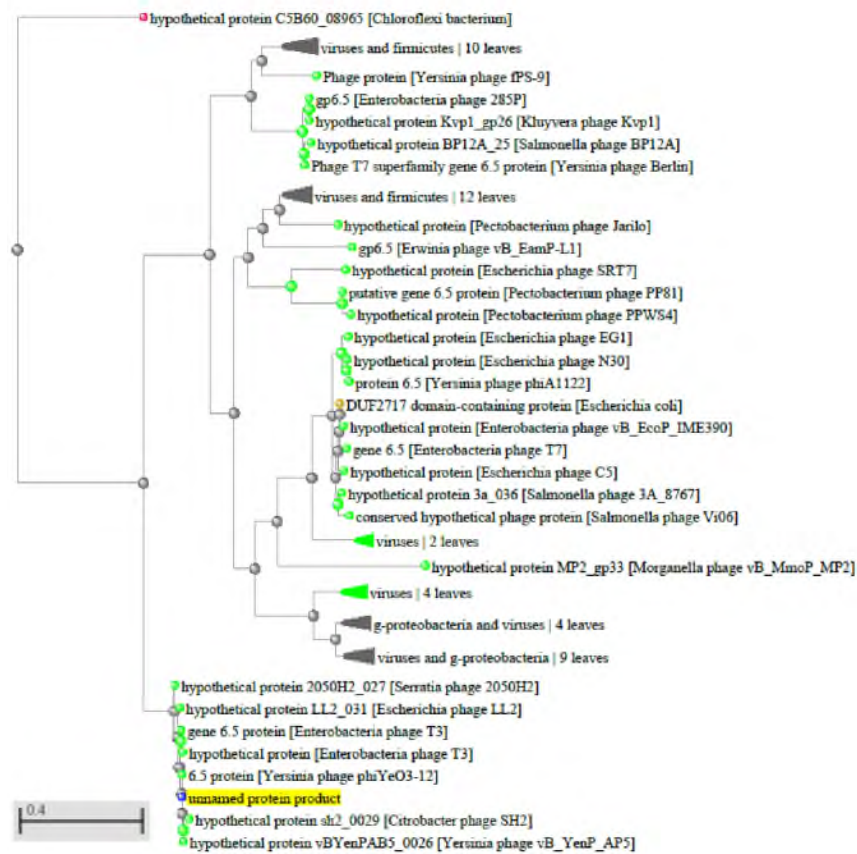


Рисунок 236 - Филогенетическое дерево гомологов BAYS00005 бактериофага Enterobacter phage E7

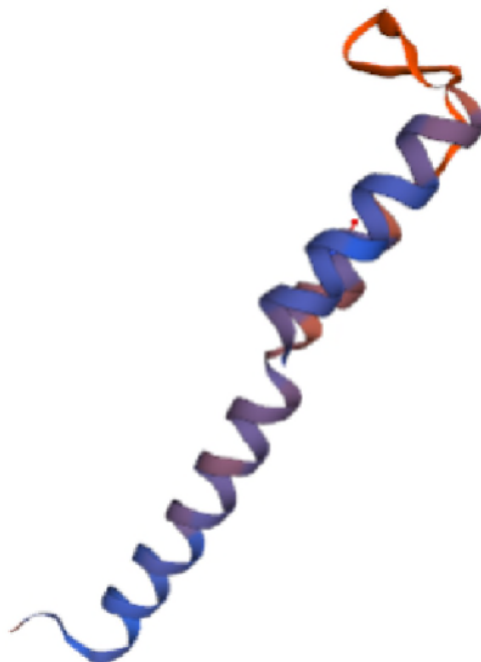


Рисунок 237 - Конформационная структура BAYS00005 бактериофага Enterobacter phage E7

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)



**BASYS00006**

Таблица 140 - Данные о протеине BASYS00006 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:52:10 GMT
Entry ID	BASYS00006.1
Accession No.	BASYS00006
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	4502-4389 (Counterclockwise)
Centisome Position	12.50
Gene Name	BASYS00006
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ccaaagctgggatgaccgaacaggaaatcattaagcaaggccagatggcacg-cattcttc gcttcgaggaataacaattacattgacaaggagatttactt
Gene Sequence	atggacgccggaagttgattaccatcgctgtgctggttaggtatgctggcgcgaggtctc tggatgttcgctctcatagtcgagacgtgaagcgagactccgagattaagtga
GC Content [Percent]	54.39
Preceding Gene	BASYS00005

Following Gene	BASYS00007
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00006
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_37_residues MDAAKLITIAVLVGMLARGLWMFALIVRDVKRDSEIK >Mature_37_residues MDAAKLITIAVLVGMLARGLWMFALIVRDVKRDSEIK
No. of Amino Acids	Translated: 37 ; Mature: 37
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 8.1 %Met (Translated) 8.1 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 8.1 %Met (Mature) 8.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 4145 ; Mature: 4145
Theoretical pI	Translated: 10.49 ; Mature: 10.49
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0x15d7e118)-

Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available

Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	7.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

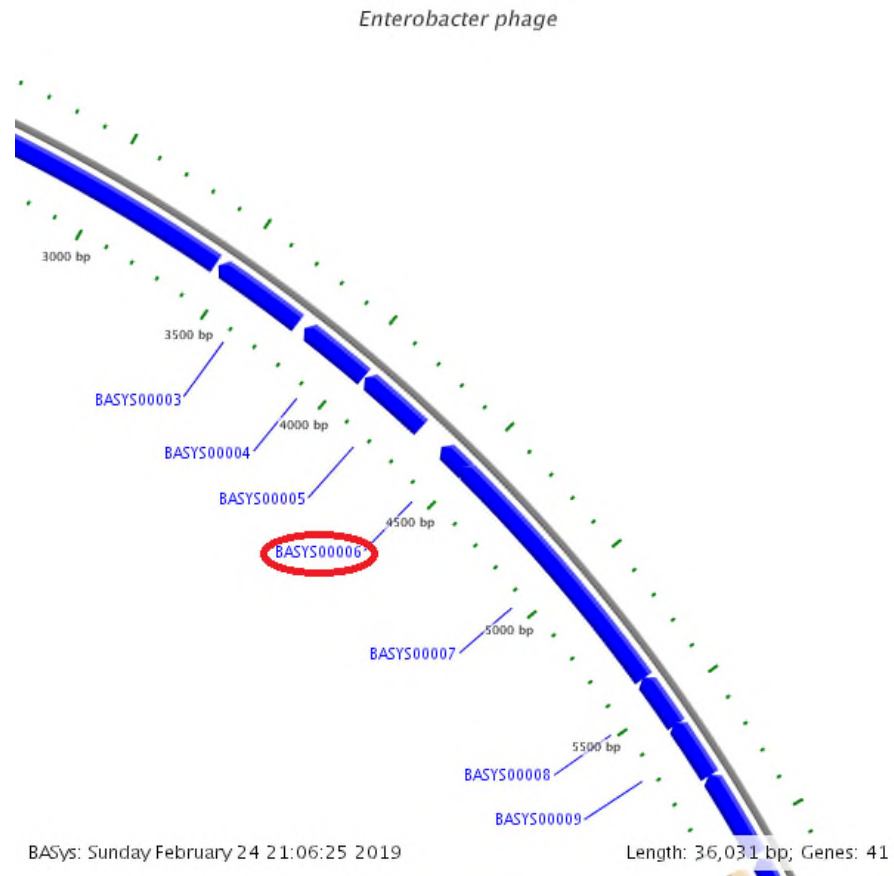


Рисунок 238 - Локализация BASYS00006 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

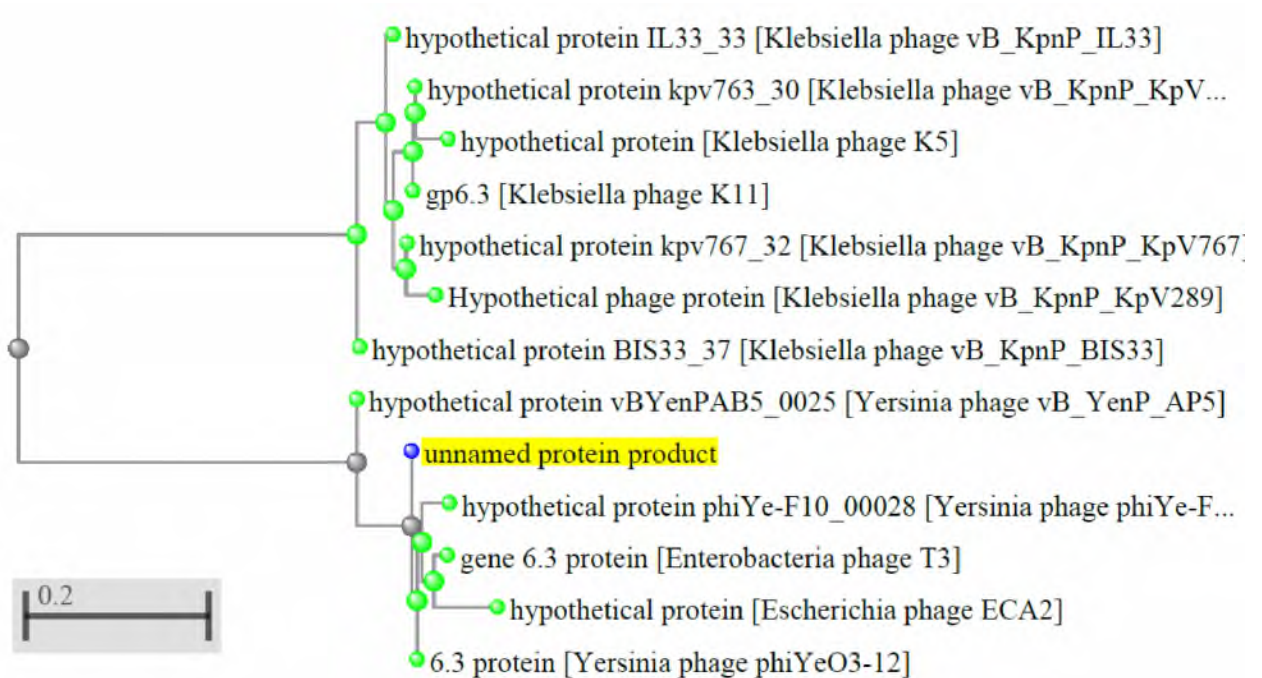


Рисунок 239 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00006 бактериофага *Enterobacter phage E7*

**BASYS00007**

Таблица 141 - Данные о протеине BASYS00007 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:52:21 GMT
Entry ID	BASYS00007.1
Accession No.	BASYS00007
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	5395-4484 (Counterclockwise)
Centisome Position	14.97
Gene Name	BASYS00007
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases agaaagacctagagttcctgaatgcgcttaaggcgtgtggtgtggataattgggacggat actctgatgcagtcgaaatggtttacggggaggatgacga
Gene Sequence	atgagcccaatcacattgaaagacttcgcgagatgcgtgaaggtaagcctatggagaag ggagtgctggtcatggatggtgactggttggtatatcagtcaatggctgctgccgaagt gagacggattggggagacgacatttgactcttgagtgtgaccacgctaaggcacggagc attctcgattctgcaatagaatcgtaccgaaccgtaagaaggcttgagtgacgctatg gttgttctggcgatataccgacgatgtgaactggcgtaaggactggtgatgagacctat aaggagaaccgtaaggcgaccgtaagcctgtaggataccgtgacttctgtcgaagctg tgggagcgcgatgagttcattcacatcaaagaggacatgctggaaggatgacggtatg ggtatcattgggtctggtcacgaggtcttcggctcaagaaagctgtgttggtctcctgt

	<p>gacaaggacttcaagactatacctgacgttgacttctgtggtgtaccactggtaacatc  ttgacgcagaccaaagagaccgctgattggtggcatctctccagacatcaagggtgat  atgactgatggctactccgggattcccggctggggcgatacggcagaaggttctgaat  gaccggttcattgtggagcctgtagagtccgtggtgaagtctggaagaacaaggggcag  acagtaaccaagtgggtgaagcgtgctcctgatgacgactgagacgctgtgggactgcatt  aatccattggtgccaaagctgggatgaccgaacaggaaatcattaagcaaggccagatg  gcacgcattcttcgcttcgaggaataacaattacattgacaaggagatttacttatggacg  ccgcaagtga</p>
GC Content [Percent]	50.66
Preceding Gene	BASYS00006
Following Gene	BASYS00008
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Phage Exonuclease
Alternate Protein Names	5-3' Exonuclease ; Exonuclease
Sequence	<p>&gt;Translated_303_residues  MSPITLKDFAEMREGKPMKGVLMGDWLVYQSMAAAEEVETDWGD-  DIWTLECDHAKARS  ILDSAIESYRTRKKAWSDAMVVLAYTDDVNWRKVLVDETYKENR-  KATRKPVGYRDFLSKL  WERDEFIHIKEDMLEGDDVMGIIGSGHEVFGFKKAVLVSCDKDFK-  TIPDVDFLWCTTGNL  LTQTKETADWWHLFQTIKGDMDGYSGIPGWGDTAEGFLNDPFIVEP-  VESVLKSGKNKGQ  TVTKWVKRAPDATETLWDCIKSIGAKAGMTEQEIIKQGQMARILRFEEY-  NYIDKEIYLWT  PRS</p>

	<p>&gt;Mature_302_residues</p> <p>SPITLKDFAEMREGKPMKGVLMVDGDWLVYQSMAAAEEVETDWGD- DIWTLECDHAKARSI</p> <p>LDSAIESYRTRKKAWSDAMVVLAYTDDVNWRKVLVDETYKENRKATRKPV- GYRDFLSKLW</p> <p>ERDEFIHIKEDMLEGDDVMGIIGSGHEVFGFKKAVLVSCDKDFK- TIPDVDFLWCTTGNIL</p> <p>TQTKETADWWHLFQTIKGMTDGYSGIPGWGDTAEGFLNDPFIVEP- VESVLKSGKNKGQT</p> <p>VTKWVKRAPDATETLWDCIKSIGAKAGMTEQEIIKQGQMARILRFEFY- NYIDKEIYLWTP</p> <p>RS</p>
No. of Amino Acids	Translated: 303 ; Mature: 302
Cys/Met Content	<p>1.3 %Cys (Translated)</p> <p>3.6 %Met (Translated)</p> <p>5.0 %Cys+Met (Translated)</p> <p>1.3 %Cys (Mature)</p> <p>3.3 %Met (Mature)</p> <p>4.6 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 34759 ; Mature: 34628
Theoretical pI	Translated: 4.69 ; Mature: 4.69
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available



Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available

Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

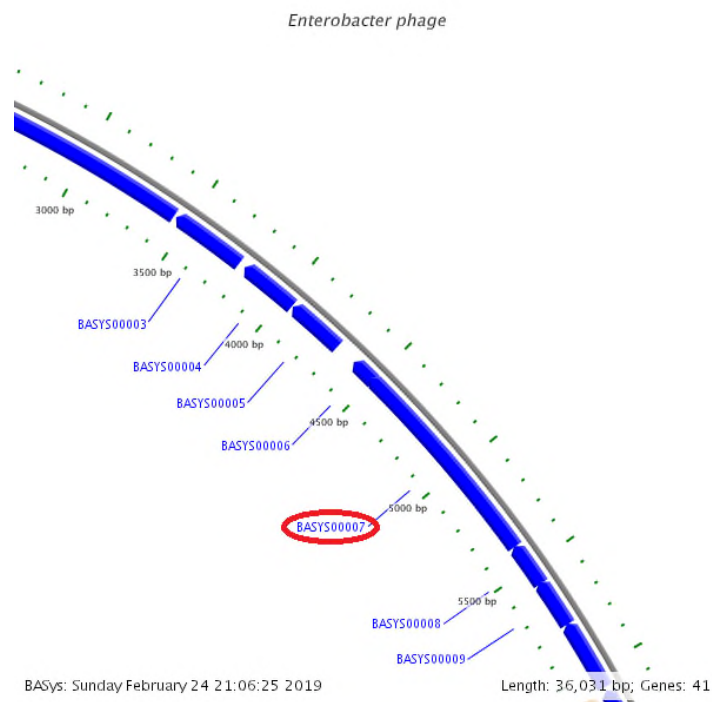


Рисунок 240 - Локализация BASYS00007 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

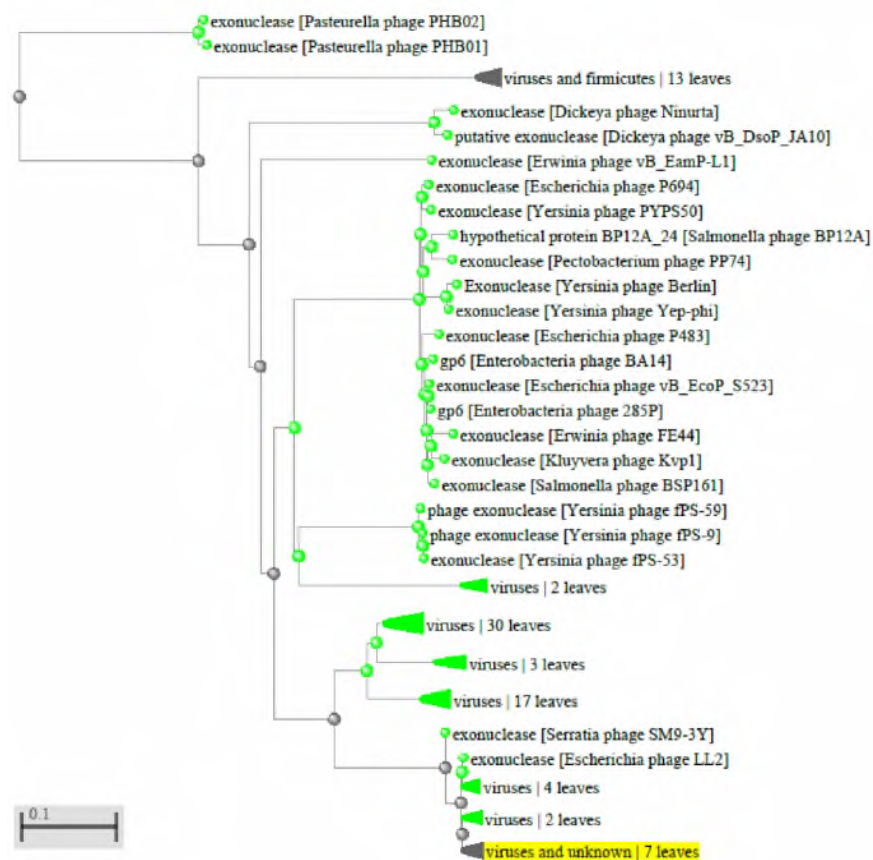


Рисунок 241 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00007 бактериофага Enterobacter phage E7

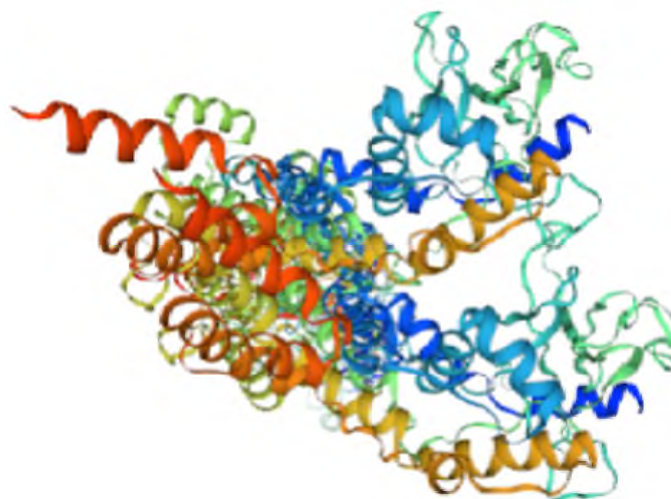


Рисунок 242 - Конформационная структура BASYS00007 бактериофага Enterobacter phage E7

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00008**

Таблица 142 - Данные о протеине BASYS00008 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:52:52 GMT
Entry ID	BASYS00008.1
Accession No.	BASYS00008
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	5580-5392 (Counterclockwise)
Centisome Position	15.49

Gene Name	BASYS00008
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cttctcgtggacatattagctgtttgactgtgggctgcaatggtggagcatgggagg tcacagcctctggtgtgcttctgaaacgaatgggagg
Gene Sequence	ttgcgtatgattatgcctaagagtacaccgtaacgatgaccctgatgcgtggaacgat gttagcgcgtacattgataagctggagaaagacctagagttcctgaatgcgcttaaggcg tgtggtgtggataattgggacggatactctgatgcagtcgaaatggtttacggggaggat gacgaatga
GC Content [Percent]	48.15
Preceding Gene	BASYS00007
Following Gene	BASYS00009
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00008
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_62_residues MRMIMPKSDTVMTTRDAWNDVSAIDKLEKDLEFLNALKACGVDNWD- GYSDAVEMVYGED DE >Mature_62_residues MRMIMPKSDTVMTTRDAWNDVSAIDKLEKDLEFLNALKACGVDNWD- GYSDAVEMVYGED DE

No. of Amino Acids	Translated: 62 ; Mature: 62
Cys/Met Content	1.6 %Cys (Translated) 8.1 %Met (Translated) 9.7 %Cys+Met (Translated) 1.6 %Cys (Mature) 8.1 %Met (Mature) 9.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7113 ; Mature: 7113
Theoretical pI	Translated: 3.83 ; Mature: 3.83
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available

COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available

General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

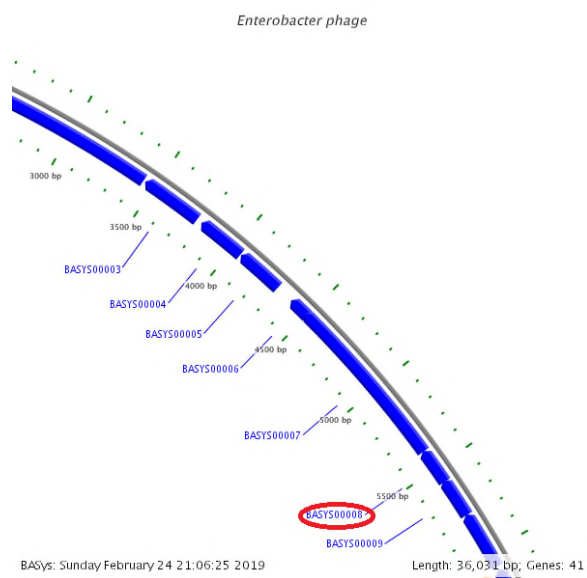


Рисунок 243 - Локализация BASYS00008 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*



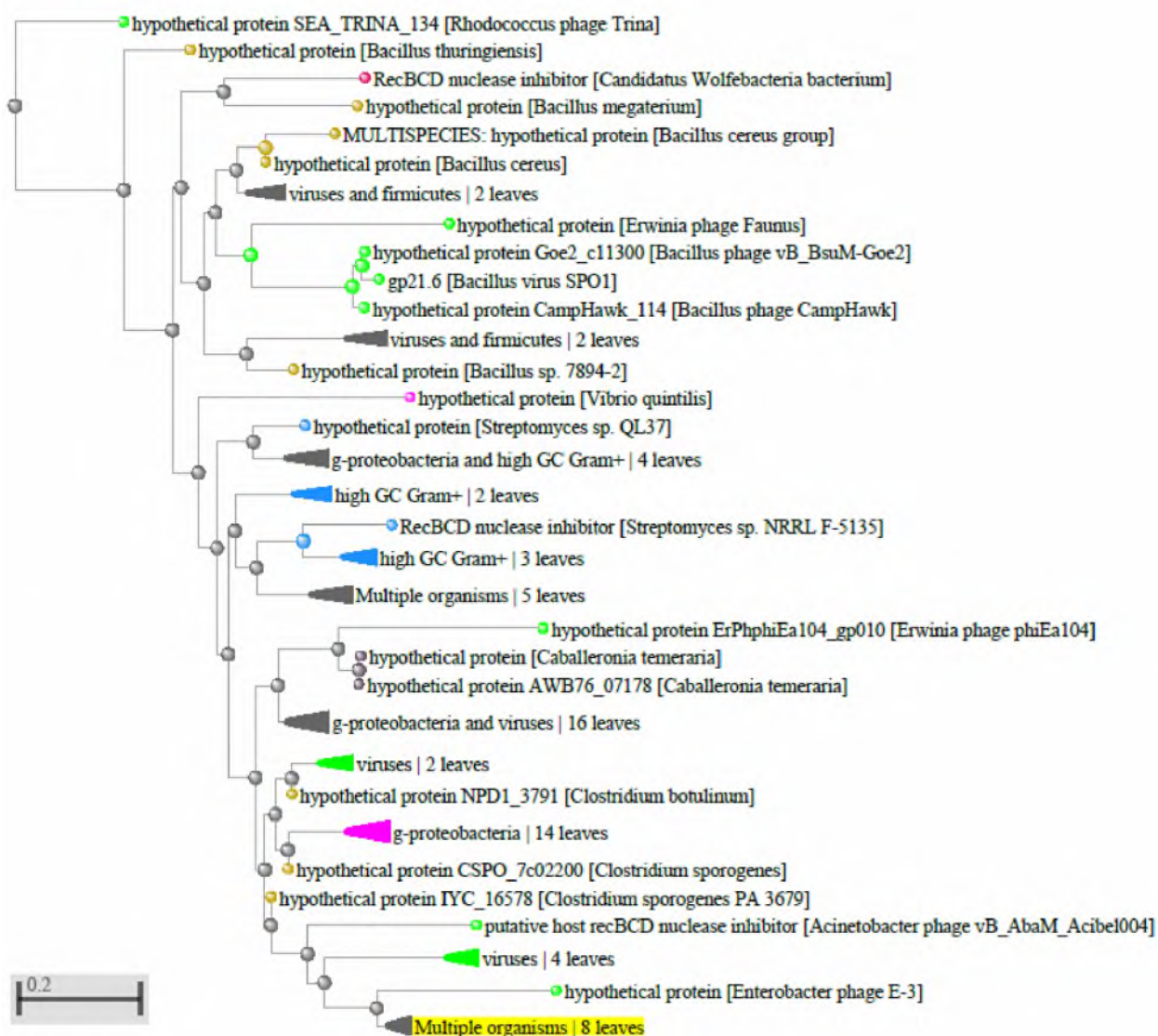


Рисунок 244 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00008 бактериофага Enterobacter phage E7

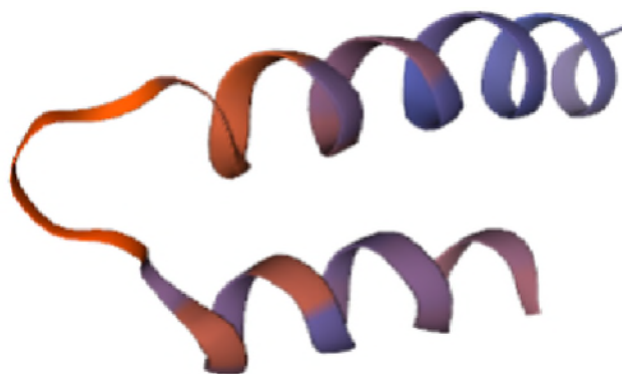


Рисунок 245 - Конформационная структура BASYS00008 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00009**

Таблица 143 - Данные о протеине BASYS00091 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:53:8 GMT
Entry ID	BASYS00009.1
Accession No.	BASYS00009
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	5780-5571 (Counterclockwise)
Centisome Position	16.04
Gene Name	BASYS00009
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tgcggtcgtctttccgtgaggctatcaaagacatgcacaaagagtattccgataaggact gcttcaagctgtctcccgtactgtacgcgaggtgttcaa
Gene Sequence	atgagtgaatacctgaaagttctggcagctatcaaaggctgccctaagtcctttcagtcg aactatgtgcgaaacaatgcggtctcgtagctgaggccgcttctcgtggacatattagc tgtttgactgtgggcggtcgcaatggtggagcatgggaggtcacagcctctggtgtgcgc ttcctgaaacgaatgggaggttgcgtatga
GC Content [Percent]	52.38

Preceding Gene	BASYS00008
Following Gene	BASYS00010
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00009
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_69_residues MSEYLKVLAAIKGCPKSFQSNYVRNNAALVAEAASRGHISCLTVGGRNG- GAWEVTASGVR FLKRMGGCV >Mature_36_residues ASRGHISCLTVGGRNGGAWEVTASGVRFLKRMGGCV
No. of Amino Acids	Translated: 69 ; Mature: 36
Cys/Met Content	4.3 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 7.2 %Cys+Met (Translated) 5.6 %Cys (Mature) 2.8 %Met (Mature) 8.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7260 ; Mature: 3691
Theoretical pI	Translated: 10.25 ; Mature: 11.31
Pfam Domain/Func-	Not Available

tion	
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available

Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

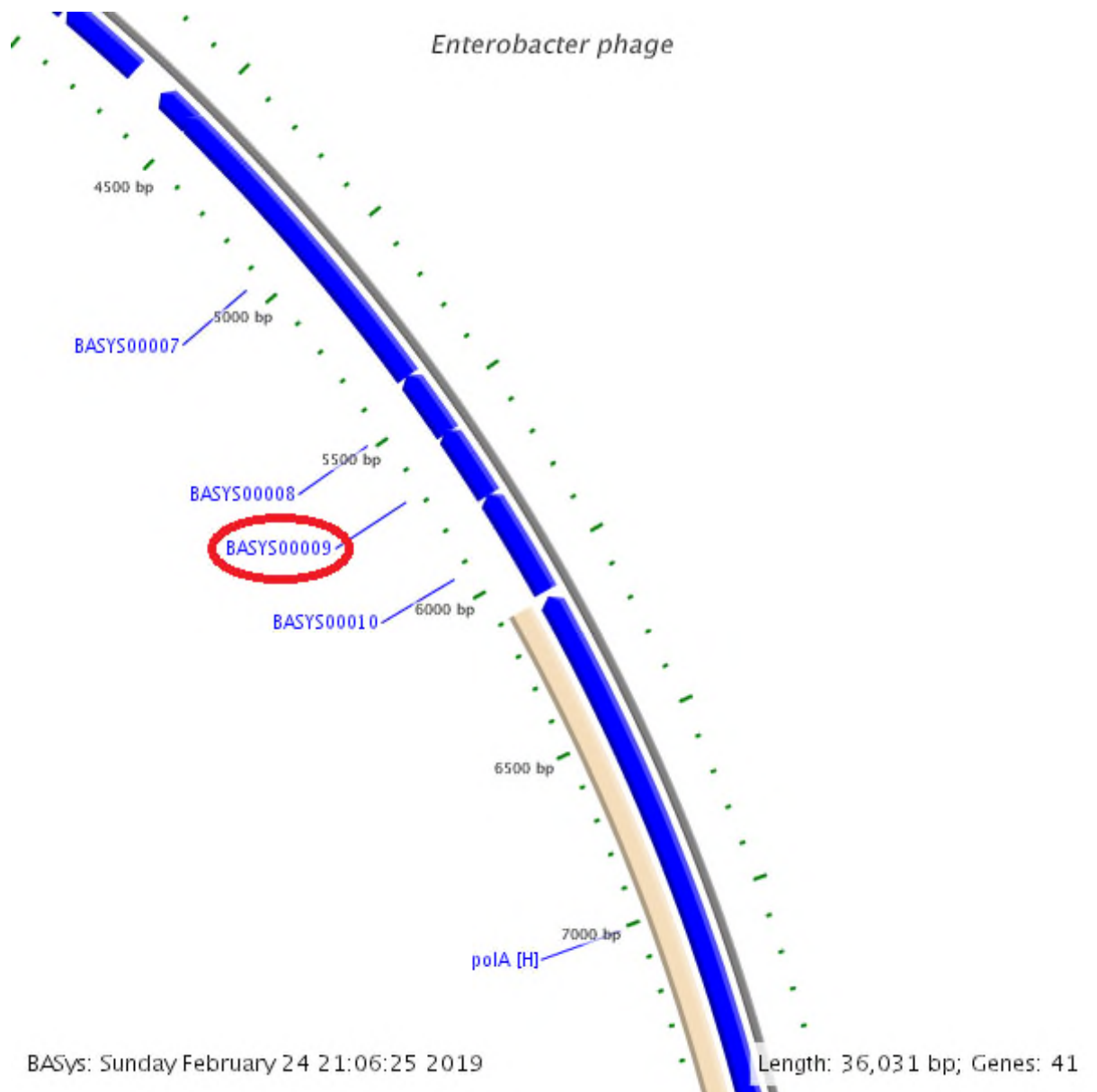


Рисунок 246 - Локализация BASYS00009 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

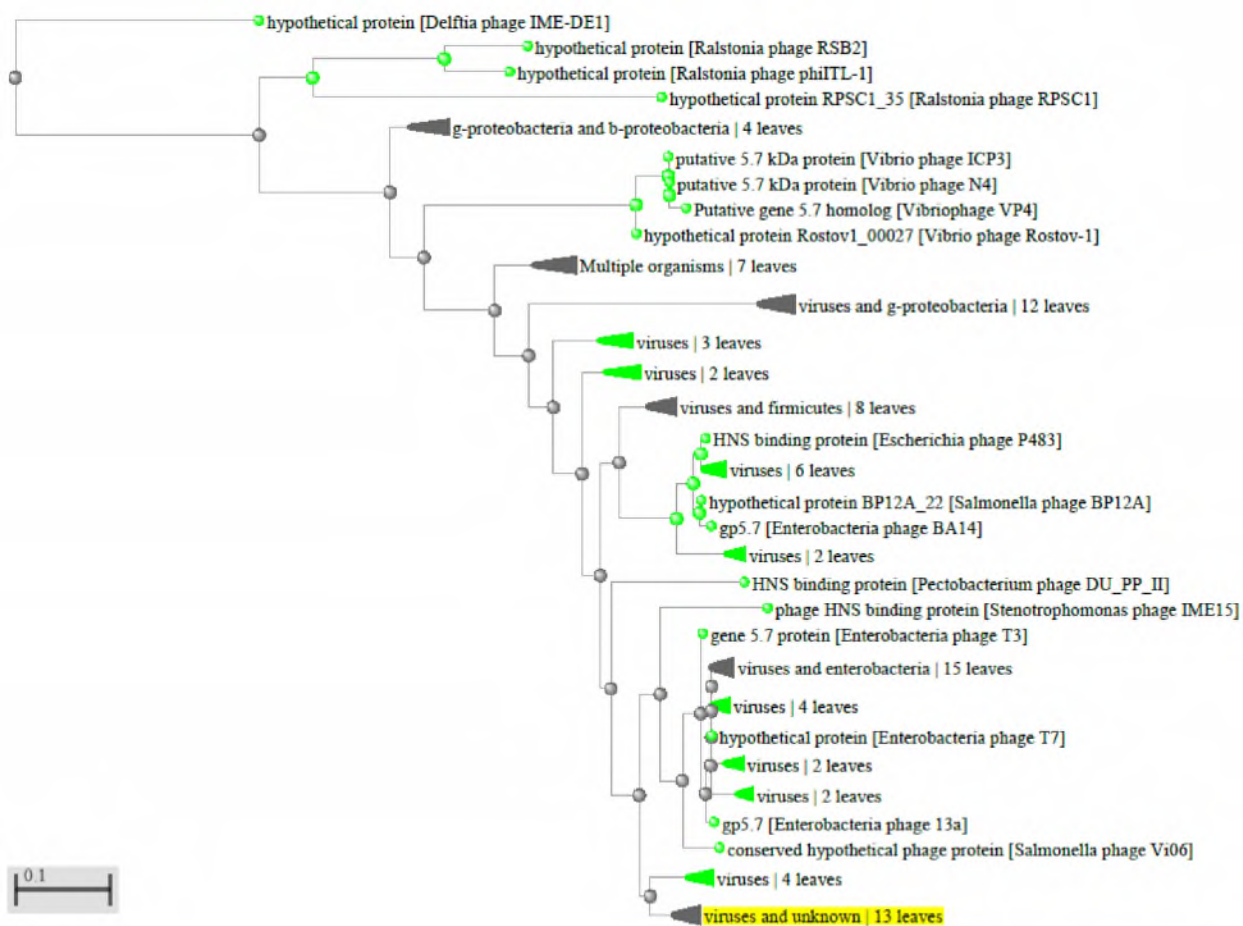


Рисунок 247 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00091 бактериофага Enterobacter phage E7

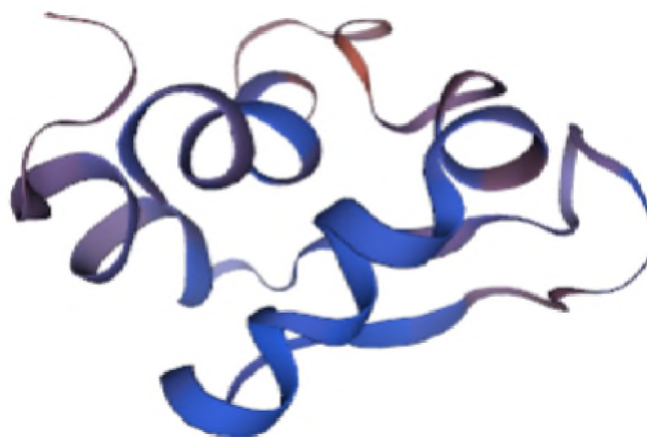


Рисунок 248 - Конформационная структура BASYS00091 бактериофага Enterobacter phage E7

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00010**

Таблица 144 - Данные о протеине BASYS00010 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:53:24 GMT
Entry ID	BASYS00010.1
Accession No.	BASYS00010
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	6079-5777 (Counterclockwise)
Centisome Position	16.87
Gene Name	BASYS00010
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgttgggtcggagagcattgggctttccgttgctgtagataccgaaggtaagatgggg tcaaattgggccgtctgccactaacagtaggagaaacatt
Gene Sequence	atggcaatgaccaagaaatataaagtgccttcgacgttaccgctaagatgccgtctgac gttcaggcagccttgagaaagacattctgcacctgtgtaagcaggttggtcaggcgct atcgtcccaatggtaaacagaaagagatgattgtccagttcctgacgtatggatggag ggggtgatggccttcattgtgcggtcgtctttccgtgaggctatcaaagacatgcacaaa gagtattccgataaggactgctcaagctgtctcccgtactgtacgcgaggtgttcaaa tga
GC Content	49.17



[Percent]	
Preceding Gene	BASYS00009
Following Gene	polA
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00010
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_100_residues  MAMTKKFKVSFDVTAKMPSDVQAALKDILHLCKQVGSGAIVPNGKQKE-  MIVQFLTYGME  GVMAFIVRSSFREAIKDMHKEYSDKDCFKLSPATVREVFK</p> <p>&gt;Mature_77_residues  ALEKDILHLCKQVGSGAIVPNGKQKEMIVQFLTYGMEGVMAFIVRSS-  FREAIKDMHKEYS  DKDCFKLSPATVREVFK</p>
No. of Amino Acids	Translated: 100 ; Mature: 77
Cys/Met Content	2.0 %Cys (Translated) 7.0 %Met (Translated) 9.0 %Cys+Met (Translated) 2.6 %Cys (Mature) 5.2 %Met (Mature) 7.8 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 11282 ; Mature: 8739

Theoretical pI	Translated: 9.60 ; Mature: 8.74
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available

Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available

References	Not Available
------------	---------------

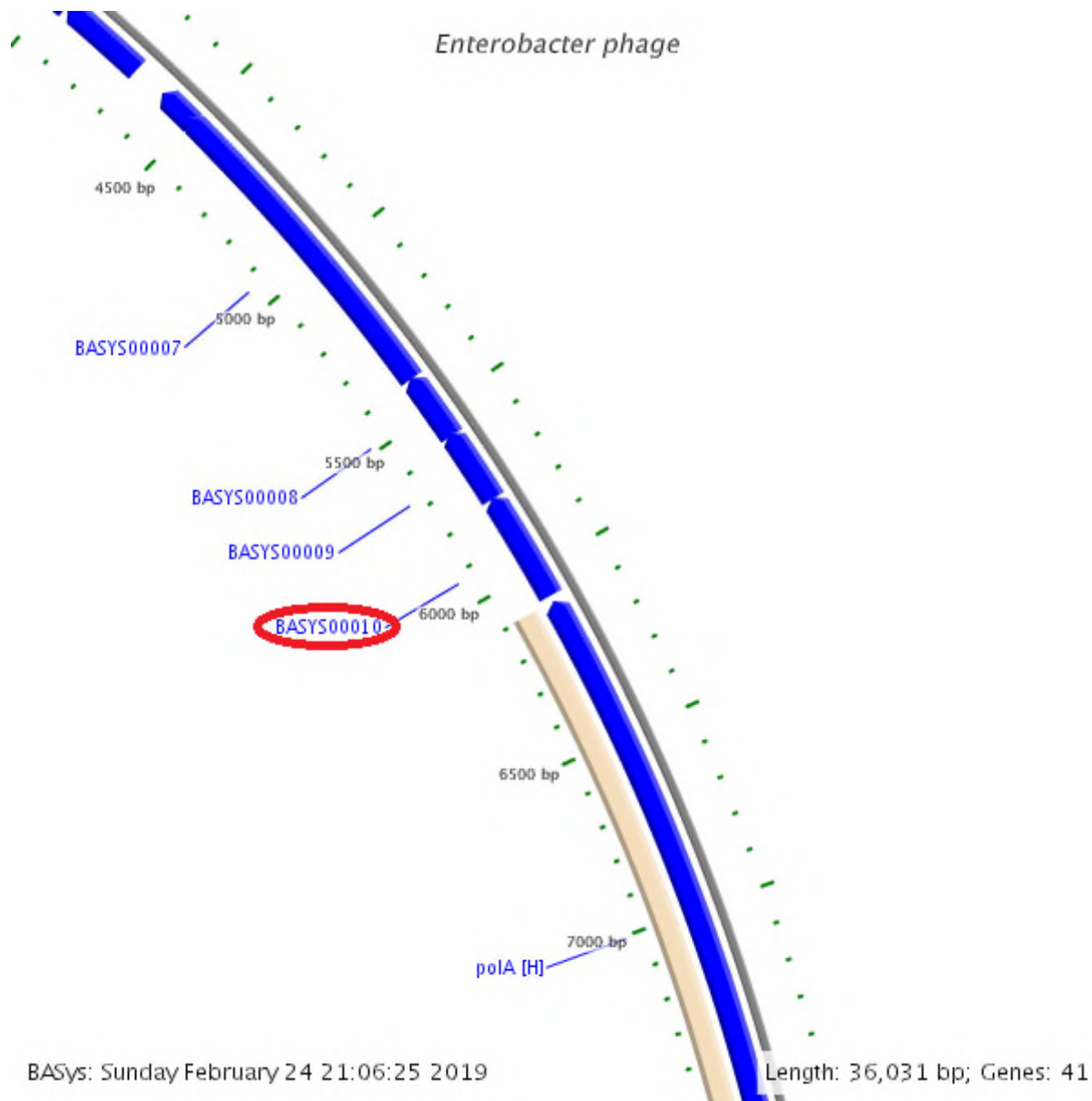


Рисунок 249 - Локализация BASYS00010 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

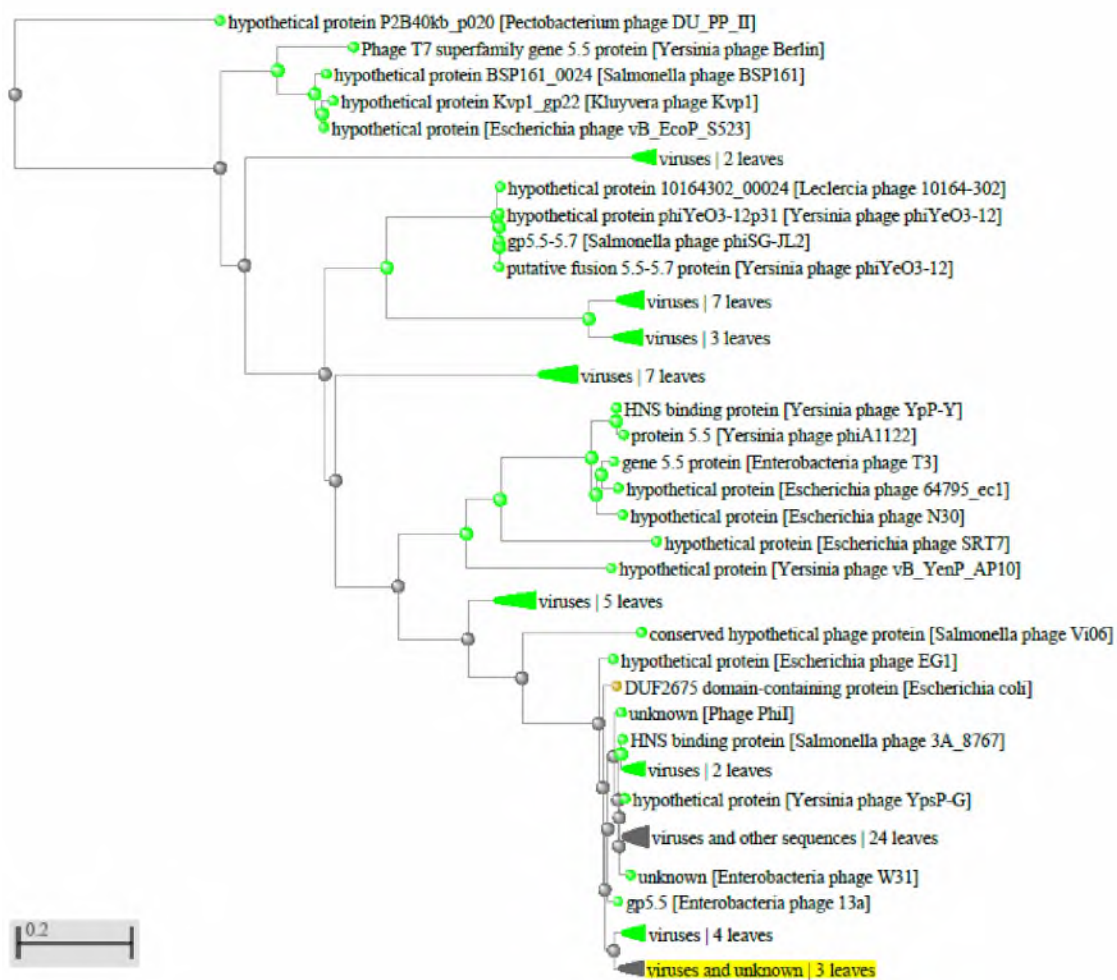


Рисунок 250 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00010 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 251 - Конформационная структура BASYS00010 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**polA [H]**

Таблица 145 - Данные о протеине BASYS00011 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:53:42 GMT
Entry ID	BASYS00011.1
Accession No.	BASYS00011
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	<ul style="list-style-type: none"><li>- InterPro: <a href="#">IPR020046</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR020045</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR002421</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR020047</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR019760</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR001098</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR018320</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR002298</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR008918</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR003583</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR012337</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR015361 [H]</a></li></ul>
Gene Position	8210-6096 (Counterclockwise)
Centisome Position	22.79
Gene Name	polA [H]
Alternate Gene Names	BASYS00011
Upstream 100	>100_bases

Bases	ggcgctggtatgcaagagattatcgagaagtgataaactcaaggctcgccaagggtggcc tttatgattatcatttagcacgaaaccaaaggaggcatt
Gene Sequence	atgctcgttaagtacattgaggccaacaacctcttagagaaagtcaccaagttcactgt ggcgttatctatgactaccgtgatggtgagtatcatagttatcgccgggcgacttcgtg gcgtatctggatgcgctggaagccgaggtgaagcgaggtgggcttattgtttccataac ggtcacaagtatgacgttccggcttagagaaactcgcaaagctgcaactcaatcgtgac ttcaagttaccacgtgagaattgtattgacacattggactctcgcgtttacttcatgcg aaccttaaagacacagacatggggcttctcgttccgggaaactaccaggtcgtcgttc gggtctcacgctctggaggcatggggttatcgcttgggagatgaaaggtgaatacaag gacgacttcaaggctatgctagaagagcagggcgaagagtatggtgatggtgctgagtg gtttcgttcaacgagccgatgatggcgataacgttcaagacggttggtcactgtcaag ctcttagagaaattccttacagacctcactactccctgctggtatggacttcacgaag tacgatgctgatttattctggcgagaagctggcgagtctgtggatattgaacatcgtgca gcgtggctattagcgaagcaggagcgtaacggcttcccgttcaacacacaggccattgag gaactttatgtagaattggcagcgaacgcgccgaacttctgcgaaagtaaccgaaacg tttgctcgtggtatcaaccgaaaggtggtaaggaaacttcaagcaccacggacagga aaaccacttccgagttatcctcgcgtggtctatccgaaacagggtggcgtgtacaagaag cctcgtataaaggcacagcgcgaaggccttgaaccttgcgacttggacacgagggattac atggaggggtctccgtatactccggtcgagttcgttacgttcaagccgagtagccgtgac cacattcagaagaaactacaggaggccggatgggtgcctgagaagttcaccgagaagggt gcgctgtggtggacgatgaggtcttgagcatgtacgagtggtgacacctgagaagcag gcgtgacattgacttgattaaagagtacctgatgattcagaagcgaatcggtcaggcggca gagggtgacaaggcgtggttacgttatgttcaagatgatggtaagattcacggagccgtt aaccttaacgggtgcagttactggtcgtgctactcatagttcccaaacttgacaagta cccggcgttcttctccttacggggagcagtgctgtagcgttttggtgctgaacatcat ttgatgggattactggcaagccgtgggtgcaagcgggatagacgccagtggttagag ttgcgctgctggcacacttcatggctcgttcgacaacggagagatgccaatgagatt ctcaacggtgacattcacaccaagaaccagaacgctgcggaactccaacgcgcgacaac gccaagacattcatttacgggtcctttacggagccggagatgagaagattggtcagatt gttggggccgggaaggagcgcgggaaggaaactcaagaagaattcttagagaacaccccc gcgattgcagcgtacgagaagctatccaacagtctctcgttaagtcttccgcttgatt ggtggtgagcagaaagtacagtggaagcgccttggttaaaaggtctggatggtcgcaag gttacgtcaggtctccacacgcagcgtcaacacattggtgagctctggtgctctg atgtgaagctgtggattatcaagaccgaagagatgctcattgagaaaggcttgaagcat ggctgggatggtgactttgcgtacatggcttgggttcacgatgagattcaggtggcctgc cgtacagagcacatcgctcagattgttattgacaccgcgaggaagctatgcgttgggtc ggagagcattgggcttccgttctgctttagataccgaaggttaagatggggtcaaattgg

	gccgtctgccactaa
GC Content [Percent]	51.39
Preceding Gene	BASYS00010
Following Gene	BASYS00012
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA polymerase I, thermostable [H]
Alternate Protein Names	Taq polymerase 1 [H]
Sequence	<p>&gt;Translated_704_residues</p> <p>MLVSDIEANNLLEKVTKFHCGVIYDYRDGEYHSYRPGDFVAYLDA- LEAEVKRGGLIVFHN GHKYDVPALEKLAKLQLNRDFKLPRENCIDTLVLSRLL- HANLKDTDMGLLRSGKLPGRRF GSHALEAWGYRLGEMKGEYKDDFKAMLEEQGEEYVDGAEWVSFNEPM- MAYNVQDVVVTVK LLEKFLDLHYFPAGMDFTKYDADLFWREAGESVDIEHRAAWLLAK- QERNGFPFNTQAIE ELYVELAAKRAELLRKLTTETFGSWYQPKGKELFKHPRTGKPLPSYPRV- VYPKQGGVYKK PRNKAQREGLEPCDLDRDYMEGAPYTPVEFVTFKSSRDHIQKKL- QEAGWVPEKFTEKG APVVDDEVLEHVRVDDPEKQACIDLIKEYLMIQKRIGQAAEGDKAWL- RYVQDDGKIHGAV NPNGAVTGRATHSFPNLAQVPGVRSYGEQCRSAFGAEHHL- GITGKPWWQAGIDASGLE LRCLAHFMARFDNGEYANEILNGDIHTKNQNAELPTRDNAKTFIYGFY- GAGDEKIGQI</p>



	<p>VGAGKERGKELKKKFLNTPAIAALREAIQQSLVKSSAWIGGEQKVQWKRR- WIKGLDGRK</p> <p>VHVRSPHAALNTLLQSAGALICKLWIIKTEEMLIEKGLKHGWDGDFAY- MAWVHDEIQVAC</p> <p>RTEHIAQIVIDTAQEAMRWVGEHWAFRCRLDTEGKMGSNWAVCH &gt;Mature_704_residues</p> <p>MLVSDIEANNLLEKVTKFHCGVIYDYRDGEYHSYRPGDFVAYLDA- LEAEVKRGGGLIVFHN</p> <p>GHKYDVPALEKLAKLQLNRDFKLPRENCIDTLVLSRLL- HANLKDTDMGLLRSGKLPGRRF</p> <p>GSHALEAWGYRLGEMKGEYKDDFKAMLEEQGEEYVDGAEWVSFNEPM- MAYNVQDVVVTVK</p> <p>LLEKFLDLHYFPAGMDFTKYDADLFWREAGESVDIEHRAAWLLAK- QERNGFPFNTQAIE</p> <p>ELYVELAAKRAELLRKLTTETFGSWYQPKGGKELFKHPRTGKPLPSYPRV- VYPKQGGVYKK</p> <p>PRNKAQREGLEPCDLDRDYMEGAPYTPVEFVTFKSSRDHIQKKL- QEAGWVPEKFTEKG</p> <p>APVVDDEVLEHVRVDDPEKQACIDLIKEYLMIQKRIGQAAEGDKAWL- RYVQDDGKIHGAV</p> <p>NPNGAVTGRATHSFPNLAQVPGVRSYGEQCRSAFGAEHHL- GITGKPWWQAGIDASGLE</p> <p>LRCLAHFMARFDNGEYANEILNGDIHTKNQNAELPTRDNAKTFIYGFY- GAGDEKIGQI</p> <p>VGAGKERGKELKKKFLNTPAIAALREAIQQSLVKSSAWIGGEQKVQWKRR- WIKGLDGRK</p> <p>VHVRSPHAALNTLLQSAGALICKLWIIKTEEMLIEKGLKHGWDGDFAY- MAWVHDEIQVAC</p> <p>RTEHIAQIVIDTAQEAMRWVGEHWAFRCRLDTEGKMGSNWAVCH</p>
No. of Amino Acids	Translated: 704 ; Mature: 704
Cys/Met Content	<p>1.4 %Cys (Translated)</p> <p>2.0 %Met (Translated)</p> <p>3.4 %Cys+Met (Translated)</p> <p>1.4 %Cys (Mature)</p> <p>2.0 %Met (Mature)</p>

	3.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 79852 ; Mature: 79852
Theoretical pI	Translated: 6.87 ; Mature: 6.87
Pfam Domain/Function	<a href="#">PF01367</a> 5_3_exonuc ; <a href="#">PF02739</a> 5_3_exonuc_N ; <a href="#">PF00476</a> DNA_pol_A ; <a href="#">PF09281</a> Taq-exonuc [H]
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00447</a> DNA_POLYMERASE_A
Specific Function	In Addition To Polymerase Activity, This DNA Polymerase Exhibits 3' To 5' And 5' To 3' Exonuclease Activity. It Is Able To Utilize Nicked Circular Duplex DNA As A Template And Can Unwind The Parental DNA Strand From Its Template. [C]
Metabolic Importance	Essential [C]
COG Function	Replication, recombination and repair (code L)
COG ID	<a href="#">COG0749</a> DNA polymerase I - 3'-5' exonuclease and polymerase domains
Gene Ontology	>>> Function: binding Function: nucleic acid binding Function: binding

Function: nucleic acid binding

Function: DNA binding

||

>>>

Process: physiological processes

Process: cell growth and/or maintenance

Process: cell proliferation

Process: cell cycle

Process: DNA replication and chromosome cycle

Process: DNA replication

||

>>>

Process: mitotic cell cycle

Process: S phase of mitotic cell cycle

Process: DNA replication

||

>>>

Process: metabolism

Process: nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolism

Process: DNA metabolism

Process: DNA replication

||

>>>

Process: cellular process

Process: cell growth and/or maintenance

Process: cell proliferation

Process: cell cycle

Process: DNA replication and chromosome cycle

Process: DNA replication

||

>>>

Process: mitotic cell cycle

Process: S phase of mitotic cell cycle

Process: DNA replication

||

>>>

	Component: cell Component: intracellular [C]										
Cell Location	Cytoplasm [C]										
Similarity	Contains 1 5'-3' exonuclease domain [H]										
Homologues	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Organism</th> <th>Length</th> <th>E-Value</th> <th>% Ident</th> <th>Accession</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Escherichia coli</td> <td>282</td> <td>8e-12,</td> <td>26.60</td> <td><a href="#">G11790294</a></td> </tr> </tbody> </table>	Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession	Escherichia coli	282	8e-12,	26.60	<a href="#">G11790294</a>
Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession							
Escherichia coli	282	8e-12,	26.60	<a href="#">G11790294</a>							
Paralogues	Not Available										
PDB Accession	Not Available										
Resolution	Not Available										
Structure CLASS	Not Available										
Cofactors	Not Available										
Metal Ions	Not Available										
EC Number	EC =2.7.7.7 [H]										
Kcat Value [1/min]	Not Available										
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available										
Km Value [mM]	Not Available										
Substrates	Not Available										
Products	Not Available										
Specific Reaction	Not Available										

General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	<a href="#">2649500</a> ; <a href="#">7896728</a> ; <a href="#">7637814</a> ; <a href="#">7568114</a> ; <a href="#">8717047</a> ; <a href="#">9857206</a> ; <a href="#">9605316</a> ; <a href="#">10449720</a>

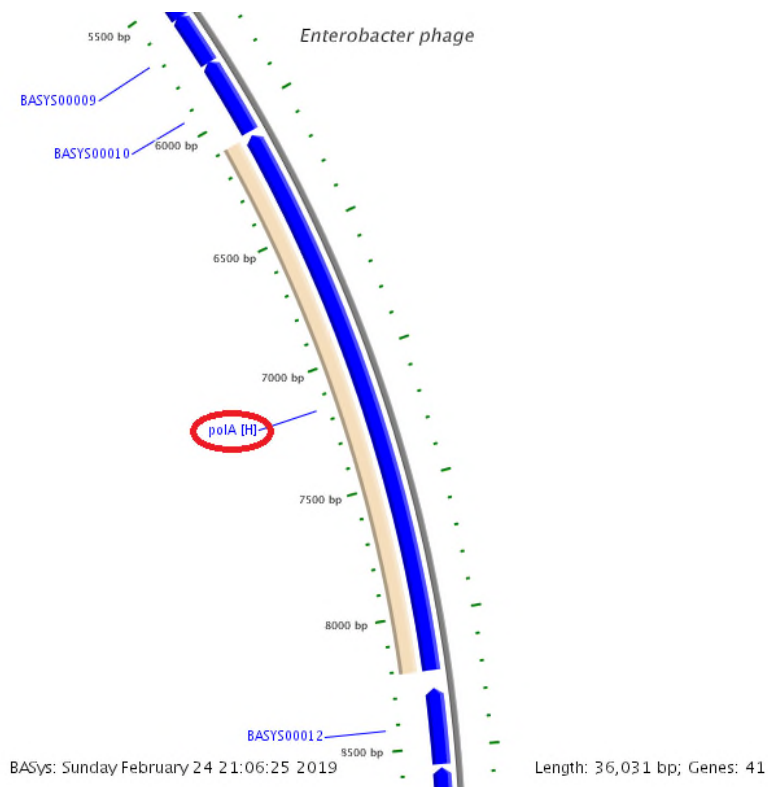


Рисунок 252 - Локализация BASYS00011 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 253- Филогенетическое дерево гомологов BASYS00011 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 254 - Конформационная структура BASYS00011 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00012**

Таблица 146 - Данные о протеине BASYS00012 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:53:53 GMT
Entry ID	BASYS00012.1
Accession No.	BASYS00012
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	8562-8278 (Counterclockwise)
Centisome Position	23.76
Gene Name	BASYS00012
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tgagaaatccgatgctggctgttagtggcatccacaagtcggcagcgattgcagcaaaagc acagtccatgagcaaattctttgagtaaggagcgaacact
Gene Sequence	atgagtaagtcaatcactcagcaaacacatccgcctgccagacaccgccgaccagttc tcccgccgagtacacatcaatgtacgtggcgagaaggtcacgatggctaccgctggaaa

	gaccacaagtctccgaaagcacacactcaacgaatgacattggatgacaagcaggtcggcgccttatgggtgccctgactatggctgctgacaaggtggcggatgatacccgtagcgtctggtagagttcggcgctggatgcaagagattatcgagaagtga
GC Content [Percent]	54.04
Preceding Gene	polA
Following Gene	BASYS00013
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00012
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_94_residues MSKSITHANTIRLPDTADQFSRRVHINVRGEKVTMVYRWKDHKSP- KAHTQRMTLDDKQVG RLMGALTMAADKVVGDTRERLVEFGAGMQEIIK >Mature_93_residues SKSITHANTIRLPDTADQFSRRVHINVRGEKVTMVYRWKDHKSP- KAHTQRMTLDDKQVGR LMGALTMAADKVVGDTRERLVEFGAGMQEIIK
No. of Amino Acids	Translated: 94 ; Mature: 93
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 6.4 %Met (Translated) 6.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 5.4 %Met (Mature) 5.4 %Cys+Met (Mature)



Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10737 ; Mature: 10605
Theoretical pI	Translated: 10.61 ; Mature: 10.61
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination	10.0

Priority	
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

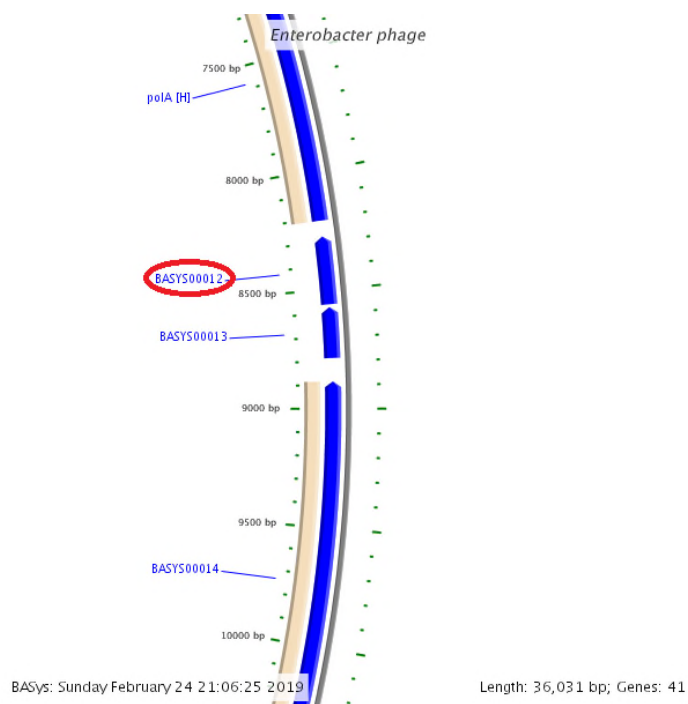


Рисунок 255 - Локализация BASYS00012 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

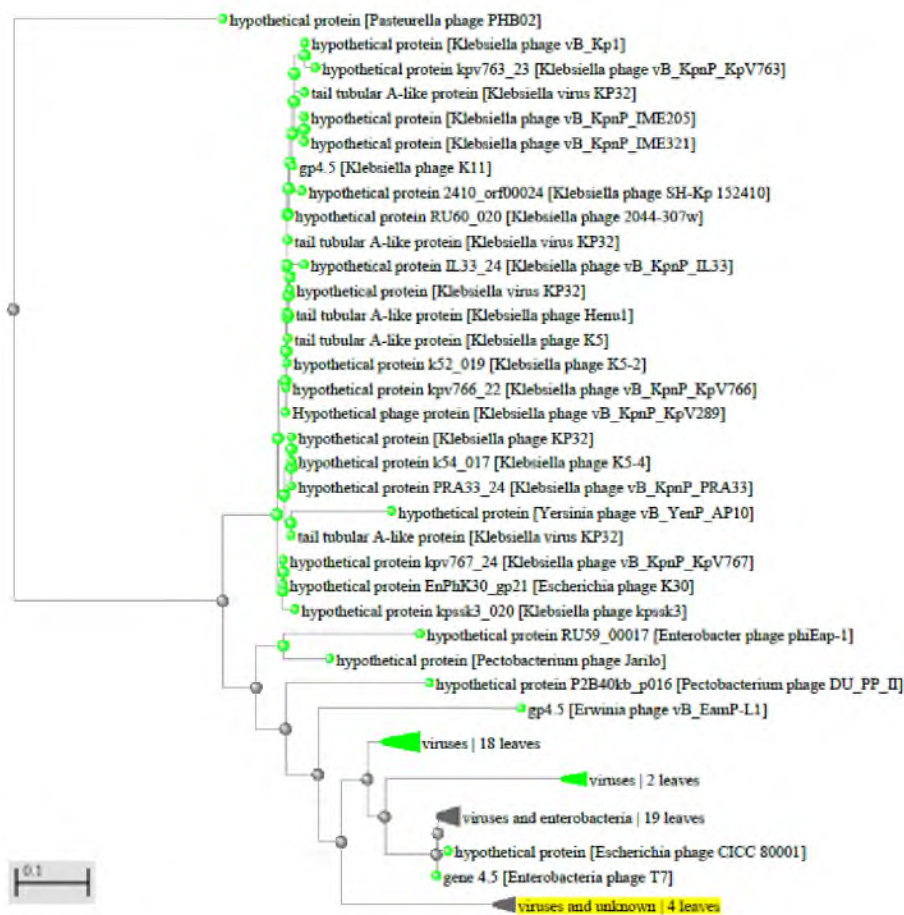


Рисунок 256 - Филогенетическое дерево гомологов BAYS00012 бактериофага Enterobacter phage E7

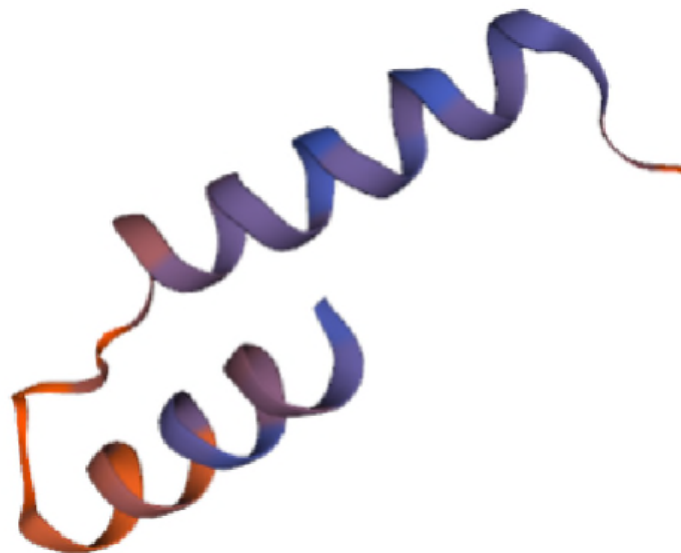


Рисунок 257 - Конформационная структура BAYS00012 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00013**

Таблица 147 - Данные о протеине BASYS00013 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:54:9 GMT
Entry ID	BASYS00013.1
Accession No.	BASYS00013
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	8787-8575 (Counterclockwise)
Centisome Position	24.39
Gene Name	BASYS00013
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aagtaccagtgccactgCGgtcatccagactgtgatggcggaatgtaccactaattaacc ctcactaacgggaacaacctcaaacataggagacacacc
Gene Sequence	atgtttaaattcattaacgctttaggtaagctggtagtcaaactgtacttcatcgaagcc aagaagctggacaagaaggccaaagctgattcacagcgagccattgagttggcgaacag tccgtgagaaatccgatgCGgctgtagtgatccacaagtcggcagcgattgcagca aaagcacagtccatgagcaaattctttgagtaa
GC Content [Percent]	46.01
Preceding Gene	BASYS00012

Following Gene	BASYS00014
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00013
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_70_residues MFKFINALGKLVVKLYFIEAKKLDKKAKADSQRRAIELAKQSREKSDAAVS-GIHKSAIAA KAQSMKFFE >Mature_70_residues MFKFINALGKLVVKLYFIEAKKLDKKAKADSQRRAIELAKQSREKSDAAVS-GIHKSAIAA KAQSMKFFE
No. of Amino Acids	Translated: 70 ; Mature: 70
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 2.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.9 %Met (Mature) 2.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7732 ; Mature: 7732
Theoretical pI	Translated: 10.75 ; Mature: 10.75
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available

EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



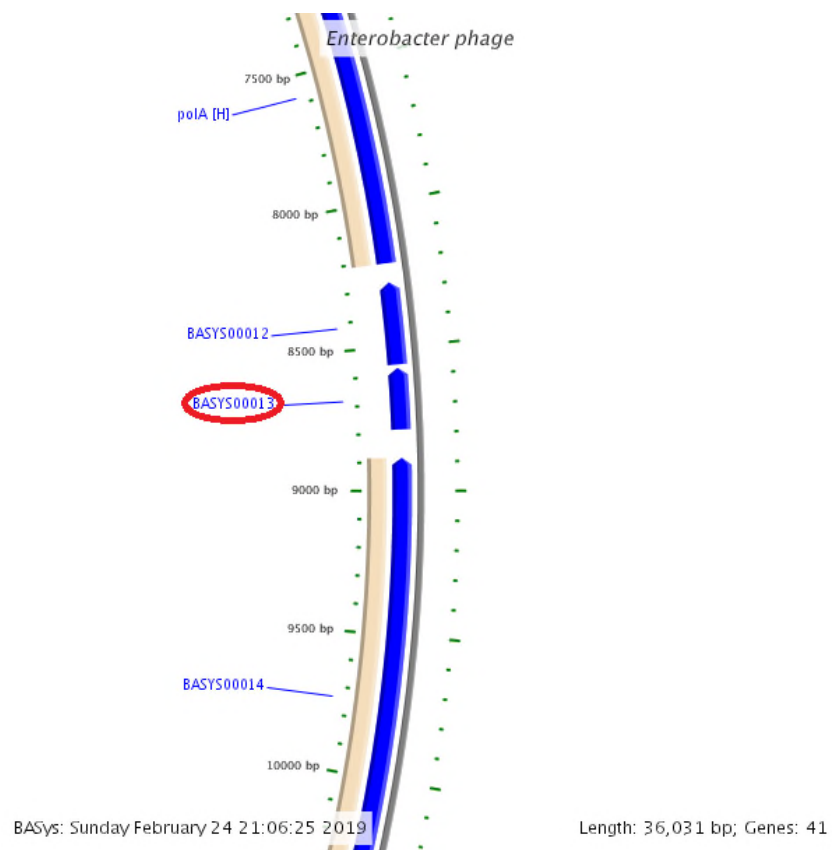


Рисунок 258 - Локализация BASYS00013 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

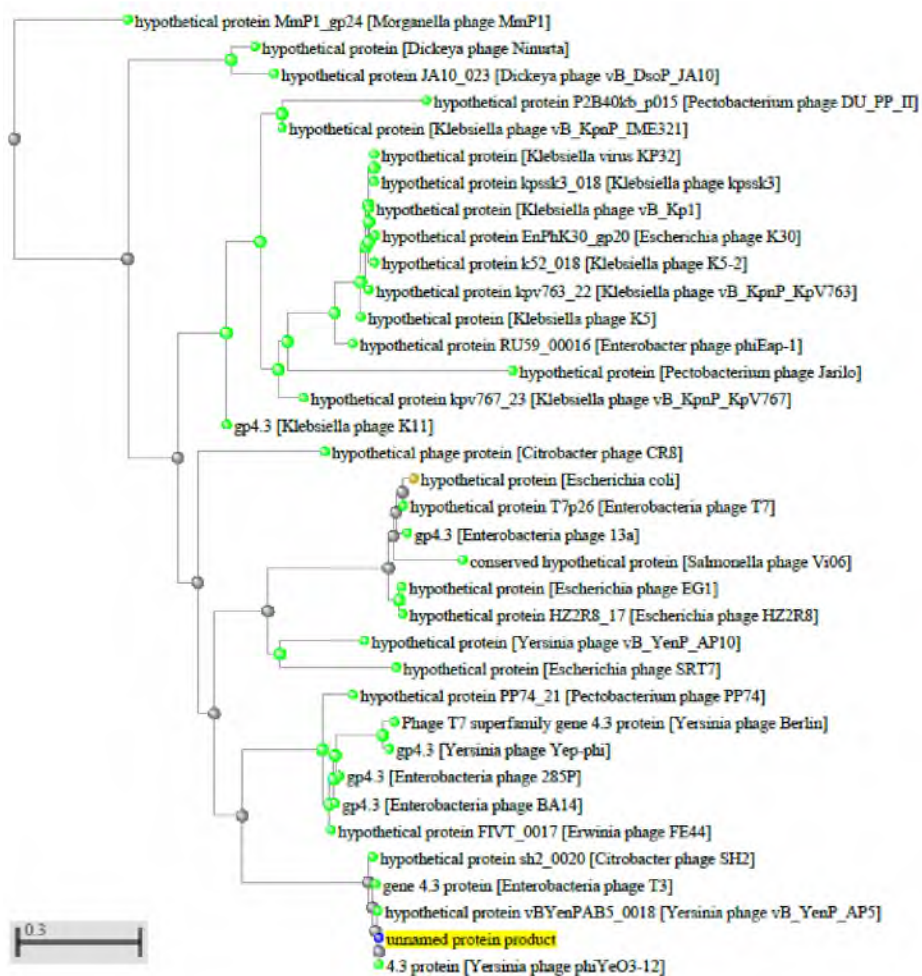


Рисунок 259 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00013 бактериофага Enterobacter phage E7

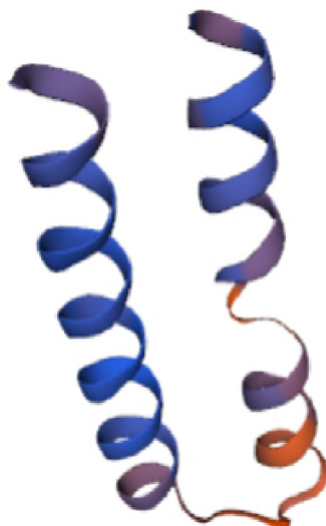


Рисунок 260 - Конформационная структура BASYS00013 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00014**

Таблица 148 - Данные о протеине BASYS00014 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:54:23 GMT
Entry ID	BASYS00014.1
Accession No.	BASYS00014
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	10586-8886 (Counterclockwise)
Centisome Position	29.38
Gene Name	BASYS00014
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases caatcaaggcggaggaacacacagaggaataattaacactcactaaagggatgacataat gttgtccctttgttcgactattgattaaggattaaccac
Gene Sequence	atggaacaagaaaacgacagtatattcctttaccatatcccgtgcgagaactgtgggtct tctgatgctaactcattgttctccgatggtcacacgtactgttacgcctgtgagaattgg acgccgggggatgaacggaaagctgagcagttatcaacgagaagacgtacaggaggcagc aagcctatgagctatgacgtatggaatttcggcgacagcaacggctgatactctgaccta actgccgtggcatctcaaaggagacatgcaaaaaggctggctactggctggcgaaagtg gacaaccgaatgtatcaggttgccgactaccgagaccagaacggctccatcgtgtcacag aaggtgcgcgataaggacaagaacttaagaccaccggaagtcaagagcgatgcgctg

	<p>ttcttgaagcacctctggctctggcggtaagaaaattgtggctactgagggcgaaattgac  gcgctcactgtgatggaactccaagactgtaagtaccggtagtatcattgggtcacggt  gcctctgctgctaagaagacatgcgccgtaactatgaatactttgaccagttcgagcag  attatcttgatgttcgacatggatgacgcaggccgtaaggcagtcgaagaggccgcacag  gttctcccggctggcaagggtcgtgttgctgtgttaccgtgtaaggacccaacgagtgt  cacatcatgggtgaagacaaagcaatcttgagcagatctggaacgcgaacccttgggtg  cctgacggtgttctctgctgtcactcaaagaccgcttaaggaagccatgacctcc  gaggacgctgtaggtttattattcgatggctgtcaaggcctgaacgatagaaccttgggt  gcccgtggggcgaagtcgttatggctcacttccggttccggtatgggtaagtcaacgttc  gttctcaacaggctctggcttggggcaagcgaatgggtaaacgtgttggcctagcgatg  ctggaggaatccgttgaggataccattcaggacatgatgggcttgaacaataaggtcgt  ctgcgtcagtctgatgaagtcaagaaggctatcgagaggacggacgtttcgatgaatgg  tatgatgaactatttgagacgatacattccacctttatgactccttgcggaggccgaa  gctgacaggctgttagcgaagctggcctacatgcaaacaggtttaggggtgtgatgttata  gtgctcgaccacatctcaatcgtcgtgtctgcctctgaggaatcggatgagcgtaaagtg  attgaccgcctcatgactaagctaaaagggttcgtaagtcaactgggtgttgctcgta  gtgatttgcacttgaagaaccggagaagggaaaagcacatgaagaaggacgcgctgtt  tctattactgacctacgcggttagcggtgccttgcgtcagttatctgatactatcatcgcc  ttggagcgttaaccagcaaggtgatatgcctaactgggtgttggctgccttaagtgt  cgtttactggcgacactggaattgccggatacatggaatacaacagagaaaccgggtgg  cttgaaccgtctagctacactggcgaagaaggagaaggagatactggctggactgaacaa  gacggacagtcagacttctaa</p>
GC Content [Percent]	50.91
Preceding Gene	BASYS00013
Following Gene	BASYS00015
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA Primase/Helicase
Alternate	DNA Primase ; Phage Related Protein ; Replication Protein ; Prim

Protein Names	Domain Protein ; TOPRIM Domain Protein
Sequence	<p>&gt;Translated_566_residues</p> <p>MEQENDSIFLYHIPCENCSSDANSLFSDGHTYCYACENWTPGDER- KAEQLSTRRRRTGGS</p> <p>KPMSYDVWNFGDSNGRYSDLTARGISKETCQKAGYWLAKVDNRMYPVA- DYRDQNGSIVSQ</p> <p>KVRDKDKNFKTTGSHKSDALFLKHLWSSGGKIVVTEGEIDALTMELQDC- KYPVVS LGHG</p> <p>ASAAKKTCAANYEYFDQFEQIILMFDMD DAGRKAVEEAAQVLPAGKVR- VAVLPCKDANEC</p> <p>HIMGEDKAILEQIWNANPWVPDGVVSALS LKDRVKEAMTSE- DAVGLLFDGCQGLNDRTL G</p> <p>ARGGEVVMVTSGSGMGKSTFVRQQALAWGKRMGKRVGLAMLEESVED- TIQDMMGLN NKVR</p> <p>LRQSDEVKKAIAEDGRFDEWYDELFGDDTFHLYDSFAEAEADRLLA- KLAYMRTGLGCDVI</p> <p>VLDHISIVVSASEESDERKMIDRLMTKLKGF AKSTGVVLLVICH LKNPEKG- KAHEEGRAV</p> <p>SITDLRGS GALRQLSDTI ALERNQQGDM PNLVLRLLKCRFTGDTGIAGY- MEYNRETGW</p> <p>LEPSSYTGEEGEGDTGWTEQD GQSD F</p> <p>&gt;Mature_566_residues</p> <p>MEQENDSIFLYHIPCENCSSDANSLFSDGHTYCYACENWTPGDER- KAEQLSTRRRRTGGS</p> <p>KPMSYDVWNFGDSNGRYSDLTARGISKETCQKAGYWLAKVDNRMYPVA- DYRDQNGSIVSQ</p> <p>KVRDKDKNFKTTGSHKSDALFLKHLWSSGGKIVVTEGEIDALTMELQDC- KYPVVS LGHG</p> <p>ASAAKKTCAANYEYFDQFEQIILMFDMD DAGRKAVEEAAQVLPAGKVR- VAVLPCKDANEC</p> <p>HIMGEDKAILEQIWNANPWVPDGVVSALS LKDRVKEAMTSE- DAVGLLFDGCQGLNDRTL G</p> <p>ARGGEVVMVTSGSGMGKSTFVRQQALAWGKRMGKRVGLAMLEESVED- TIQDMMGLN NKVR</p> <p>LRQSDEVKKAIAEDGRFDEWYDELFGDDTFHLYDSFAEAEADRLLA- KLAYMRTGLGCDVI</p> <p>VLDHISIVVSASEESDERKMIDRLMTKLKGF AKSTGVVLLVICH LKNPEKG-</p>

	KAHEEGRAV SITDLRGSGALRQLSDTIIALERNQQGDMPNLVLRLLKCRFTGDTGIAGY- MEYNRETGW LEPSSYTGEEGEGDTGWTEQDGQSDF
No. of Amino Acids	Translated: 566 ; Mature: 566
Cys/Met Content	2.3 %Cys (Translated) 3.4 %Met (Translated) 5.7 %Cys+Met (Translated) 2.3 %Cys (Mature) 3.4 %Met (Mature) 5.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 62800 ; Mature: 62800
Theoretical pI	Translated: 4.81 ; Mature: 4.81
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown

Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Replication, recombination and repair (code L)
COG ID	<a href="#">COG0305</a> Replicative DNA helicase
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available

Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

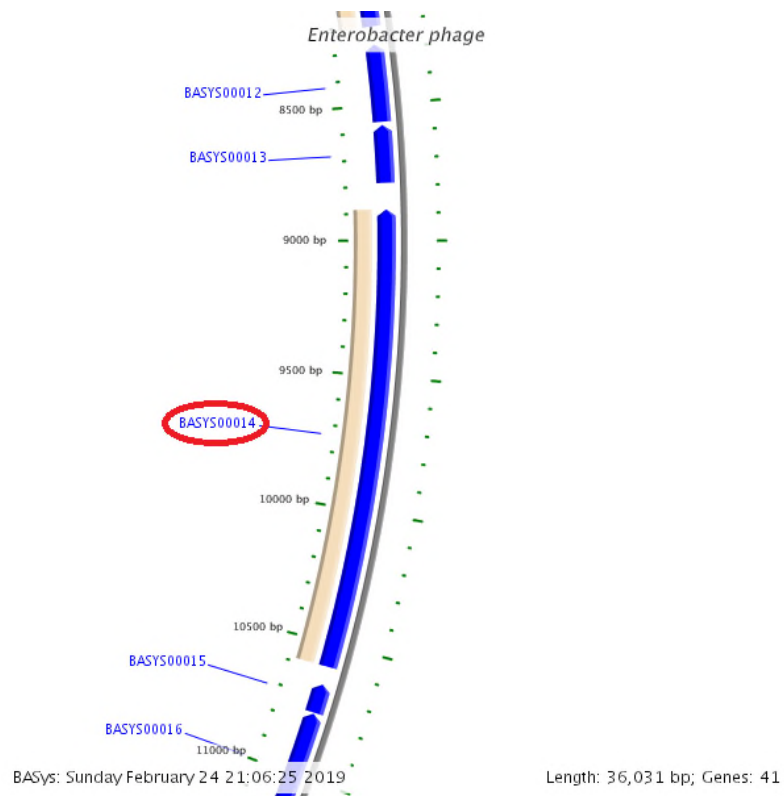




Рисунок 261 - Локализация BASYS00014 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

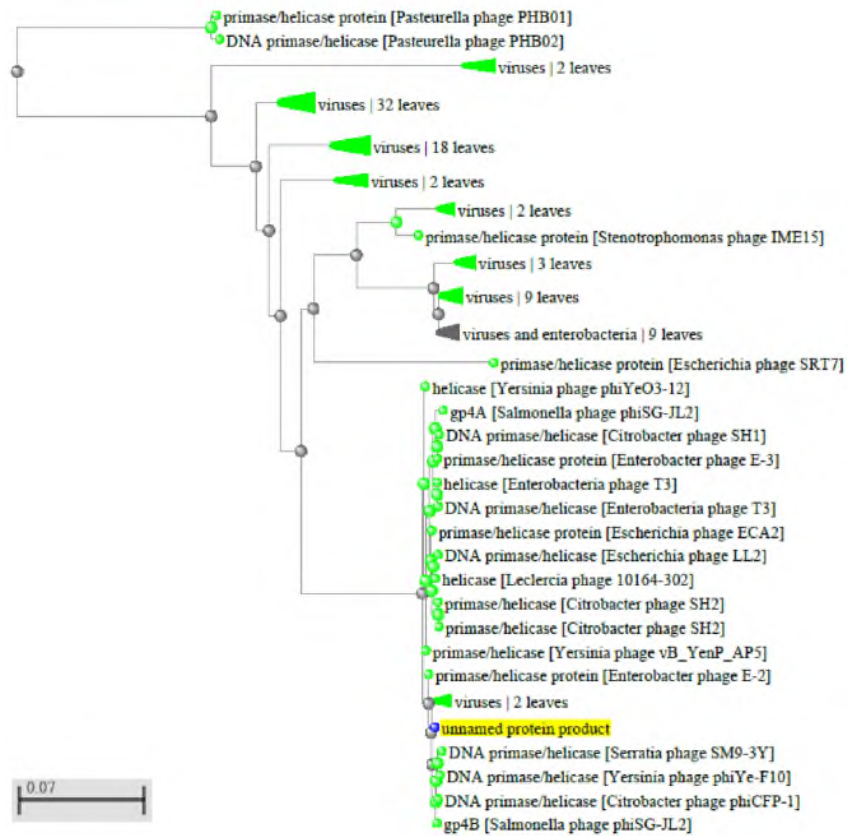


Рисунок 262 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00014 бактериофага Enterobacter phage E7

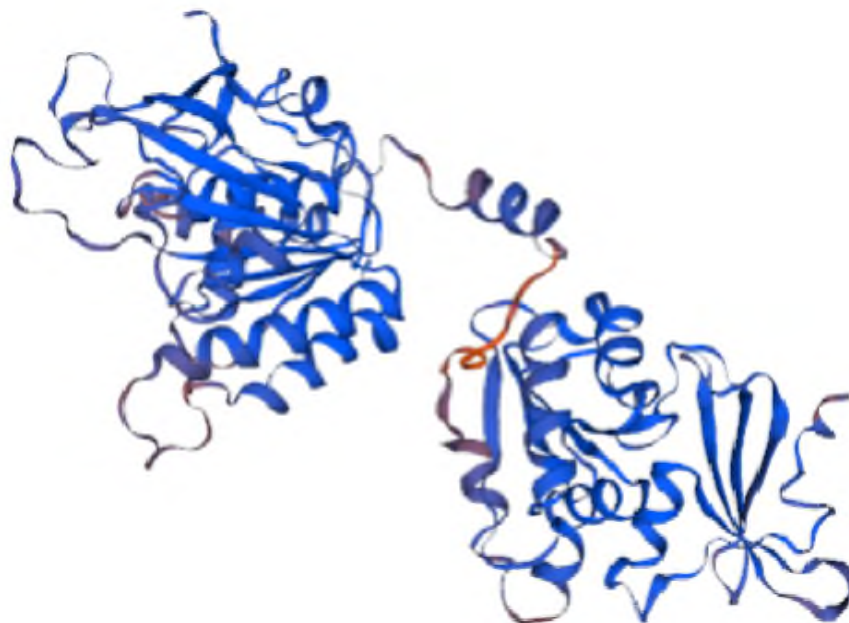


Рисунок 263 - Конформационная структура BASYS00014 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00015**

Таблица 149 - Данные о протеине BASYS00015 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:55:13 GMT
Entry ID	BASYS00015.1
Accession No.	BASYS00015
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	10762-10655 (Counterclockwise)
Centisome Position	29.87
Gene Name	BASYS00015
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgtgctcacatgacgttgacctaagcctgcccgtccttcgacttgaagcgtggtgg gagaagaacgaactggttacatctgaccgagggtgatacc
Gene Sequence	atgaggatgatttgattcgtgtgataagccgttgaagagtcgtgtaccgtcacgtcag tgtcagtgcaaagaccaatcaaggcggaggaacacacagaggaataa
GC Content	47.22

[Percent]	
Preceding Gene	BASYS00014
Following Gene	BASYS00016
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00015
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_35_residues MRMICIRCDKPLKSRVPSRQCQCKDPIKAEHTEE >Mature_35_residues MRMICIRCDKPLKSRVPSRQCQCKDPIKAEHTEE
No. of Amino Acids	Translated: 35 ; Mature: 35
Cys/Met Content	11.4 %Cys (Translated) 5.7 %Met (Translated) 17.1 %Cys+Met (Translated) 11.4 %Cys (Mature) 5.7 %Met (Mature) 17.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 4160 ; Mature: 4160
Theoretical pI	Translated: 8.34 ; Mature: 8.34
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available

EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

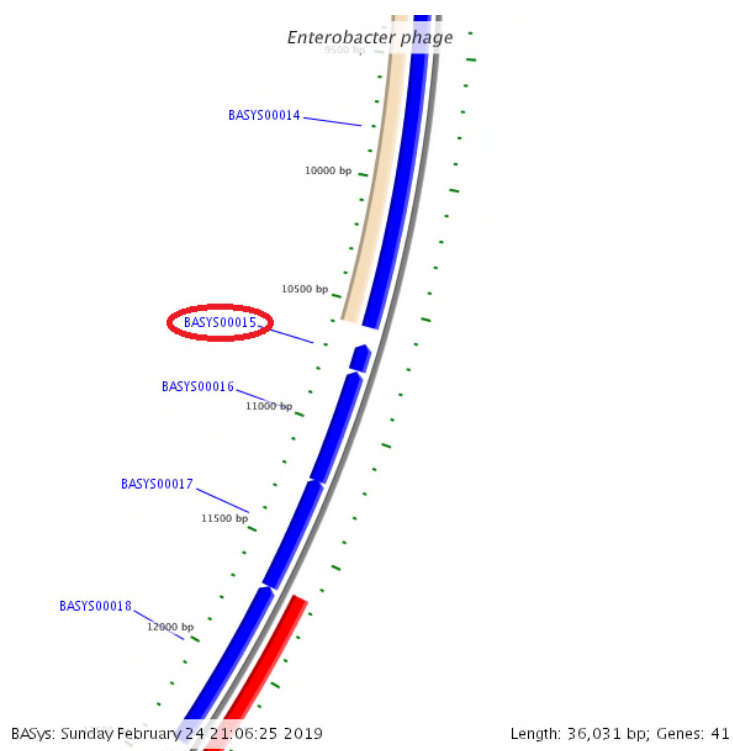


Рисунок 264 - Локализация BASYS00015 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

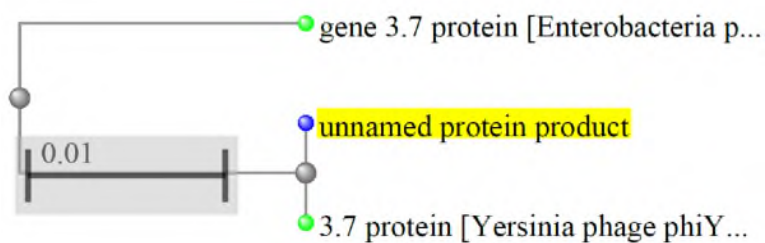


Рисунок 265 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00015 бактериофага Enterobacter phage E7

### BASYS00016

Таблица 150 - Данные о протеине BASYS00016 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:55:26 GMT
Entry ID	BASYS00016.1

Accession No.	BASYS00016
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	- InterPro: <a href="#">IPR002502</a> - InterPro: <a href="#">IPR018247</a> - InterPro: <a href="#">IPR015510 [H]</a>
Gene Position	11222-10767 (Counterclockwise)
Centisome Position	31.15
Gene Name	BASYS00016
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases attctgtttgctgacaagctaattccggtggagtggtcaaagaaccaagaaggaggtt ccgttcgataaattaagactaagaaaggagtaaagaaaa
Gene Sequence	atggctaaagttcaattcaaaccacgagcaaccacggaggcaatctttgtgcattgctca gcaaccaagccaagccagaacattggcgttcgtgagattcgtcagtggcacaaagagcag ggctggtttagacgtaggatatcacttcatcatcaagcgtgatggcactgtggaagcaggc cgcgatgaactggctgtaggtcccacgtgaaaggttacaaccacaactccgtaggcgta tgcttagtgggtggtattgatgataaaggcaagttcgacgccaactttacaccgcgcaa atgcaagcgtgcgtagtctgctggctcacgctgctggcgaagtatgagggctcaatcctt cgtgctcacatgacgttgacctaagcctgcccgtccttcgacttgaagcgtggtgg gagaagaacgaactggttacatctgaccgaggtga
GC Content [Percent]	52.63
Preceding Gene	BASYS00015
Following Gene	BASYS00020

Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Uncharacterized protein HI_1494 [H]
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_151_residues  MAKVQFKPRATTEAIFVHCSATKPSQNIGVREIRQWHKEQGWLDVGYH-FIIKRDGTVEAG  RDELAVGSHVKGYNHNSVGVCLVGGIDDKGKFDANFTPAQM-QALRSLLVTLLAKYEGSIL  RAHHDVAPKACPSFDLKRWWWEKNELVTS DRG</p> <p>&gt;Mature_150_residues  AKVQFKPRATTEAIFVHCSATKPSQNIGVREIRQWHKEQGWLDVGYH-FIIKRDGTVEAGR  DELAVGSHVKGYNHNSVGVCLVGGIDDKGKFDANFTPAQM-QALRSLLVTLLAKYEGSILR  AHHDVAPKACPSFDLKRWWWEKNELVTS DRG</p>
No. of Amino Acids	Translated: 151 ; Mature: 150
Cys/Met Content	2.0 %Cys (Translated) 1.3 %Met (Translated) 3.3 %Cys+Met (Translated) 2.0 %Cys (Mature) 0.7 %Met (Mature) 2.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 16900 ; Mature: 16769
Theoretical pI	Translated: 9.23 ; Mature: 9.23



Pfam Domain/Function	<a href="#">PF01510</a> Amidase_2 [H]
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	To phage T3 and T7 N-acetylmuramoyl-L-alanine amidases [H]
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	<a href="#">7542800</a>

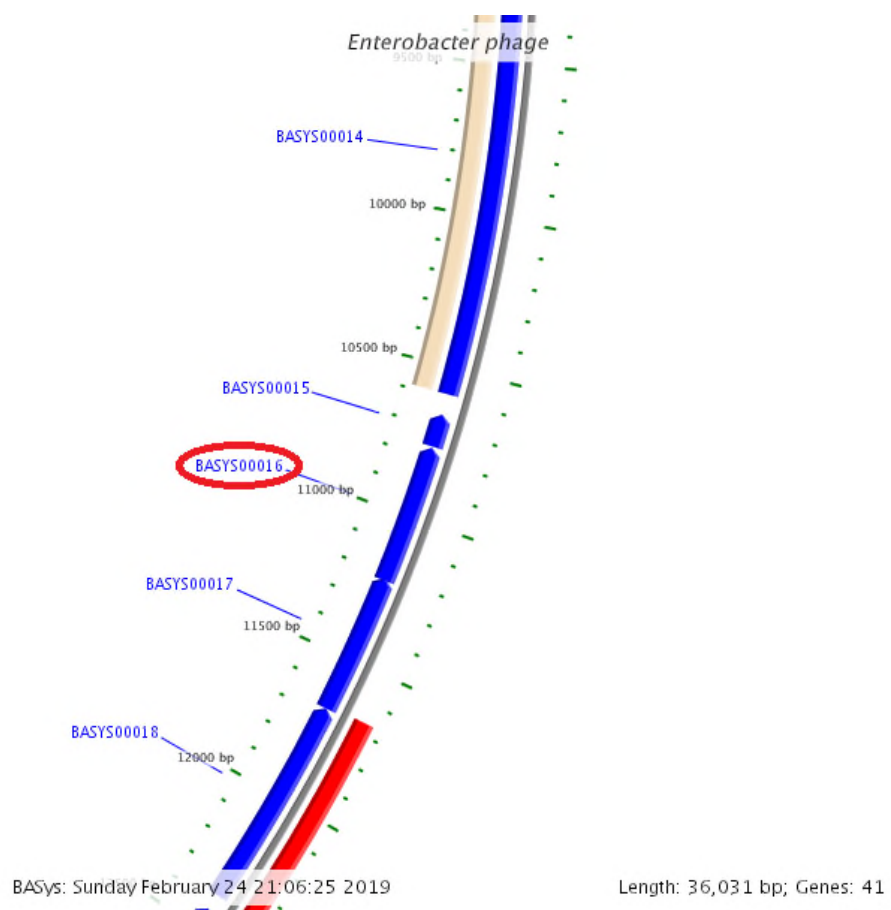


Рисунок 266 - Локализация BASYS00016 в геноме бактериофага *Enterobacter phage* E7



Рисунок 267 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00016 бактериофага Enterobacter phage E7

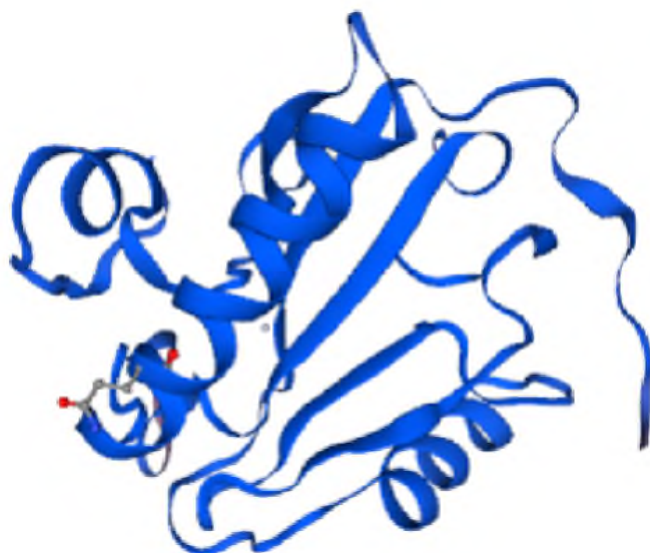


Рисунок 268 - Конформационная структура BASYS00016 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00017**

Таблица 151 - Данные о протеине BASYS00017 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:55:36 GMT
Entry ID	BASYS00017.1
Accession No.	BASYS00017
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	11676-11215 (Counterclockwise)
Centisome Position	32.41
Gene Name	BASYS00017
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases atggtggttacactgcgagtgaatcccgtcagtcgccgatgagcaggagtggcaggaag acgagcacgaagaaaccccgatgacgacgaggacttcta
Gene Sequence	atggctggcgcatacgctgcgcgagggtgtacgcaaggtcggggctttccgctccggccta gaagataaagtctcaaagcagcttgagagtaagggaattaagttcgactatgaactttgg cgtatcccttacgtcatccctgcgagtgaccactatacactccagacttctgctacct aatggcatcttcattgagaccaaagggtgtgggattccgatgaccgcaagaaacacctt ttgattcgtgagcaacaccccgaactggacattcgcttggtcttcaagcagccgctca aagctatacaaaggtagccaacaagctacgccgagtggtgtgagaagcatggcattctg tttgctgacaagctaattccggtggagtggtcaaagaacccaagaaggaggttccgctc gataaatttaagactaagaaaggagtaagaaaaatggctaa

GC Content [Percent]	48.92
Preceding Gene	BASYS00020
Following Gene	BASYS00018
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Phage Endodeoxyribonuclease I
Alternate Protein Names	Endonuclease I
Sequence	<p>&gt;Translated_153_residues  MAGAYAARGVRKVGAFRSGLEDKVSKQLESKGIKFDYELWRIPYV-  IPASDHLYTPDFLLP  NGIFIETKGLWDSDDRKKHLLIREQHPELDIRLVFSSSRKLYKGSPT-  SYAEWCEKHGIL  FADKLIPVEWLKEPKKEVPFDKFKTKKGVKKNNG</p> <p>&gt;Mature_152_residues  AGAYAARGVRKVGAFRSGLEDKVSKQLESKGIKFDYELWRIPYVIPASDH-  LYTPDFLLPN  GIFIETKGLWDSDDRKKHLLIREQHPELDIRLVFSSSRKLYKGSPTS  SYAEW-  CEKHGILF  ADKLIPVEWLKEPKKEVPFDKFKTKKGVKKNNG</p>
No. of Amino Acids	Translated: 153 ; Mature: 152
Cys/Met Content	0.7 %Cys (Translated) 0.7 %Met (Translated) 1.3 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.7 %Cys+Met (Mature)

Molecular Weight [Daltons]	Translated: 17641 ; Mature: 17509
Theoretical pI	Translated: 10.05 ; Mature: 10.05
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available



Availability	Not Available
References	Not Available

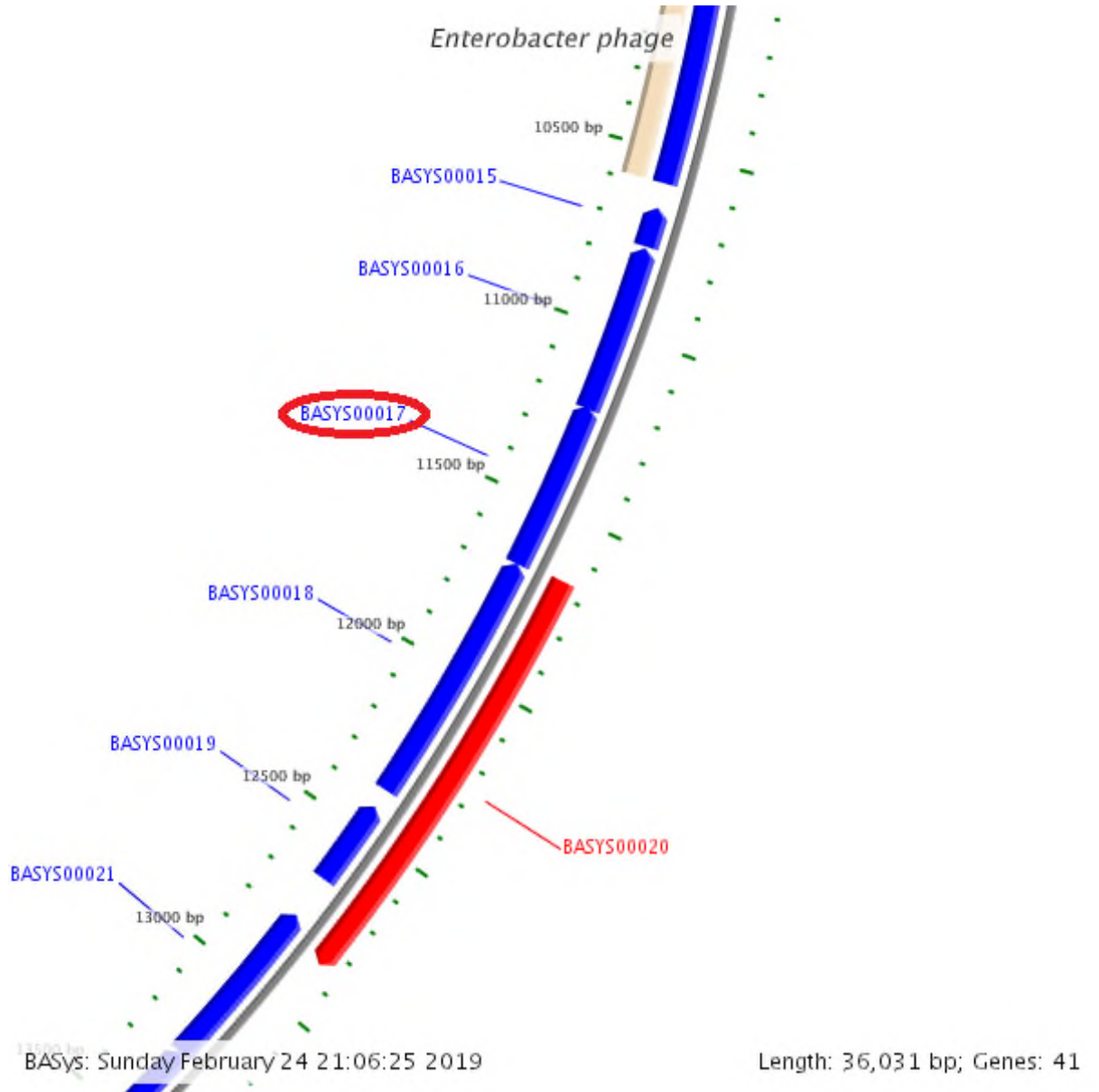


Рисунок 269 - Локализация BASYS00017 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

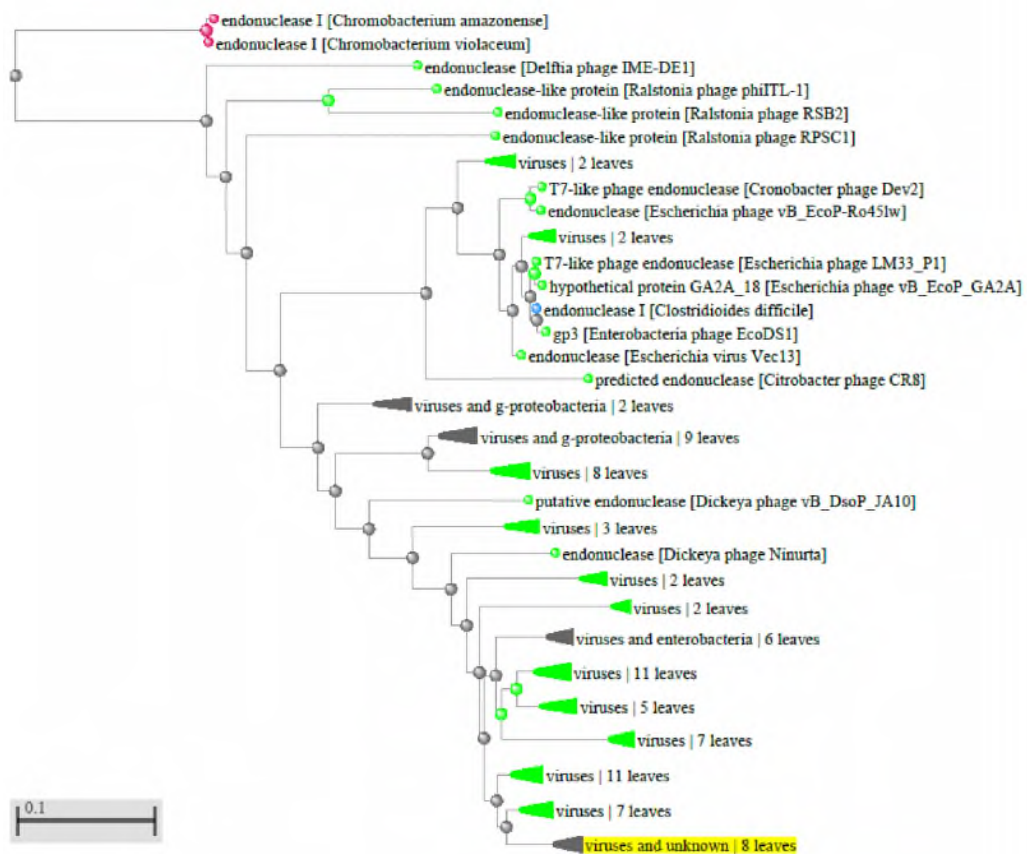


Рисунок 270 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00017 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 271 - Конформационная структура BASYS00017 бактериофага Enterobacter phage E7(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00018**

Таблица 152 - Данные о протеине BASYS00018 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:55:58 GMT
Entry ID	BASYS00018.1
Accession No.	BASYS00018
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	12374-11676 (Counterclockwise)
Centisome Position	34.34
Gene Name	BASYS00018
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gacgctgggttcgtagtgaccgcatccgtccagaagtgaaagcctaattaccctcacta aagggaacaaccaatcattaaccacaaaggagaaacatt
Gene Sequence	atggctggttcaagaagaaaatctacacctctggtcttggcactgctgagccttatgct tacctgagtaagcctgattatggcaacgaagagcgtggcttcggcaacccccgtggcgtc tataaggtagacctgactctttccaataaagaccgctgtcaggcgatggtcgaatgaa atcgtgaagactcacgaagaggcttatgctgctgccgtggaagagttcgaagctaaccg ccgcaggtacagcgtggtaagaaaccactgaaaccttacgaggcgacatgccgttcttc gataacggtgacggtactactacctcaagttcaaatgctatgcgtctttcaagataag aagaccaagagaccaaacacatcaatctggtcgtggctgatagcaaaggtaagaagatt caggaagtgccgattatcgggtggcggctccaagctgaaagtgaataactctctggtgcct

	tacaagtggaacaccgctgtggcgcaagcgtcaagctgcaactggagtcctgatgctg gtcgaactggctaccttcggcggtggcggtgaagatgagtgggctgatgaagtcgaagat ggtggttacctgcgagtgaatcccgtcagtcgcatgagcaggagtggcaggaagac gagcacgaagaaaccccgatgacgacgaggacttctaa
GC Content [Percent]	52.22
Preceding Gene	BASYS00017
Following Gene	BASYS00019
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00018
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_232_residues MAGFKKKIYTSGLGTAEPYAYLSKPDYGNEERGFGNPR- GVYKVDLTLNKPDCQAMVDE IVKTHEEAYAAVEEFEANPPQVQRGKKPLK- PYEGDMPFFDNGDGTTFKFKCYASFQDK KTKETKHINLVVVDKGGKKIQEVPIIGGGSKLKVYSLVPYKWNTAV- GASVKLQLESVML VELATFGGGGEDEWADEVEDGGYTASESRQSRDEQEWQEDEHEETPDD- DEDF >Mature_231_residues AGFKKKIYTSGLGTAEPYAYLSKPDYGNEERGFGNPR- GVYKVDLTLNKPDCQAMVDEI VKTHEEAYAAVEEFEANPPQVQRGKKPLK- PYEGDMPFFDNGDGTTFKFKCYASFQDKK TKETKHINLVVVDKGGKKIQEVPIIGGGSKLKVYSLVPYKWNTAV- GASVKLQLESVMLV

	ELATFGGGGEDEWADEVEDGGYTASESRQSRDEQEWQEDEHEETPDD- DEDF
No. of Amino Acids	Translated: 232 ; Mature: 231
Cys/Met Content	0.9 %Cys (Translated) 1.7 %Met (Translated) 2.6 %Cys+Met (Translated) 0.9 %Cys (Mature) 1.3 %Met (Mature) 2.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 25948 ; Mature: 25817
Theoretical pI	Translated: 4.51 ; Mature: 4.51
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available

COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available

Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

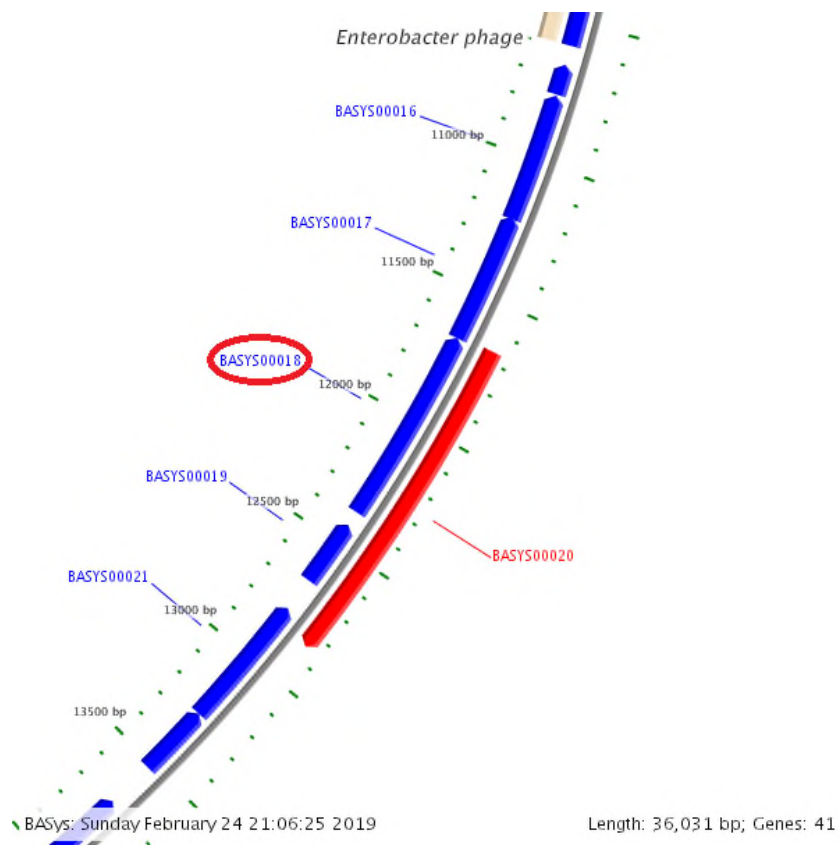


Рисунок 272 - Локализация BASYS00018 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

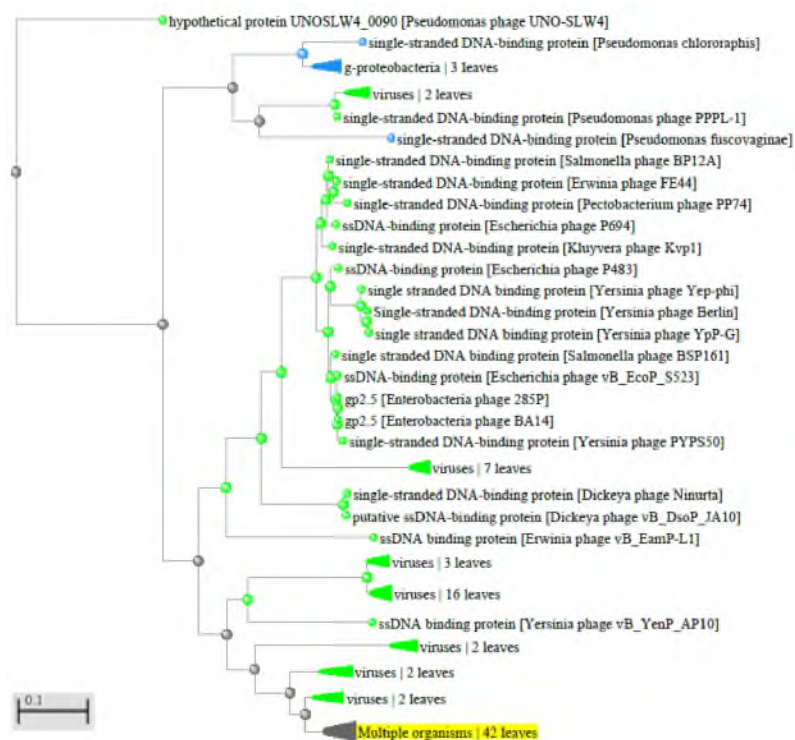


Рисунок 273 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00018 бактериофага Enterobacter phage E7

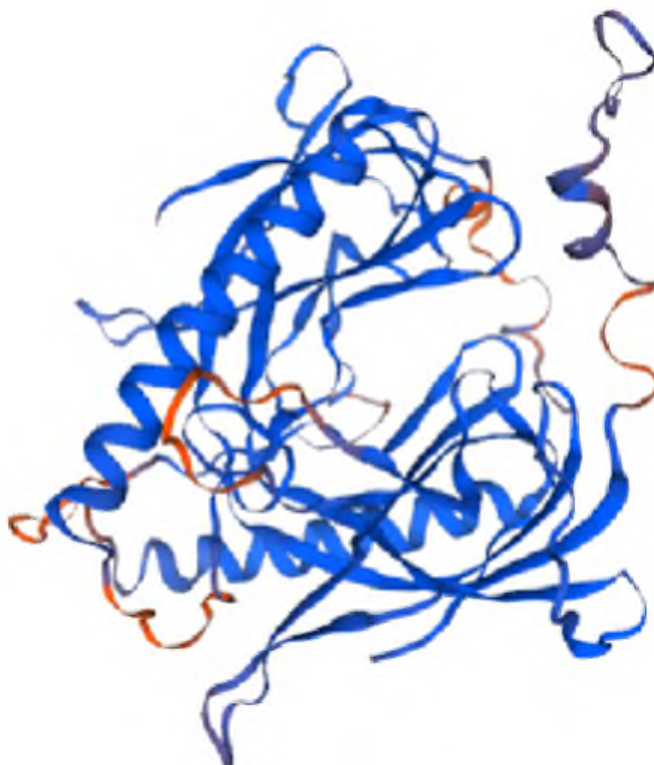




Рисунок 274 - Конформационная структура BASYS00018 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00019**

Таблица 153 - Данные о протеине BASYS00019 бактериофага Enterobacter phage E 7

Creation Date	2019/2/24 20:56:25 GMT
Entry ID	BASYS00019.1
Accession No.	BASYS00019
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	12663-12427 (Counterclockwise)
Centisome Position	35.15
Gene Name	BASYS00019
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ctaagtggaaccaagctattgaggctggtgacgaggccgagccaacgcctaccaacaac tgtatgctgtgggagcggcgctttaaggaggccaataa
Gene Sequence	atgagccagtgtaacaacgggtgccagtacggaaggacgtagggatggagaaccactcc tgtgcaaatcgctgcatgtactcagaacagaaataccttctgacgatagaaggcaacacc

	gagtcctttgaggttccggtattcgcccggtctctcgaagaggcaacgctacaggctgaa cattatgaggacgctgggttcgtagtgacccgcatccgtccagaagtgaaagcctaa
GC Content [Percent]	52.74
Preceding Gene	BASYS00018
Following Gene	BASYS00021
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00019
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_78_residues MSQCNNGCQYAKDVG MENHSCANRCMYSEQKYLLTIEGNTESFEVPV- FARSLEEATLQAE HYEDAGFVVTRIRPEVKA >Mature_77_residues SQCNNNGCQYAKDVG MENHSCANRCMYSEQKYLLTIEGNTESFEVPVFAR- SLEEATLQAEH YEDAGFVVTRIRPEVKA
No. of Amino Acids	Translated: 78 ; Mature: 77
Cys/Met Content	5.1 %Cys (Translated) 3.8 %Met (Translated) 9.0 %Cys+Met (Translated) 5.2 %Cys (Mature) 2.6 %Met (Mature) 7.8 %Cys+Met (Mature)

Molecular Weight [Daltons]	Translated: 8840 ; Mature: 8709
Theoretical pI	Translated: 4.56 ; Mature: 4.56
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

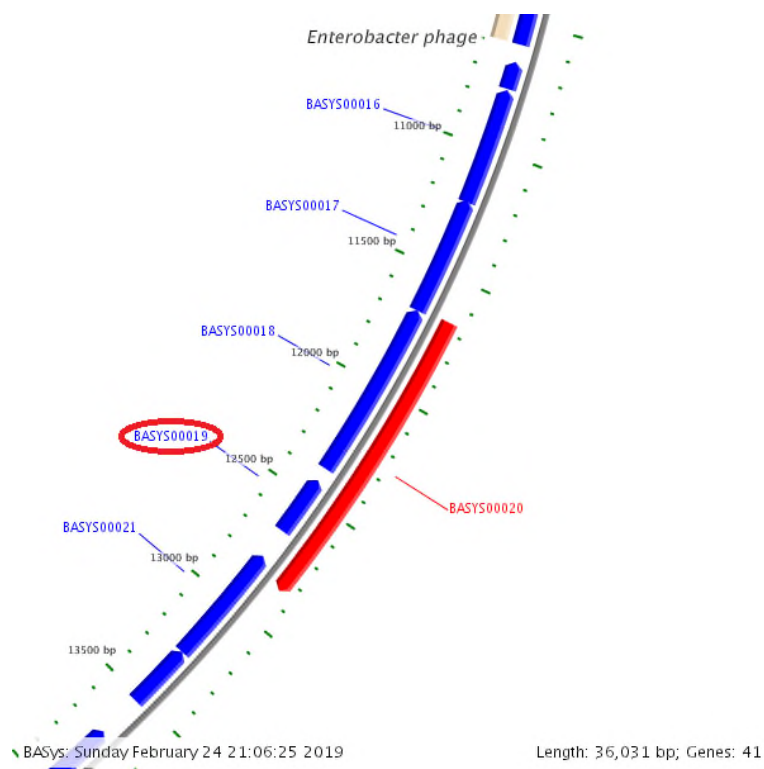


Рисунок 275 - Локализация BASYS00019 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

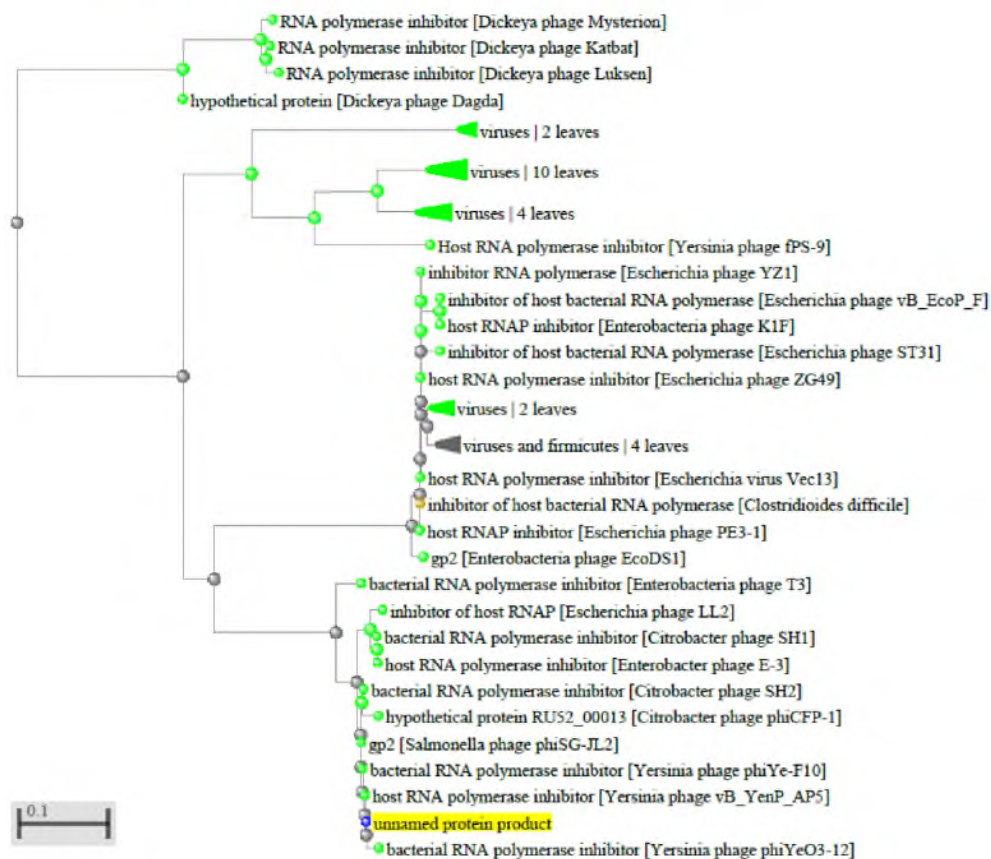


Рисунок 276 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00019 бактериофага Enterobacter phage E7

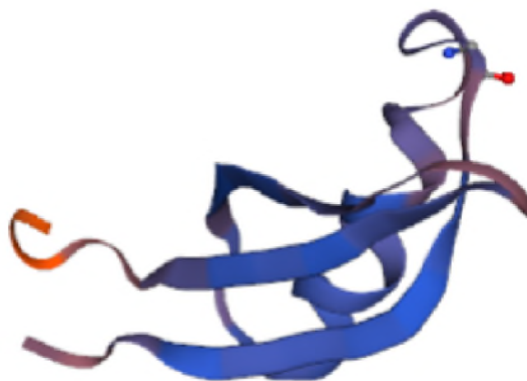


Рисунок 277 - Конформационная структура BASYS00019 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00020**

Таблица 154 - Данные о протеине BASYS00020 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:56:43 GMT
Entry ID	BASYS00020.1
Accession No.	BASYS00020
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	11664-12851 (Clockwise)
Centisome Position	32.37
Gene Name	BASYS00020
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tcatagtcgaacttaattcccttactctcaagctgcttgagactttatcttctaggccg gagcggaaagccccgaccttgctacacctcgcgcagcgt
Gene Sequence	atgcccagccattagaagtcctcgtcgtcatccggggtttcttcgtgctcgtcttctg ccactcctgctcatcgcgggactgacgggattcactcgcagtgtaccaccatcttcgac ttcatcagcccactcatcttcaccgccaccgccgaaggtagccagttcgaccagcatcac ggactccagttgcagcttgacgcttgcccacagcgggttccacttgtaaggcaccag agagtatttcactttcagcttgagccgccaccgataatcggcacttctgaatcttctt acctttgctatcgaccagaccagattgatgtgtttggctctttggctcttcttatcttg gaaagacgcatagcattgaactgaaggtagtagtaccgtcaccgttatcgaagaacgg catgtcgccctcgttaaggttcagtggtttcttaccacgctgtacctgcggcgggtagc ttcgaactttccacggcagcagcataagcctcttcgtgagctttcacgatttcacgac catcgctgacagcgcgggtctttattggaaagagtcaggtctacctatagacgccacg ggggttgccgaagccacgctcttcgttgccataatcaggcttactcaggttaagcataagg

	ctcagcagtgccaagaccagaggtgtagattttcttcttgaaccagccataatgtttct cctttgtggttaatgattgggtgttccttagtgagggttaattaggcttcacttctg gacggatgcgggtcactacgaaccagcgtcctcataatgttcagcctgtagcgttgct cttcgagagaccggggaataaccggaacctcaaaggactcgggtgttccttctatcgtca gaaggtatttctgttctgagtacatgcagcgatttgacaggagtgggttctccatcccta cgtccttcgctactggcaccggtgttactggctcatttattggcctccttaaagcg ccgctcccacagcgcatacagttgttggtaggcgttggtgctgaggcctcgtcaccagcctc aatagcttggttcacttagcggcacaccaatcgcaacattcacgaagcgtcatagcaca gcccttatgtttgtcaaacagttcctgatagaaagccgctttcttaa
GC Content [Percent]	51.77
Preceding Gene	BASYS00016
Following Gene	BASYS00017
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00020
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_395_residues MRQPLEVLVVIRGFFVLVFLPLLLIAGLTGFTRSVTTIFDFISPLIFTA- TAEGSQFDQHH GLQLQLDACAHSQVPLVRHQRFVHFQLGAATDNRHFLNLLTFAIDHD- QIDVFGLFGLLIL ERRIAFELEGSSTVTVIEERHVALVRFQWFLTTLYLRRVSFELFHGS- SISLFVSLHDFID HRLTARVFIGKSQVYLIDATGVAEATLFVAIIRLTQVSIRLSSAKTRGVDFL- LETSHNVS PLWLMIGLFPLVRVIRLSLLDGCGLRTRQRPVQVVALPLRETGRI- PEPQRTRCCLLSS



	<p>EGISVLSTCSDLHRSGSPSLRPSRTGTRCYTGSFIGLLKAPLPQ-  RIQLLVGVGCGLVTSL  NSLVPLSGTPIATFTKRHSTAPYVCQTVPDRKPLS  &gt;Mature_369_residues  GLTGFTRSVTTIFDFISPLIFTATAEGSQFDQHHGLQLQLDA-  CAHSGVPLVRHQRVHFHQ  LGAATDNRHFLNLLTFAIDHDQIDVFGLFGLLILERRIAFELEGSSTV-  TVIEERHVALVR  FQWFLTTLYLRRVSFELFHGSSISLFVSLHDFIDHRLTARVFIGKSQVYLI-  DATGVAEAT  LFVAIIRLTQVSIRLSSAKTRGVDFLLETSHNVSPLWLMIGLFPLVR-  VIRLSLLDGCGL  RTQRPHNVQPVALPLRETGRIPPEPQRTRCCLLSSE-  GISVLSTCSDLHRSGSPSLRPSRTG  TRCYTGSFIGLLKAPLPQRIQLLVGVGCGLVTSLNSLVPLSGTPIATFTKRH-  STAPYVCQ  TVPDRKPLS</p>
No. of Amino Acids	Translated: 395 ; Mature: 369
Cys/Met Content	<p>2.0 %Cys (Translated)  0.5 %Met (Translated)  2.5 %Cys+Met (Translated)  2.2 %Cys (Mature)  0.3 %Met (Mature)  2.4 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 43828 ; Mature: 40849
Theoretical pI	Translated: 9.70 ; Mature: 9.44
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0x15ae28a4)-
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available

EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	6.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

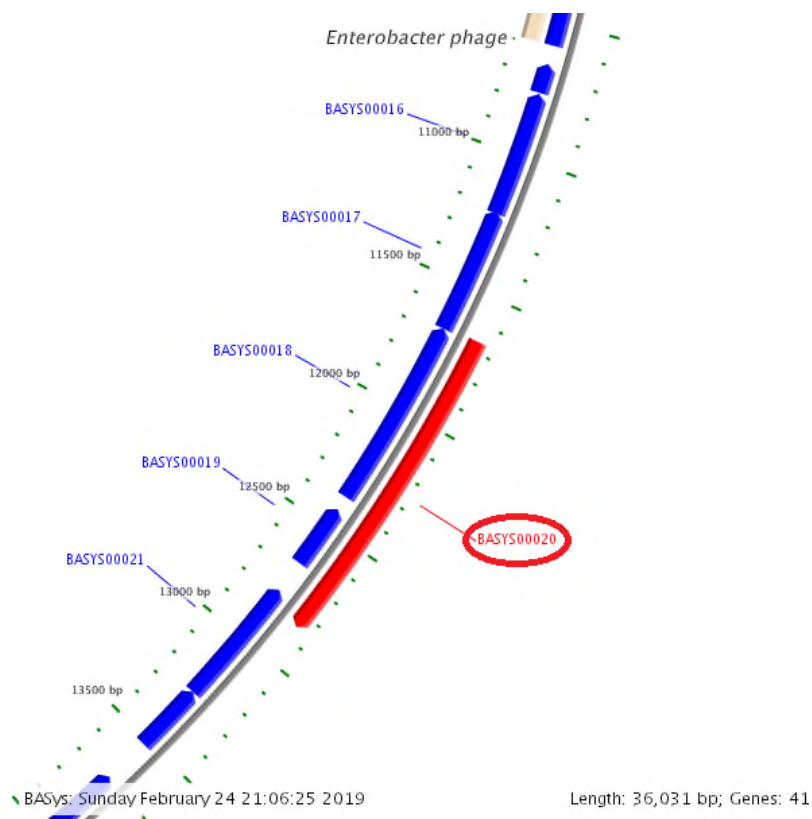


Рисунок 278 - Локализация BASYS00020 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

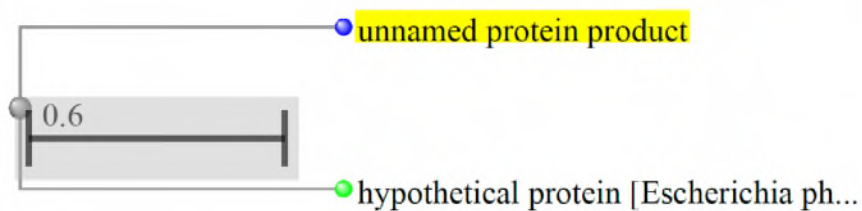


Рисунок 279 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00020 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 280 - Конформационная структура BASYS00020 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00021**

Таблица 155 - Данные о протеине BASYS00021 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:57:14 GMT
Entry ID	BASYS00021.1
Accession No.	BASYS00021
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	13263-12784 (Counterclockwise)
Centisome Position	36.81
Gene Name	BASYS00021
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tcattaaggc gatgaacaaagagcgccacatctggaagccgtggcacttactggcctc gcatccgtctgttcgtaagtggattaaggaggtgctgta
Gene Sequence	atgctacaacatcattggaacaaccagacttagaggctcgcttcccggttaactctgct gttcgttattcgggcgataaccagttctcaagggtctgaccggaacagtcagggtac tctcacactggctgagtgaaagggttcagtttggtattcgtgagactgaggtgcatccatcc gtactaatcccgtacctaataataggcccgaacgtggaagcaccgaaatcagcagtcag

	tctgacgtgacccatccgaaccactacatgctgttcgacaatgtggaagccattgaggtt atcgcccggtaacatgaccgtcgaggcgttccgtgggtactgcttagggaacatcctgaaa taccgtctgcgtgctggtaagaaatccgaactggcaacaatggagaaagacctaagaaa gcggctttctatcaggaactgtttgacaaacataaggggctgtgctatgacgcttcgtga
GC Content [Percent]	50.21
Preceding Gene	BASYS00019
Following Gene	BASYS00022
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00021
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_159_residues MLQHHWNKPDLEARFPVNSAVRYS GDNPVLKGLTGT VQ- GYSHTGRVKVQFGIRETEVHPS VLIPLPKIGPNVEAPKSAVKSDVTHPNHYMLFDNVEAIEVIARSMTVEAFR- GYCLGNILK YRLRAGKKSELATMEKDLKKAIFYQELFDKHKGLCYDAS >Mature_159_residues MLQHHWNKPDLEARFPVNSAVRYS GDNPVLKGLTGT VQ- GYSHTGRVKVQFGIRETEVHPS VLIPLPKIGPNVEAPKSAVKSDVTHPNHYMLFDNVEAIEVIARSMTVEAFR- GYCLGNILK YRLRAGKKSELATMEKDLKKAIFYQELFDKHKGLCYDAS
No. of Amino Acids	Translated: 159 ; Mature: 159

Cys/Met Content	1.3 %Cys (Translated) 2.5 %Met (Translated) 3.8 %Cys+Met (Translated) 1.3 %Cys (Mature) 2.5 %Met (Mature) 3.8 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 17870 ; Mature: 17870
Theoretical pI	Translated: 9.54 ; Mature: 9.54
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available



Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

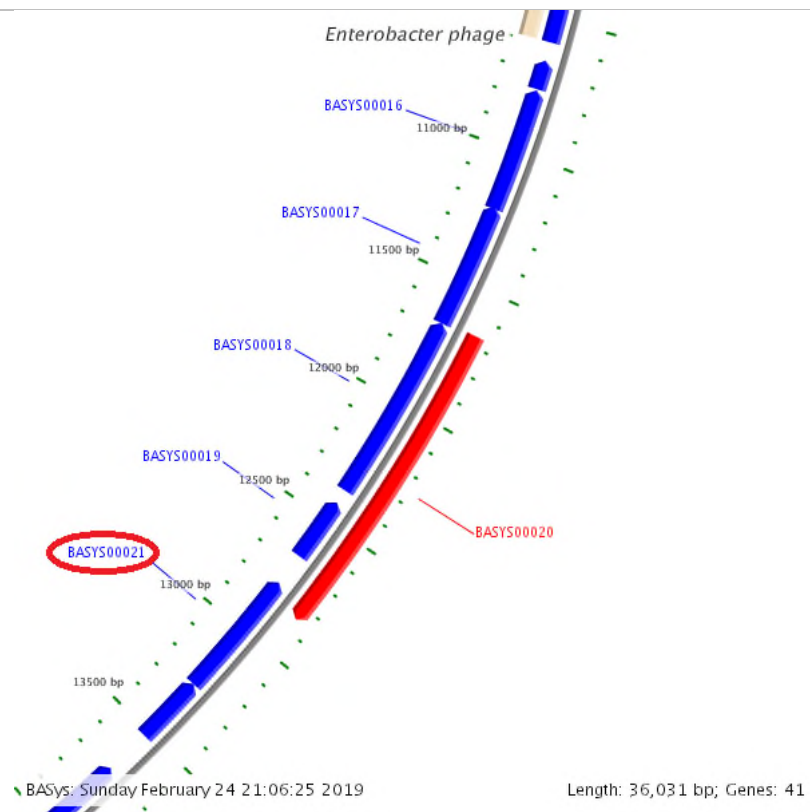


Рисунок 281 - Локализация BASYS00021 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

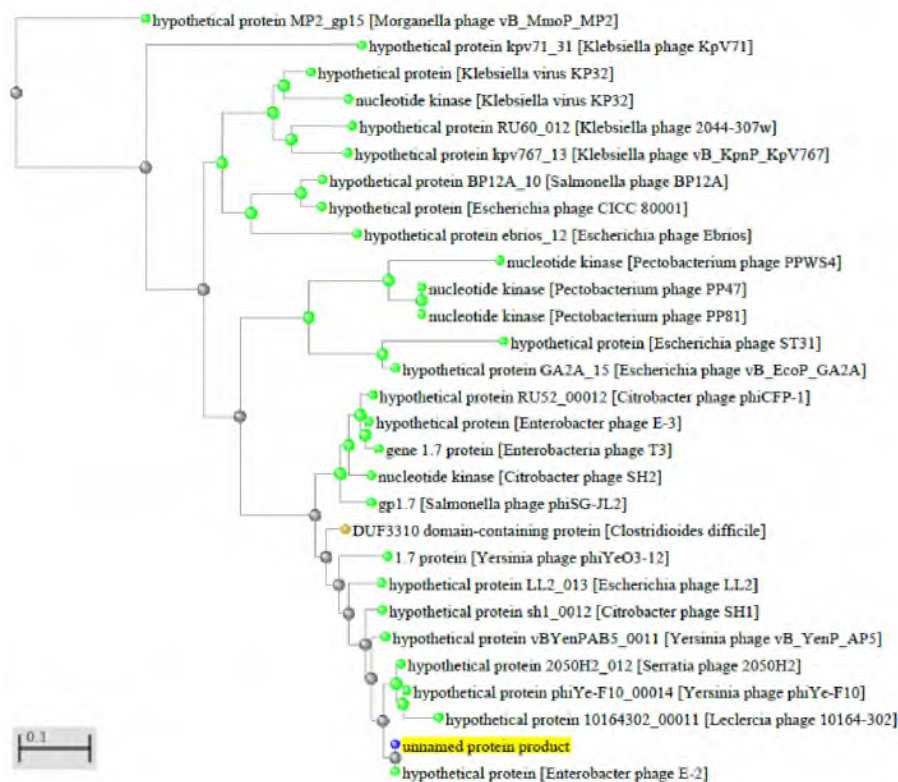


Рисунок 282 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00021 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 283 - Конформационная структура BASYS00021 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

Таблица 156 - Данные о протеине BASYS00022 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:57:33 GMT
Entry ID	BASYS00022.1
Accession No.	BASYS00022
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	13520-13263 (Counterclockwise)
Centisome Position	37.52
Gene Name	BASYS00022
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gacacacaccatgtggcttatcctattcgctatcgtcgcaacgctgggattaatggttgc cgacgacaacatttggcctgattgtaaggagacaacatc
Gene Sequence	atgcgtttacacttcaacacatcaaagggtatcttttcggttcgccgtgaagaccgctct acagcagtgccctctgagcgcaacgctaagctgccgctgattggctcggtcgtcccattg tcgccgctgttcacactactgatcactcgtggagagttcattaaggcgaatgaacaaagag cgccacatctggaagccgtggctcacttactggcctcgcatccgtctgttcgtaagtgg attaaggaggtgctgtaa
GC Content [Percent]	52.71

Preceding Gene	BASYS00021
Following Gene	BASYS00023
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00022
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_85_residues MRLHFNTSNGIFSVRREDRSTAVASERNAKLPLIGSVVPLSPRVHLLITRGE- FIKAMNKE RPHLEAVVTYWPRIRLFVKWIKEVL >Mature_85_residues MRLHFNTSNGIFSVRREDRSTAVASERNAKLPLIGSVVPLSPRVHLLITRGE- FIKAMNKE RPHLEAVVTYWPRIRLFVKWIKEVL
No. of Amino Acids	Translated: 85 ; Mature: 85
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.4 %Met (Translated) 2.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.4 %Met (Mature) 2.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9894 ; Mature: 9894
Theoretical pI	Translated: 11.75 ; Mature: 11.75

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available

Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

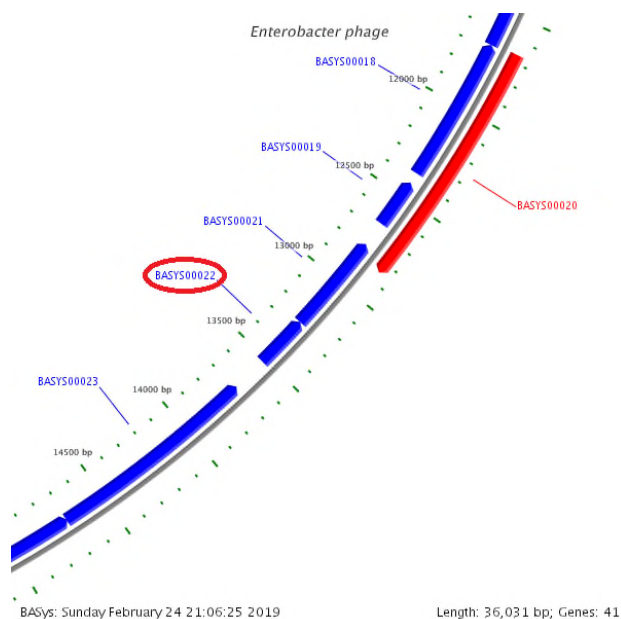


Рисунок 284 - Локализация BASYS00022 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

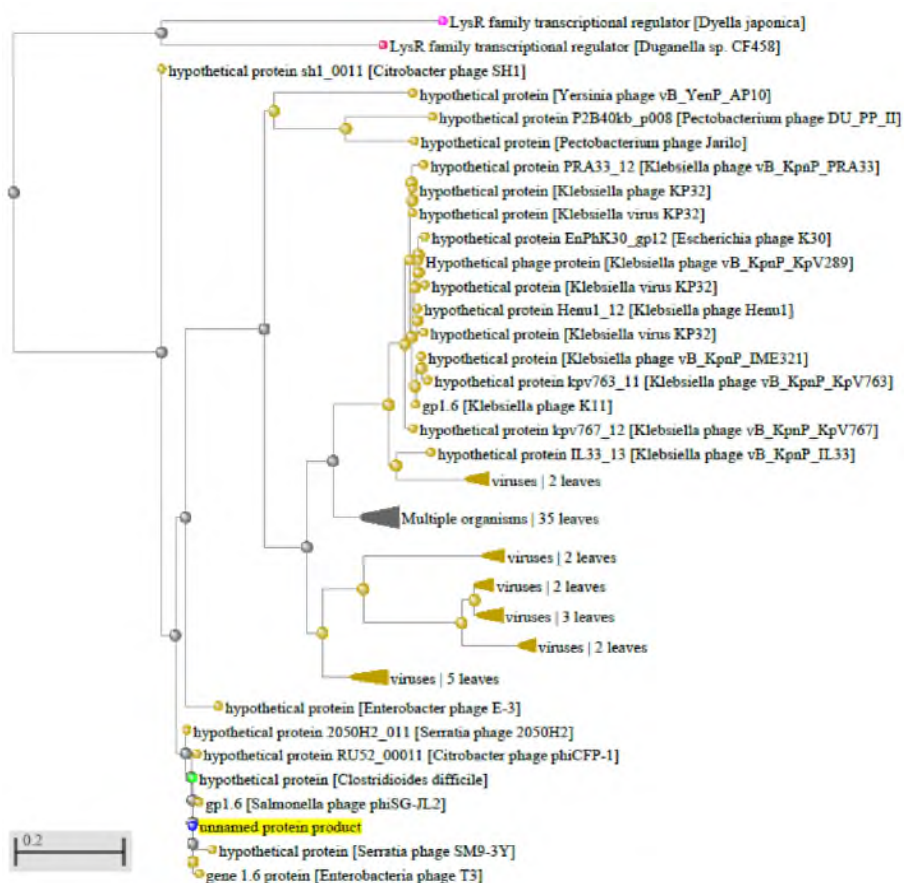


Рисунок 285 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00022 бактериофага *Enterobacter phage E7*



Рисунок 286 - Конформационная структура BASYS00022 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00023**

Таблица 157 - Данные о протеине BASYS00023 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:57:48 GMT
Entry ID	BASYS00023.1
Accession No.	BASYS00023
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	14706-13690 (Counterclockwise)



Centisome Position	40.82
Gene Name	BASYS00023
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tccgcaaagaccctcgctcttccactgtgatagcggctgagtggggctccaccaacaa ccatccataagattaagcgaaatattaacaggagattcgt
Gene Sequence	atgaacattttcaagaccgcgcatataaagctgtatcctttgttgagtctgccgtgcgt aaagcgctggagacttccggctacctgatagcggattgtaaatatgacggtgttcgtgga aacattgtggttgacaacgtggctgaggccgatggttctcgcgtctccaagttcatc ccggcgtggaacatctgaacggttctgataagcgtggcaacaactgatgaatgatgac cgctgcattttcctgatggcttcatgctggatggtgaactgatggtcaaaggcgtagac ttcaacacggggctcggcctgctgcgtaccaagtggtcaagaagaacaacttcatgttt gaccgtggtggttgagccgctgaaaggttcaaagtagcctttgagtttagaccctaag cgctgagtgctgcgctgtatgcggtcatgccgattcacattgctgagctggcgaggac tatgatgtgcagaacctctgatgccatatcatgtggaagccatgcgctcccttctggtt gaatacttcccggaaatcgagtggttatcgctgagacctacgaggtctacgatatggat tactgactgaactgtacgaagagaagcgtgccgaaggtcacgaggtctcattgtgaaa gaccgcaaggcatctacaagcagggaagaagctggctggtggaagctaaagcctgag tgtgaagctgatggtatcattcagggtgtcaattggggaaccaaagggttagccaacgag ggtaaagtgataggcttagtgcttcttgagactggtcgttagtagacgccaacaac atctctcgcgactgatggacgagttcacagccaacgttaaagcccacggtgaagacttc tacaacgggtggcctgtcaggtcaactatatggaagagaccccggacggctccctgcgt cacctagcttcgagaagttccgaggcactgaggacaacctcaagagaaaatgtaa
GC Content [Percent]	51.43
Preceding Gene	BASYS00022
Following Gene	BASYS00024
Operon Status	Not Available

Operon Components	Not Available
Protein Name	Conserved Hypothetical Protein
Alternate Protein Names	None
Sequence	<p>&gt;Translated_338_residues</p> <p>MNIFKTAPYKAVSFVESAVRKALETSGYLIADCKYDGVRGNIVVDN- VAEAAWLSRVSKFI PALEHLNGFDKRWQQLMNDDRCIFPDGFMLD- GELMVKGVDFNTGSGLLRTKWLKKNFMF DRGGVEPLKGSKVAFELDPKRLSVRLYAVMPIHIAESGEDYDVQNLLMPYH- VEAMRSLLV EYFPEIEWLIAETYEVDMDSLTELYEEKRAEGHEGLIVKDPQ- GIYKRGKKS<del>G</del>WWKLKPE CEADGIIQGVNWGTKGLANEGKVIGFSVLLETGRLVDANNISRALMDEF- TANVKAHGEDF YNGWACQVNYMEETPDGSLRHPSFEKFRGTEDNPQEKM</p> <p>&gt;Mature_338_residues</p> <p>MNIFKTAPYKAVSFVESAVRKALETSGYLIADCKYDGVRGNIVVDN- VAEAAWLSRVSKFI PALEHLNGFDKRWQQLMNDDRCIFPDGFMLD- GELMVKGVDFNTGSGLLRTKWLKKNFMF DRGGVEPLKGSKVAFELDPKRLSVRLYAVMPIHIAESGEDYDVQNLLMPYH- VEAMRSLLV EYFPEIEWLIAETYEVDMDSLTELYEEKRAEGHEGLIVKDPQ- GIYKRGKKS<del>G</del>WWKLKPE CEADGIIQGVNWGTKGLANEGKVIGFSVLLETGRLVDANNISRALMDEF- TANVKAHGEDF YNGWACQVNYMEETPDGSLRHPSFEKFRGTEDNPQEKM</p>
No. of Amino Acids	Translated: 338 ; Mature: 338
Cys/Met Content	1.2 %Cys (Translated) 3.6 %Met (Translated)

	<p>4.7 %Cys+Met (Translated)  1.2 %Cys (Mature)  3.6 %Met (Mature)  4.7 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 38425 ; Mature: 38425
Theoretical pI	Translated: 4.91 ; Mature: 4.91
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00697</a> DNA_LIGASE_A1 ; <a href="#">PS00333</a> DNA_LIGASE_A2 ; <a href="#">PS50160</a> DNA_LIGASE_A3
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available

Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

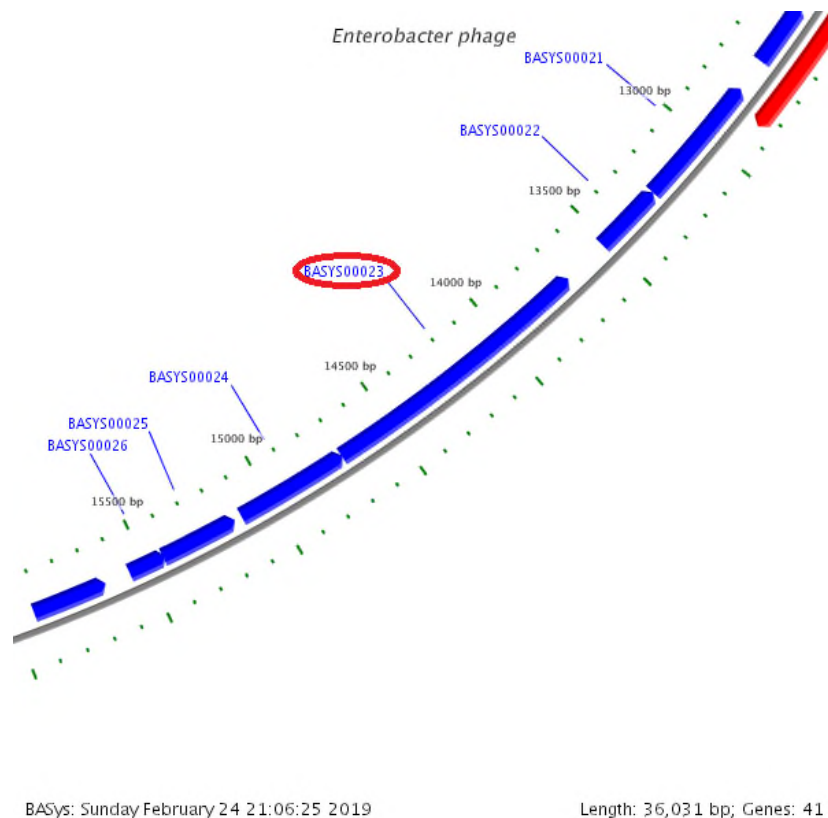


Рисунок 287 - Локализация BASYS00023 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

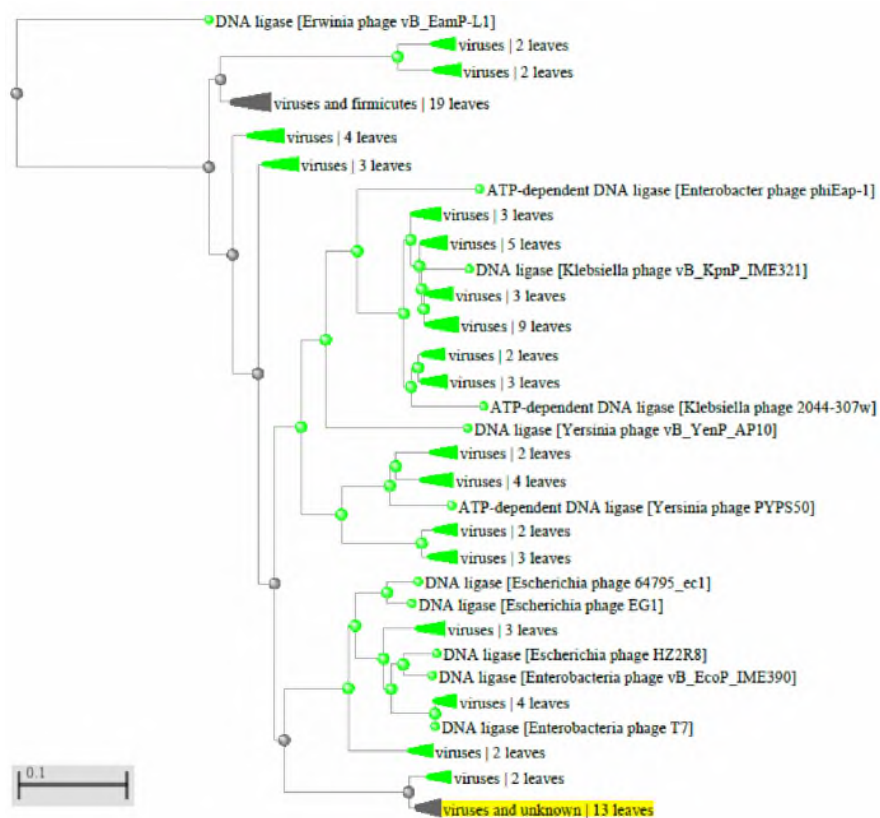


Рисунок 288 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00023 бактериофага Enterobacter phage E7

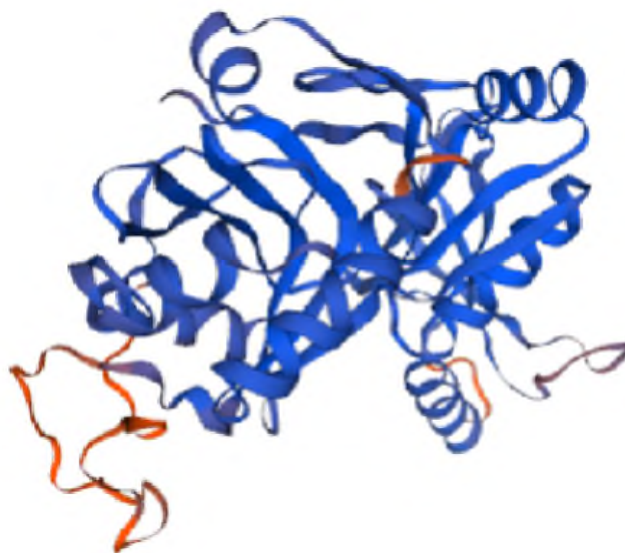


Рисунок 289 - Конформационная структура BASYS00023 бактериофага Enterobacter phage E7(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00024**

Таблица 158 - Данные о протеине BASYS00024 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:58:20 GMT
Entry ID	BASYS00024.1
Accession No.	BASYS00024
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	15119-14703 (Counterclockwise)
Centisome Position	41.96
Gene Name	BASYS00024
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases acagcgatgtgcaaatcaacgcgcagactgcatggctccgtaagggtcacagcgatttga aacactggaagtaataaccctcactaacaggagaaacgaa
Gene Sequence	atgagaaacatcgaacgggtcaacgcaaagactgaaccttgcggtgactgtctacgttgg actggtcgaatccagcctaacgggttacggacagtttcgcctcgaaggtaaaacacaatac gcacatcgagcagcttacaagctgtttatcggtgaactggacaataaagatacagtcctt cactcgtgacgacaacaggtggtgtgtgaaccctgagcatttgaccaagggaaacgcaggcc gataacctgaaagacatggcgataaagggtagacaccacgccattaagattccgaacgat gccattgagggcatccgcaaagaccctcgctcttccactgtgatagcggctgagtggggc gtccaccaacaacatccataagattaagcgaaatattaacaggagattcgtatga
GC Content [Percent]	49.16

Preceding Gene	BASYS00023
Following Gene	BASYS00025
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Bacteriophage-Related Protein
Alternate Protein Names	Bacteriophage T7-Like Gene Protein
Sequence	<p>&gt;Translated_138_residues  MRNIERFNAKTEPCGDCLRWTGRIQPNGYGQFRLEGKTQYAHRAAYKLF-  GELDNKDTVL  HSCDNRWCVNPEHLTKGTQADNLKDMAIKGRHHAIKIPNDAIE-  GIRKDPRSSTVIAAEWG  VHPTTIHKIKRNINRRFV  &gt;Mature_138_residues  MRNIERFNAKTEPCGDCLRWTGRIQPNGYGQFRLEGKTQYAHRAAYKLF-  GELDNKDTVL  HSCDNRWCVNPEHLTKGTQADNLKDMAIKGRHHAIKIPNDAIE-  GIRKDPRSSTVIAAEWG  VHPTTIHKIKRNINRRFV</p>
No. of Amino Acids	Translated: 138 ; Mature: 138
Cys/Met Content	2.9 %Cys (Translated) 1.4 %Met (Translated) 4.3 %Cys+Met (Translated) 2.9 %Cys (Mature) 1.4 %Met (Mature) 4.3 %Cys+Met (Mature)



Molecular Weight [Daltons]	Translated: 15889 ; Mature: 15889
Theoretical pI	Translated: 10.23 ; Mature: 10.23
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available

Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available

References

Not Available

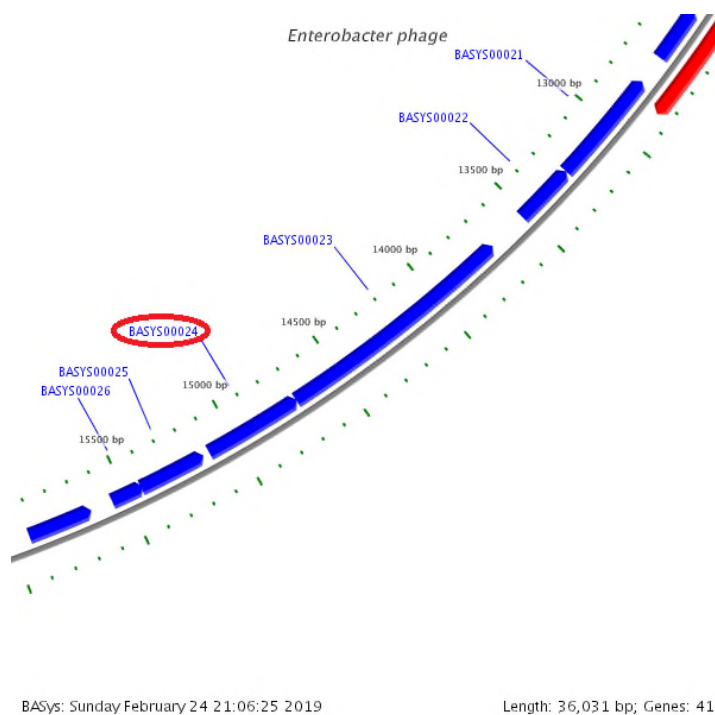


Рисунок 290 - Локализация BASYS00024 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

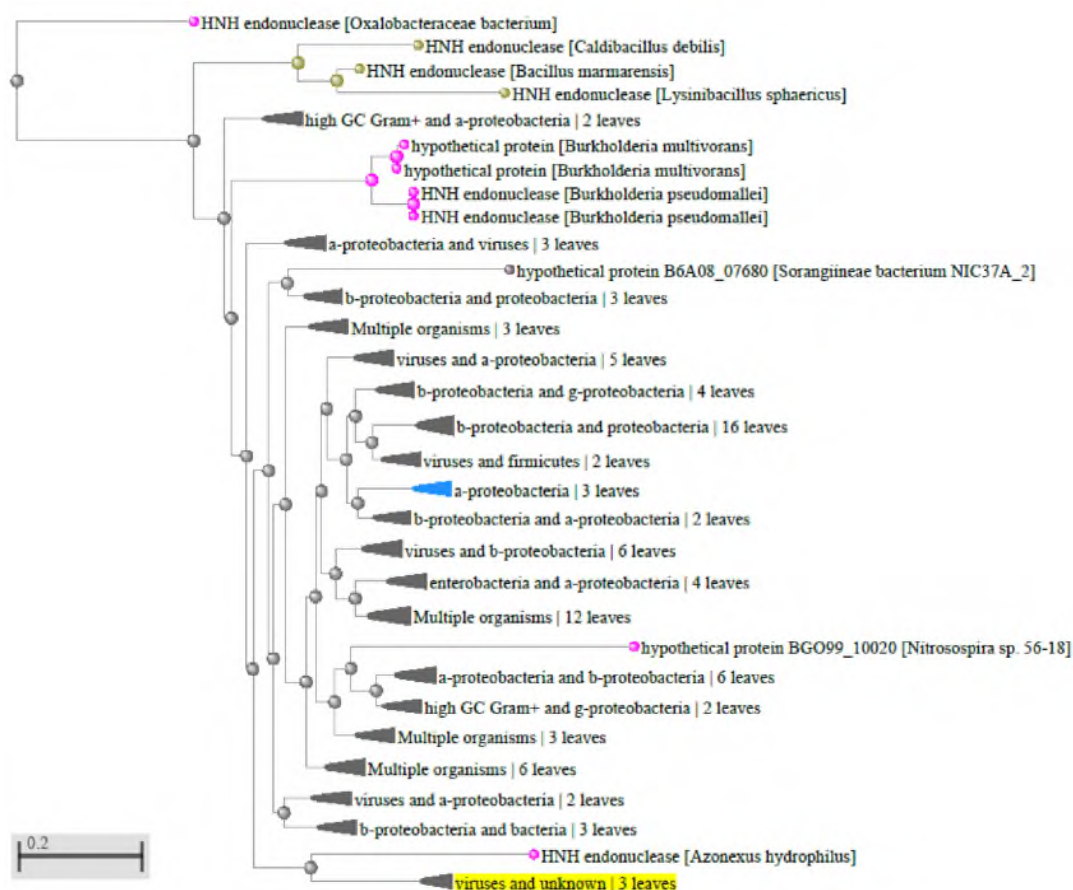


Рисунок 291 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00024 бактериофага Enterobacter phage E7

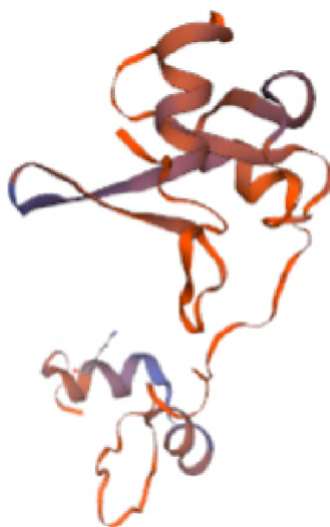


Рисунок 292 - Конформационная структура BASYS00024 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00025**

Таблица 159 - Данные о протеине BASYS00025 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:58:40 GMT
Entry ID	BASYS00025.1
Accession No.	BASYS00025
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	15430-15146 (Counterclockwise)

Centisome Position	42.83
Gene Name	BASYS00025
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gcgattcagtggtcaacgagcatggcgaacagtggaagagcgccgtgaccgcatgaaga aacgccacaagcaacagcgcggtaactcacagaaacggga
Gene Sequence	gtggaactaatgatgggacgtatctatagcggcaacctgcacgattacaaagatgcbgta gcbgctctacaggaagaccatgacgtgaccgtgaaggtggagtcattcagctatgaaaac ccagcgaagatgtgcaggtcatccggtgaggctctacgtgtgttcacacgctcagggcat ttggttgcattcagaaccttcgagcacagcgcagcagatgtgcaaatcaacgcbgagact gcatggctccgtaaggttcacagcgaattgaaacactggaagtaa
GC Content [Percent]	51.58
Preceding Gene	BASYS00024
Following Gene	BASYS00026
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00025
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_94_residues MELMMGRIYSGNLHDYKDAVARLQEDHDVTVKVESFSYENPAKMCRSS- GEALRVFTRSGH LVASRTFEHSDSDVQINAQTAWLRKVHSDLKHWK

	>Mature_94_residues MELMMGRIYSGNLHDYKDAVARLQEDHDVTVKVESFSYENPAKMCRSS- GEALRVFTRSGH LVASRTFEHSDSDVQINAQTAWLRKVVHSDLKHWK
No. of Amino Acids	Translated: 94 ; Mature: 94
Cys/Met Content	1.1 %Cys (Translated) 4.3 %Met (Translated) 5.3 %Cys+Met (Translated) 1.1 %Cys (Mature) 4.3 %Met (Mature) 5.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10851 ; Mature: 10851
Theoretical pI	Translated: 7.77 ; Mature: 7.77
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown

Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available

Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

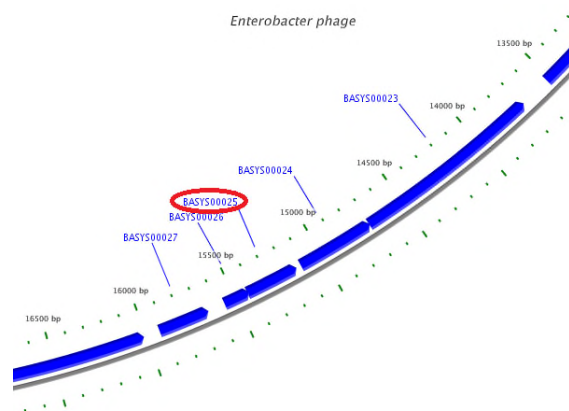




Рисунок 293 - Локализация BASYS00025 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

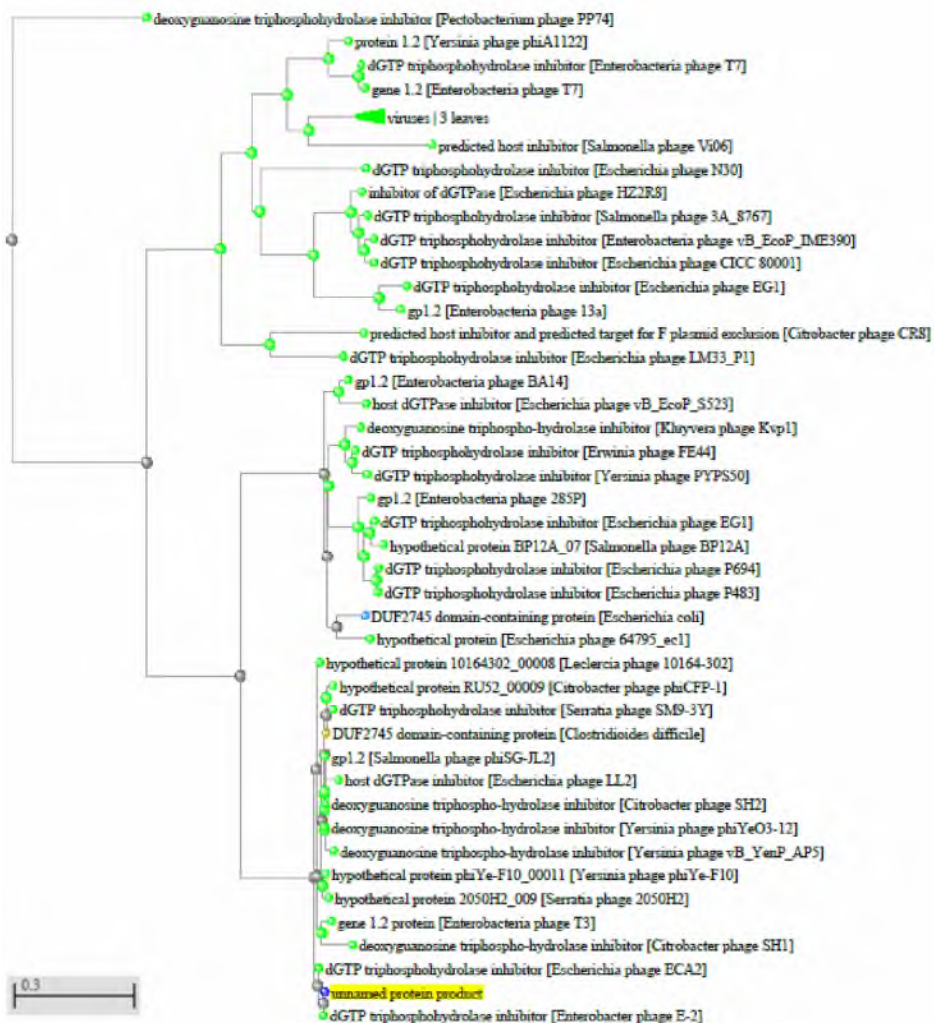


Рисунок 294 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00025 бактериофага Enterobacter phage E7

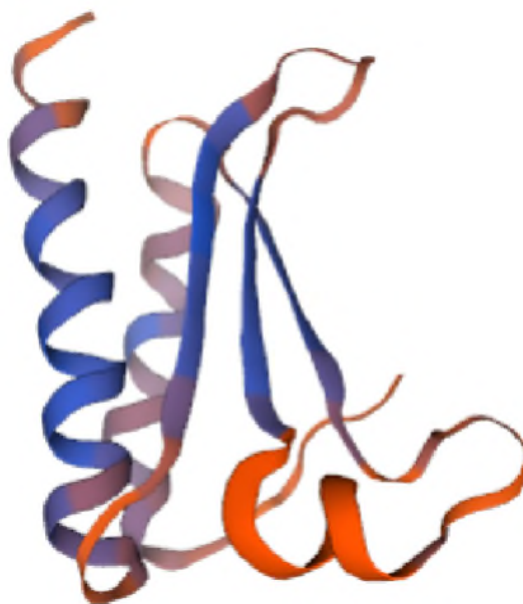


Рисунок 295 - Конформационная структура BASYS00025 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00026**

Таблица 160 - Данные о протеине BASYS00026 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:58:56 GMT
Entry ID	BASYS00026.1
Accession No.	BASYS00026
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	15561-15421 (Counterclockwise)
Centisome Position	43.19

Gene Name	BASYS00026
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases acagttaaccctcactaacgggagagttaaacttaaggatcatcaacaacggtggcctttg tgattaactttcaatacacatcaacatgaggtaagatact
Gene Sequence	atgcgtaccaactttgagaaatttaccaagcgcgattcagtggtcaacgagcatggcgaa cagtggaagagcgcgctgaccgcatgaagaaacgccacaagcaacagcgcggttaact- ca cagaaacgggagtggaactaa
GC Content [Percent]	51.77
Preceding Gene	BASYS00025
Following Gene	BASYS00027
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00026
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_46_residues MRTNFEKFTKRDSVVNEHGEQWQERRDRMKKRHKQQRGNSQ- KREWN >Mature_46_residues MRTNFEKFTKRDSVVNEHGEQWQERRDRMKKRHKQQRGNSQ- KREWN

No. of Amino Acids	Translated: 46 ; Mature: 46
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 4.3 %Met (Translated) 4.3 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 4.3 %Met (Mature) 4.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 5902 ; Mature: 5902
Theoretical pI	Translated: 11.58 ; Mature: 11.58
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available

Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

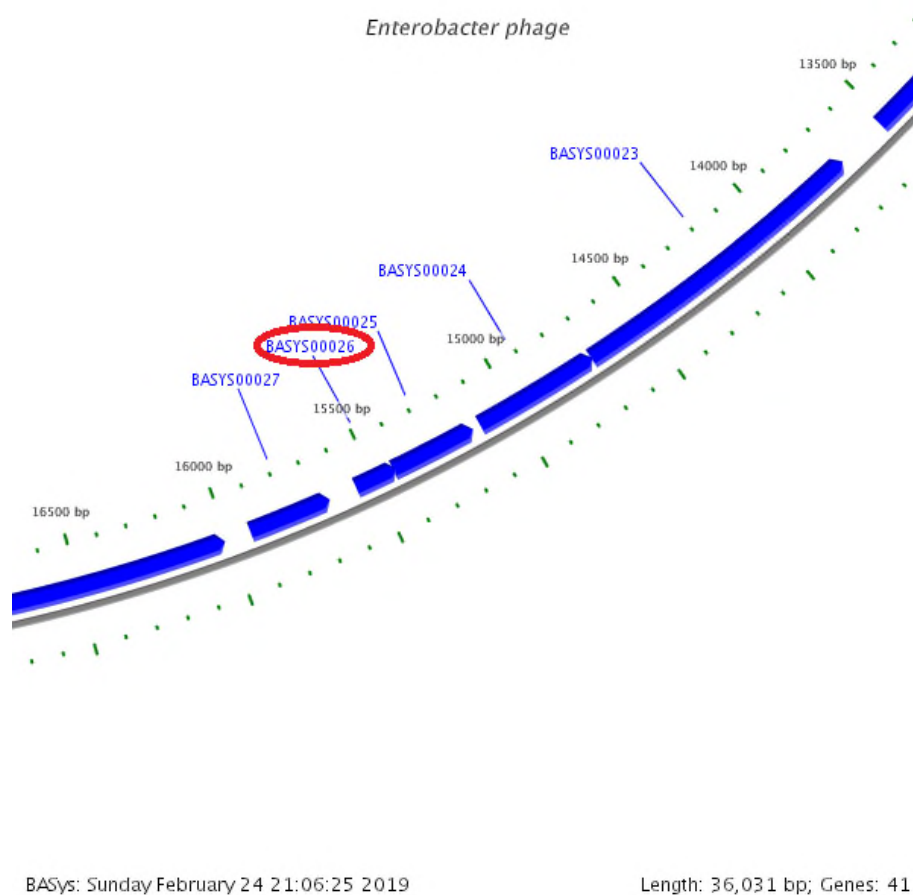


Рисунок 296 - Локализация BASYS00026 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

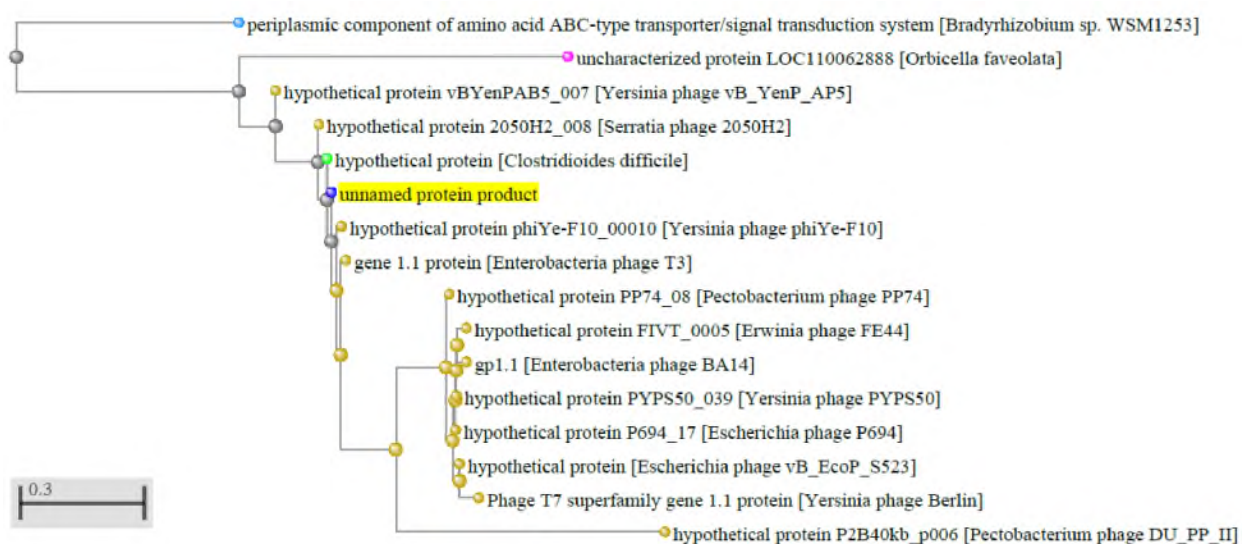


Рисунок 297 -Филогенетическое дерево гомологов BASYS00026 бактериофага Enterobacter phage E7

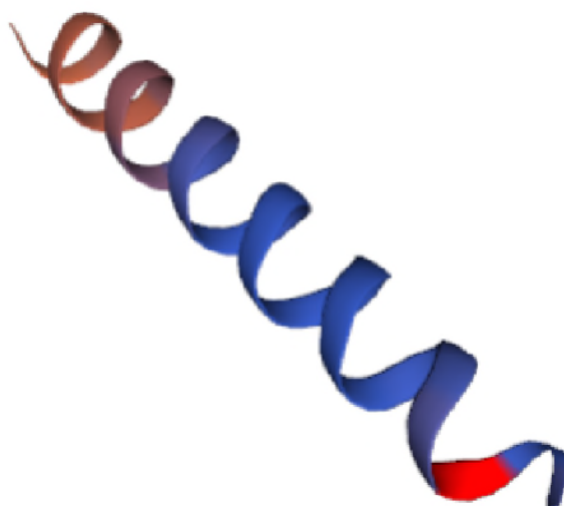


Рисунок 298 - Конформационная структура BASYS00026 бактериофага Enterobacter phage E7(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## BASYS00027

Таблица 161 - Данные о протеине BASYS00027 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:59:8 GMT
---------------	-----------------------

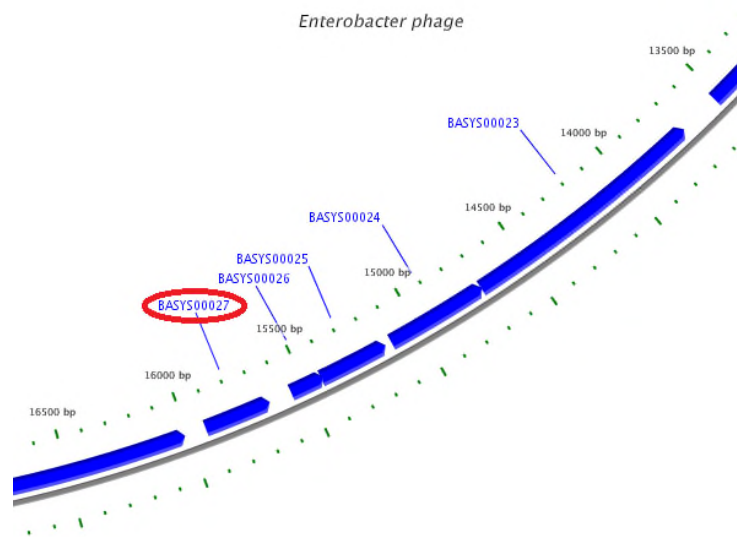
Entry ID	BASYS00027.1
Accession No.	BASYS00027
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	15926-15654 (Counterclockwise)
Centisome Position	44.20
Gene Name	BASYS00027
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttgcctttgcataacaagcacttagcattaaccctcactaacgggagactacttaaggtc tcccactttaagacactttaggtactaagagattaaattt
Gene Sequence	atgattaacattaagactttccttaagaacatctttaagttaaaccgcttgacttccggt aagtctacgcttggatgcccggtagtgatgacctccgcaagactgaatttaagtaggc ttagggccgtgctggcaaggtggtcacgaagttggaatgttactcaacgtcctccgggatg gtcatctccagaccactgaggacaacgaaacgaaatccttctactaccctaaaggttca acgtgtggtcgtatcgaacggacatacagttaa
GC Content [Percent]	45.42
Preceding Gene	BASYS00026
Following Gene	BASYS00028
Operon Status	Not Available



Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00027
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_90_residues MINIKTFLKNIFKLNRLTSVKFYAWMPGSDDLKTEFKLGLGPCGKVVT- KLECYSTSSGM VIFQTTEDNETKSFYYPKGSTCGRIERTYS >Mature_66_residues WMPGSDDLKTEFKLGLGPCGKVVTKLECYSTSSGMVIFQTTEDNETK- SFYYPKGSTCGR IERTYS
No. of Amino Acids	Translated: 90 ; Mature: 66
Cys/Met Content	3.3 %Cys (Translated) 3.3 %Met (Translated) 6.7 %Cys+Met (Translated) 4.5 %Cys (Mature) 3.0 %Met (Mature) 7.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10312 ; Mature: 7426
Theoretical pI	Translated: 9.72 ; Mature: 8.02
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available

Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 299 - Локализация BASYS00027 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

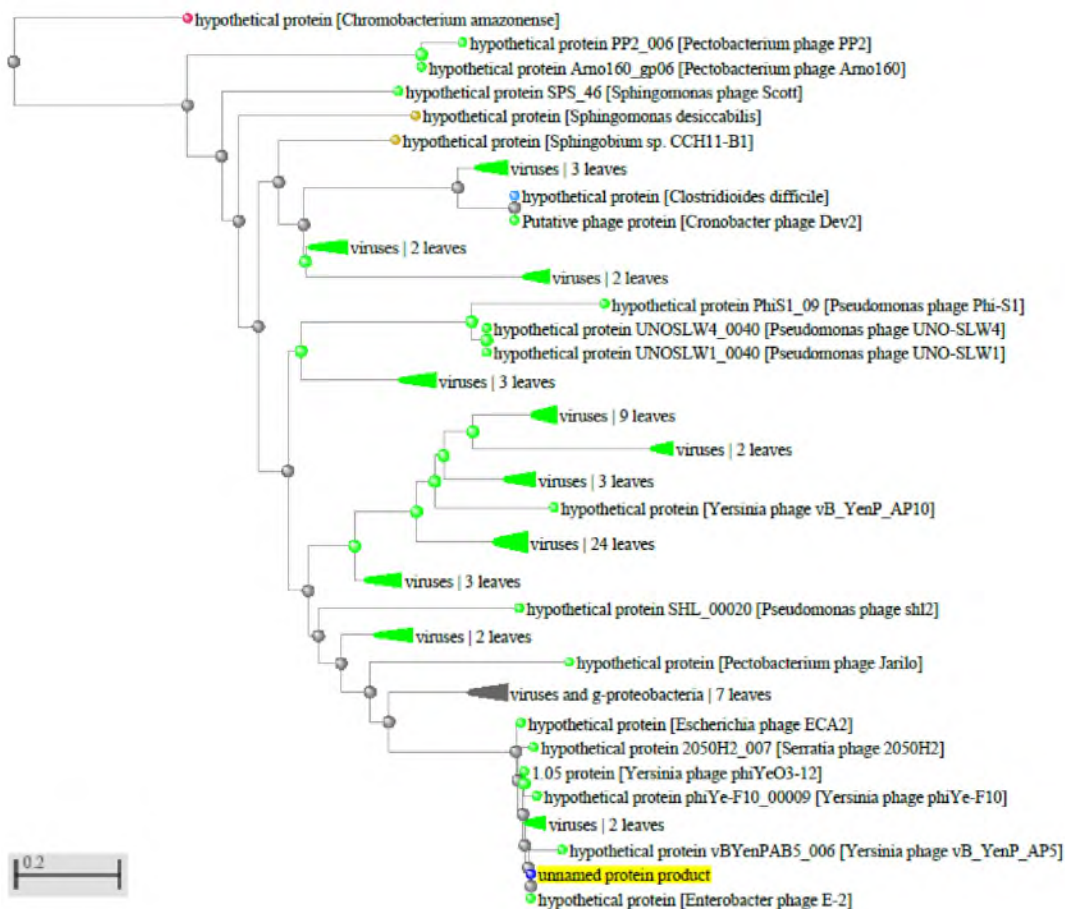


Рисунок 300 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00027 бактериофага *Enterobacter phage E7*



Рисунок 301 - Конформационная структура BASYS00027 бактериофага Enterobacter phage E7

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00028**

Таблица 162 - Данные о протеине BASYS00028 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 20:59:24 GMT
Entry ID	BASYS00028.1
Accession No.	BASYS00028
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	18694-16013 (Counterclockwise)
Centisome Position	51.88
Gene Name	BASYS00028

Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttctttaacaatctggataatagctcttgagtgcacgaatagcggataactcaagggtat cgcaagggtgccctttatgatatccactaacactacacaca
Gene Sequence	atgaggctacacacaatgaggcaacaatgaacatcatcgaaaacatcgaaaagaatgac ttctccgaaatcgaactggctgctatcccgttcaacacgctggcagaccactacggtagc gcactggcccgtgaacaactggccttagagcatgagtcctatgagctaggtgagcgccgc ttcctcaagatgcttgagcgtcaagcgaagctggtagattgcagacaacgcagccgct aagccattactcgtacgcttctcctaagttaaccgcacgcatcgttgagtggctcgaa gagtacgcatcgaagaaaggccgcaagcctagcgcatacgcaccgctccagtactcaag ccggaggcctccgcgtttatcacctgaaagtatccttgcactgaccagcacgaac atgacaaccattcaggccgtgctggatgctggggaaggccattgaggatgaggcacgt ttcgggctatccgtgacctgaaagcgaagcacttcaagaagcacgttgaggacaactc aacaagcggcagggcaagtctacaagaaagcctttatgcaggtggttgaggcagacatg attggtcggggctgctgggaggtgaggcgtggtctagctgggacaaggaaaccacgatg cacgtagggattcgctgattgaaatgctgattgaatccacgggtctggtggaattacag cgccacaacgcaggtaacgcaggctctgacctgaggcactgcaactggcccaagagtac gtcgatgtgtagcgaagcgtgcgggagcactggctggcatctctccgatgttccaaccg tgtgtcgtaccgccgaaacctgggtatcaatcacaggtggcggctattgggctaaccgt cgcagaccttggcactcgttcgactcactctaagaaggactgatgcgctatgaggat gtttacatgccagaagtttacaaggcggtaacatcgacagaacaccgcatggaaaatc aacaagaaagttctgcggttgaatgagattgtgaactggaagaattgcccggctgca gacattccatctctggagcgccaagagttaccgcctaagccggacgacattgacaccaac gaggcagcactcaaggagtgaagaaagccgccgctggatctaccgcttgacaaggca cgagtgtctcgccgatcagcttagagttcatgctggagcaggccaacaagttcgaaac aagaaagcaatctggttcccttacaacatggactggcgcggctcgtgtgtacgctgtgccg atgttcaaccgcaaggcaacgacatgaccaagggtctcctaaccctcgctaaaggcaag ccaatcggtaggaagggttctactggctgaaaatccacggtgcaactgtgcgggtgtc gataagggtcctttccctgagcgcacatcgcttcattgagaagcacgtagacgacattctg gcttgcgctaaagaccaatcaataacacttgggtgggcccagcaggattcacctttctgt ttctcgcgttctgcttcgagatgcaggagttgcgcaccacggctgagctacaattgc tctctgccgctggcgttcgatgggtccttctctggatccagcacttctccgcatgcta cgcgatgaggtaggcggctcgtgcggttaaccttctccaagcgaaccgtgcaggacatt tacggcatcgttcacagaaagtaaacgagatttcaaacaggatgcaatcaacggcaca cctaacgagatgattaccgtgaccgacaaggacacaggggaaatctcagagaagctcaag

	<p>ctgggaacctcaacgctggcgcaacagtggtggcatatggtgtaaccgtagcgtact  aaacgttcggtcatgacgctggcttacggttctaaggagtttgcttctgcaacaggt  ctggatgacaccattcagcctgcgattgacagcggtaagggtgatgttcaccaacct  aaccaagcggctggctatatggctaagctgatttgggacgcggtgagtgtagcgtatg  gcagcgggtgaggcgatgaactggctcaagtctgccgctaagctgctggctgtaggct  aaggacaagaagaccaaggagattctgcccaccggtgcgcggttactggactacgccg  gacggctcccggctggtgaggaataccgcaagccactccagaagcgtctcgatgatt  ttcttagggcaattccgtctgcaaccgacgattaataccctcaaggattcaggcattgac  gcacacaagcaggagtctggcatcgctcctaactttgtccactcacaggacggtagccac  ctccgatgacagtagttatgctcacgagaagtatggcattgagtcctttgcgctcatc  catgacagctttgggactattccggcagacgctggttaagctctttaaggctgtgctgaa  acgatggttctcacctacgagaacaacgatgtgctggcagacttctatgaccagtttga  gaccaattgcacgagaccaactggacaagatgcctccgcttccgaagaaagggaacctg  aacctgcaagacattctcaagtctgactttgcctttgcataa</p>
GC Content [Percent]	53.36
Preceding Gene	BASYS00027
Following Gene	BASYS00029
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA-Directed RNA Polymerase
Alternate Protein Names	DNA-Dependent RNA Polymerase ; DNA-Dependent RNA Polymerase Domain Protein ; RNA-Polymerase
Sequence	<p>&gt;Translated_893_residues  MRLHTMRQTMNIIENIEKNDFSEIELAAIPFNTLADHYGSALAREQLALEHE-  SYELGERR  FLKMLERQAKAGEIADNAAKPLLATLLPKLTARIVEWLEEYASKKGRKP-  SAYAPLQLLK  PEASAFITLKVILASLTSTNMTTIQAAAGMLGKAIEDEARFGRIRD-</p>

LEAKHFKKHVVEQL  
NKRHGQVYKKAFMQVVEADMIGRGLLGGEAWSSWDKETTMMHVGIRLIE-  
MLIESTGLVELQ  
RHNAGNAGSDHEALQLAQEYVDVLAKRAGALA-  
GISPMFQPCVPPKPWVSITGGGYWANG  
RRPLALVRTHSKKGLMRYEDVYMPEVYKAVNIAQNTAWKINKKVLAVV-  
NEIVNWKNCPVA  
DIPSLERQELPPKPDDIDTNEAALKEWKKAAGIYRLDKARVSRRLSLEF-  
MLEQANKFAN  
KKAIWFPYNMDWRGRVYAVPMFNPQGNDMTKGLLTLAKGKPIGEEG-  
FYWLKIHGANCAGV  
DKVPPERIAFIEKHVDDILACAKDPINNTWWAEQDSPFCFLAFCFEYA-  
GVAHHGLSYNC  
SLPLAFDGSCSGIQHFSAMLRDEVGGRAVNLLPSETVQDIYGIVAQKV-  
NEILKQDAINGT  
PNEMITVTDKDTGEISEKLLGTSTLAQQWLAYGVTRSVTKRSVMTLAYG-  
SKEFGFRQQV  
LDDTIQPAIDSGKGLMFTQPNQAAGYMAKLIWDAVSVTVVAA-  
VEAMNWLKSAKLLAAEV  
KDKKTKEILRHRCVHWTPDGFVWQEYRKPLQKRLDMIFLGQFRLQP-  
TINTLKDSGID  
AHKQESGIAPNFVHSQDGSHLRMTVVYAHEKYGIESFALIHDSFGTIPA-  
DAGKLFKAVRE  
TMVLTYENNDVLADFYDQFADQLHETQLDKMPPLPKKGNLNLQDILKSD-  
FAFA  
>Mature\_893\_residues  
MRLHTMRQTMNIIENIEKNDFSEIELAAIPFNTLADHYGSALAREQLALEHE-  
SYELGERR  
FLKMLERQAKAGEIADNAAKPLLATLLPKLTARIVEWLEEYASKKGRKP-  
SAYAPLQLLK  
PEASAFITLKVILASLTSTNMTTIQAAAGMLGKAIEDEARFGRIRD-  
LEAKHFKKHVVEQL  
NKRHGQVYKKAFMQVVEADMIGRGLLGGEAWSSWDKETTMMHVGIRLIE-  
MLIESTGLVELQ  
RHNAGNAGSDHEALQLAQEYVDVLAKRAGALA-  
GISPMFQPCVPPKPWVSITGGGYWANG  
RRPLALVRTHSKKGLMRYEDVYMPEVYKAVNIAQNTAWKINKKVLAVV-



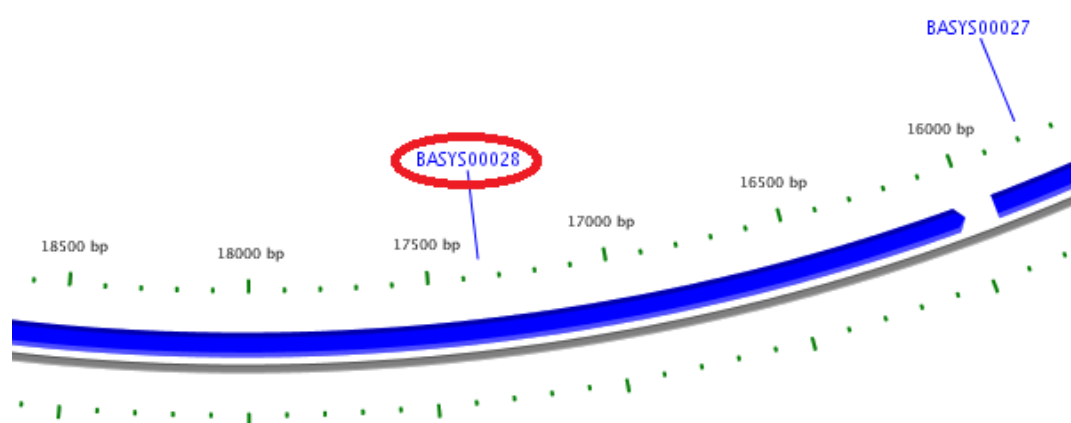
	NEIVNWKNCPVA DIPSLERQELPPKPDDIDTNEAALKEWKKAAGIYRLDKARVSRRISLEF- MLEQANKFAN KKAIWFPYNMDWRGRVYAVPMFNPQGNDMTKGLLTLAKGKPIGEEG- FYWLKIHGANCAGV DKVPFPERIAFIEKHVDDILACAKDPINNTWWAEQDSPFCFLAFCFEYA- GVAHHGLSYNC SLPLAFDGSCSGIQHFSAMLRDEVGGRAVNLLPSETVQDIYGIVAQKV- NEILKQDAINGT PNEMITVTDKDTGEISEKLLGTSTLAQQWLAYGVTRSVTKRSVMTLAYG- SKEFGFRQQV LDDTIQPAIDSGKGLMFTQPNQAAGYMAKLIWDAVSVTVVAA- VEAMNWLKSAAKLLAAEV KDKKTKEILRHRCVHWTPDGFVWQEYRKPLQKRLDMIFLGQFRLQP- TINTLKDSGID AHKQESGIAPNFVHSQDGSHLRMTVVYAHEKYGIESFALIHDSFGTIPA- DAGKLFKAVRE TMVLTYENNDVLADFYDQFADQLHETQLDKMPPLPKKGNLNLQDILKSD- FAFA
No. of Amino Acids	Translated: 893 ; Mature: 893
Cys/Met Content	1.0 %Cys (Translated) 3.0 %Met (Translated) 4.0 %Cys+Met (Translated) 1.0 %Cys (Mature) 3.0 %Met (Mature) 4.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 99985 ; Mature: 99985
Theoretical pI	Translated: 7.85 ; Mature: 7.85
Pfam Domain/Func-	Not Available

tion																															
Signals	Not Available																														
Transmembrane Regions	Not Available																														
Secondary Structure	Not Available																														
PROSITE Motif	<a href="#">PS00900</a> RNA_POL_PHAGE_1 ; <a href="#">PS00489</a> RNA_POL_PHAGE_2																														
Specific Function	Unknown																														
Metabolic Importance	Not Available																														
COG Function	Not Available																														
COG ID	Not Available																														
Gene Ontology	Not Available																														
Cell Location	Cytoplasmic																														
Similarity	Not Available																														
Homologues	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Organism</th> <th>Length</th> <th>E-Value</th> <th>% Ident</th> <th>Accession</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Homo sapiens</td> <td>788</td> <td>3e-69,</td> <td>27.66</td> <td><a href="#">GI110618253</a></td> </tr> <tr> <td>Caenorhabditis elegans</td> <td>601</td> <td>1e-52,</td> <td>26.96</td> <td><a href="#">GI193203364</a></td> </tr> <tr> <td>Caenorhabditis elegans</td> <td>613</td> <td>7e-52,</td> <td>27.08</td> <td><a href="#">GI193203366</a></td> </tr> <tr> <td>Saccharomyces cerevisiae</td> <td>786</td> <td>2e-75,</td> <td>29.90</td> <td><a href="#">GI6321072</a></td> </tr> <tr> <td>Drosophila melanogaster</td> <td>647</td> <td>3e-55,</td> <td>27.51</td> <td><a href="#">GI20129143</a></td> </tr> </tbody> </table>	Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession	Homo sapiens	788	3e-69,	27.66	<a href="#">GI110618253</a>	Caenorhabditis elegans	601	1e-52,	26.96	<a href="#">GI193203364</a>	Caenorhabditis elegans	613	7e-52,	27.08	<a href="#">GI193203366</a>	Saccharomyces cerevisiae	786	2e-75,	29.90	<a href="#">GI6321072</a>	Drosophila melanogaster	647	3e-55,	27.51	<a href="#">GI20129143</a>
	Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession																										
	Homo sapiens	788	3e-69,	27.66	<a href="#">GI110618253</a>																										
	Caenorhabditis elegans	601	1e-52,	26.96	<a href="#">GI193203364</a>																										
	Caenorhabditis elegans	613	7e-52,	27.08	<a href="#">GI193203366</a>																										
Saccharomyces cerevisiae	786	2e-75,	29.90	<a href="#">GI6321072</a>																											
Drosophila melanogaster	647	3e-55,	27.51	<a href="#">GI20129143</a>																											
Paralogues	Not Available																														

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Enterobacter phage*



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 302 - Локализация BASYS00028 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

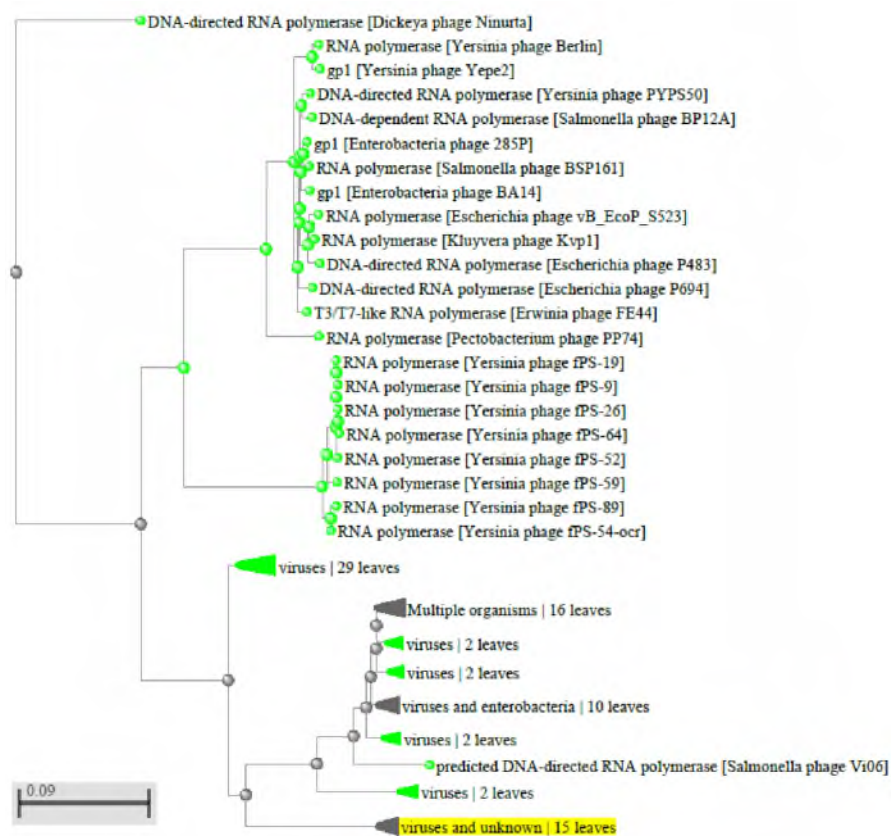


Рисунок 303 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00028 бактериофага Enterobacter phage E7

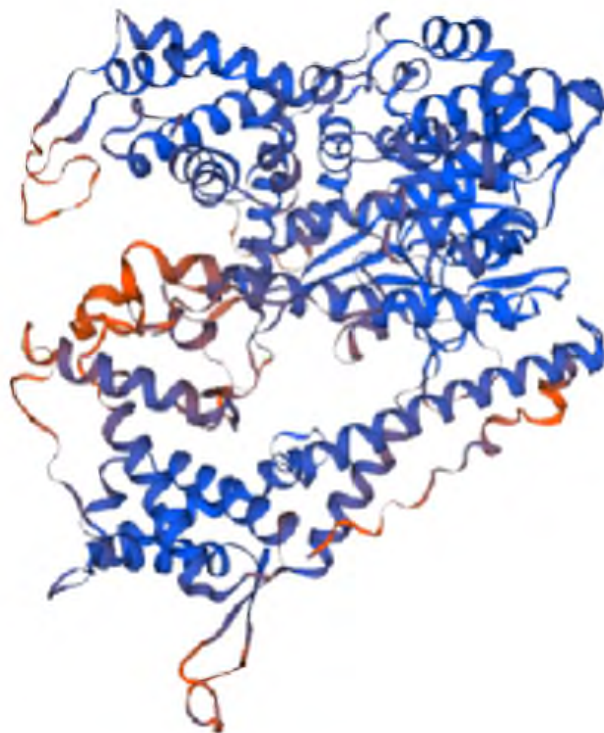


Рисунок 304 - Конформационная структура BASYS00028 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00029**

Таблица 163 - Данные о протеине BASYS00029 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:0:21 GMT
Entry ID	BASYS00029.1
Accession No.	BASYS00029
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	22097-20334 (Counterclockwise)
Centisome Position	61.33
Gene Name	BASYS00029
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gccgaactacacgagtcagatgctaagcgtattatcggaataaccaagctgctgatgct cacgtaagggcgctccagcgtactattaaggagatgcaga
Gene Sequence	atgagcgacaccaagcaaaccgtaatgcgctaatcatcgcgcaacttaagggtgacttc gtggccttctgttcgattgtggaaggcttggctctcccgccaccgactaagtgctcag attgatatggccggtgtctagctaacggagacaacaagaagttatcctacaggctttc cgtggatcggtaagtccttcatcacctgtgcttctgtgtggacgttatggcgtgac cctcagttgaagatactgattgtctctgcatcaaagaacgtgcggaagcctaactccatc ttcatcaagaacatcattgacctgctaccattcttggctgagctaaagcctcgccccggt cagcgtgactctgtgattagttcgatgttggcctgccaagcctgaccactctcgtct gtgaagtcggtgggtatcactggctcagttgactggtagccgtgctgatcatcatagcg

	<p>gatgacgttgagattccgtctaactccgcaactcaaggtgcccgtagagaagctgtggact  ctggtgcaggaatttgctgcgcttctgaaaccgctgccgacttctcgcttatctacctt  ggtacgcctcaaaccgaaatgaccttgtaacaaggaactcgaagataaccgtgggtacacc  acaatcatctggcctgcgctctatccgctagccgtgaggaagactgtactatggcgac  cgtctggccccgatgctccgcaagagttcaacgatgggttcgagatgctccaaggtcaa  ccgactgaccccgcttcgcttcgatatggaagacctgcgtgagcgtgagttggaatacgg  aaggctggcttcactttgagttcatgctcaaccgaacctgagtgatgccgagaagtac  cccttacgcctccgtgacgctatcgtgtgcggtctggacttcgagaaagcccaatgcat  taccagtggcttccgaaccgtcagaatcgaatgaagagcttctaactgggccttaag  ggtgatgatattcatagctatcattcgtgcagccagaacactggacagtaccaacaacgc  atcctcgtgattgaccaagtggctgcggttaaggatgagacaggttatgcagtgtgttc  accctgaatggctacatctatctgatggaagctggcgggttccgcatggttattccgat  aagacccttgagtccctcgtcgaagaaagcgaagcagtggaaggttcagacagtggtcttc  gagagtaacttcggggatggtatgtttgtaaggtattcagccctgtgctcctgaaacac  catgcagcgcaactgaagagattcgtgctcgcggtatgaaggaactacgcatttgat  acgctggagcctgtactctctacgcaccgcttgattcgtgacgaggtgattcgtgag  gactaccagactgcccgtagcgtgatggcaagcatgatgttcgctattcactgttctac  cagttgaccgcatggcccgtgagaagggcgctgtggcacatgacgaccgacttgatgcg  ttagcattgggtgtggagttttacgctctacgatggaactggacgccgtgaaggtggag  gctgaggtgcttgaggcgttcttagaggaacacatggagcacccaatccattcggctggt  catgtagttacctctatggttgacggtatggaactctattgggaggatgacgatgtgaat  agcaacaggttcattgactggtag</p>
GC Content [Percent]	52.21
Preceding Gene	BASYS00028
Following Gene	BASYS00030
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein Aasi
Alternate	None

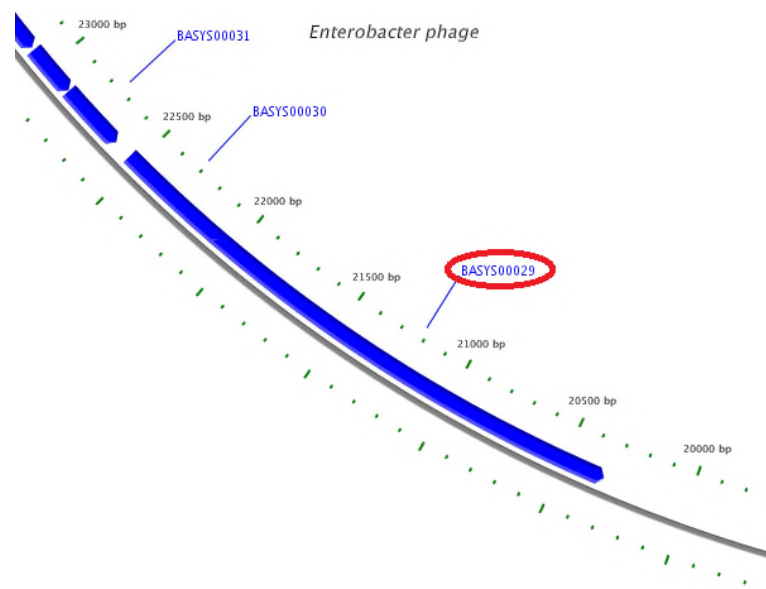
Protein Names	
Sequence	<p>&gt;Translated_587_residues</p> <p>MSDTQANRNALIIAQLKGDFAFLFVLWKALALPPPTKCQIDMARC- LANGDNKKFILQAF</p> <p>RGIGKSFITCAFVWTLWRDPQLKILIVSASKERADANSIFIKNIIDLLP- FLAELKPRPG</p> <p>QRDSVISFDVGPAPDHSPSVKSVGITGQLTGSRADIIIADDVEIPNSATQ- GAREKLWT</p> <p>LVQEFAALLKPLPTSRVIYLGTPQTEMTLYKELEDNRGYTTIWPALYPRS- REEDLYYGD</p> <p>RLAPMLREEFNDGFEMLQGQPTDPVRFDMEDLRERELEYG- KAGFTLQFMLNPNLSDAEKY</p> <p>PLRLRDAIVCGLDFEKAPMHYQWLPNRQNRNEELPNVGLKGDDIH- SYHSCSQNTGQYQQR</p> <p>ILVIDPSGRGKDETGYAVLFTLNGYIYLMEAGGFRDGYSDKTLESLAK- KAKQWKVQTVVF</p> <p>ESNFGDGMFGKVFSPVLLKHAAQLEEIRARGMKELRICDTLEPVLSTHRL- VIRDEVIRE</p> <p>DYQTARDADGKHDVRYSLFYQLTRMAREKGAVAHDRLDALAL- GVEFLRSTMELDAVKVE</p> <p>AEVLEAFLEEHMEHPIHSAGHVVTSMVDGMELYWEDDDVNSNRFIDW</p> <p>&gt;Mature_555_residues</p> <p>LPPPTKCQIDMARCLANGDNKKFILQAFRGIGKSFIT- CAFVWTLWRDPQLKILIVSASK</p> <p>ERADANSIFIKNIIDLLPFLAELKPRPGQRDSVISFDVGPAPDHSPSVKSV- GITGQLTG</p> <p>SRADIIIADDVEIPNSATQGAREKLWTLVQEFAALLKPLPTSRVIYLGTPQ- TEMTLYKE</p> <p>LEDNRGYTTIWPALYPRSREEDLYYGDRLAPMLREEFNDG- FEMLQGQPTDPVRFDMEDL</p> <p>RERELEYGKAGFTLQFMLNPNLSDAEKYPLRLRDAIVCGLDFEKAPM- HYQWLPNRQNRNE</p> <p>ELPNVGLKGDDIHSYHSCSQNTGQYQQRILVIDPSGRGKDETGYAVLFTLN- GYIYLMEAG</p> <p>GFRDGYSDKTLESLAKKAKQWKVQTVVVFESNFGDGMFGKVFSPVLLKH- HAAQLEEIRARG</p> <p>MKELRICDTLEPVLSTHRLVIRDEVIREDYQTARDADGKHDVRYSLFYQLTR-</p>



	MAREKGAV AHDDRLDALALGVEFLRSTMELDAVKVEAEVLEAFLEEHEHPIH- SAGHVVTSMVDGMEL YWEDDDVNSNRFIDW
No. of Amino Acids	Translated: 587 ; Mature: 555
Cys/Met Content	1.0 %Cys (Translated) 2.7 %Met (Translated) 3.7 %Cys+Met (Translated) 1.1 %Cys (Mature) 2.7 %Met (Mature) 3.8 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 66728 ; Mature: 63180
Theoretical pI	Translated: 5.17 ; Mature: 5.09
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown

Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available

Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 305 - Локализация BASYS00029 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

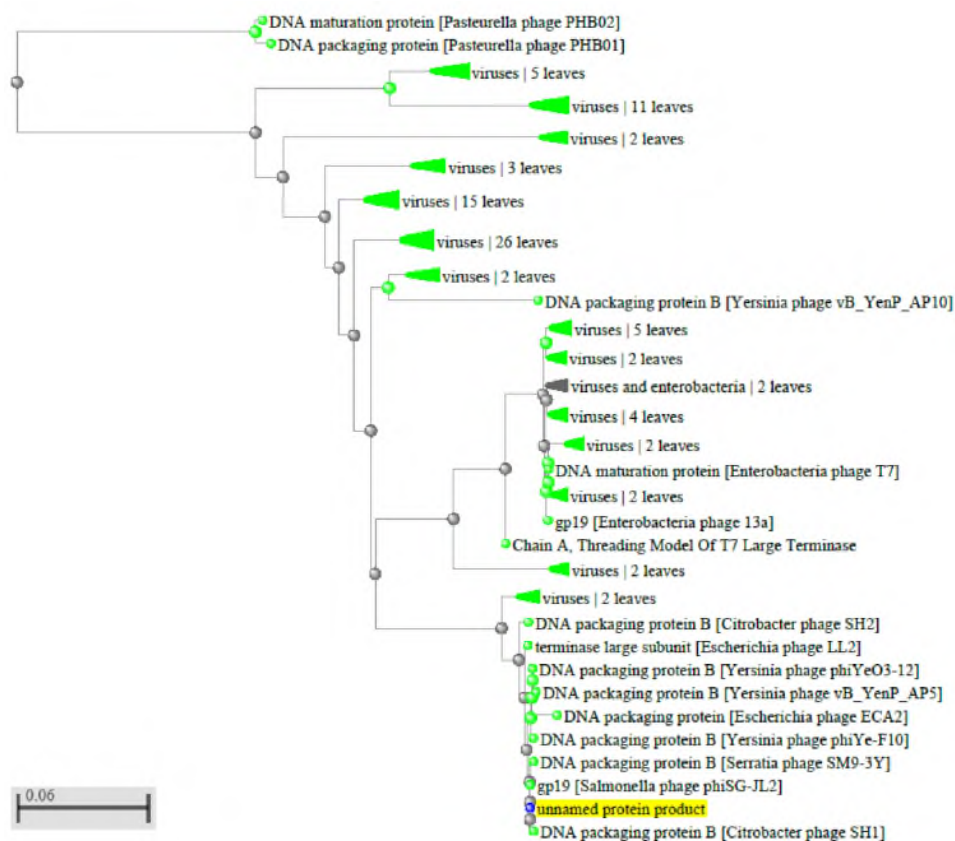


Рисунок 306 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00097 бактериофага Enterobacter phage E7

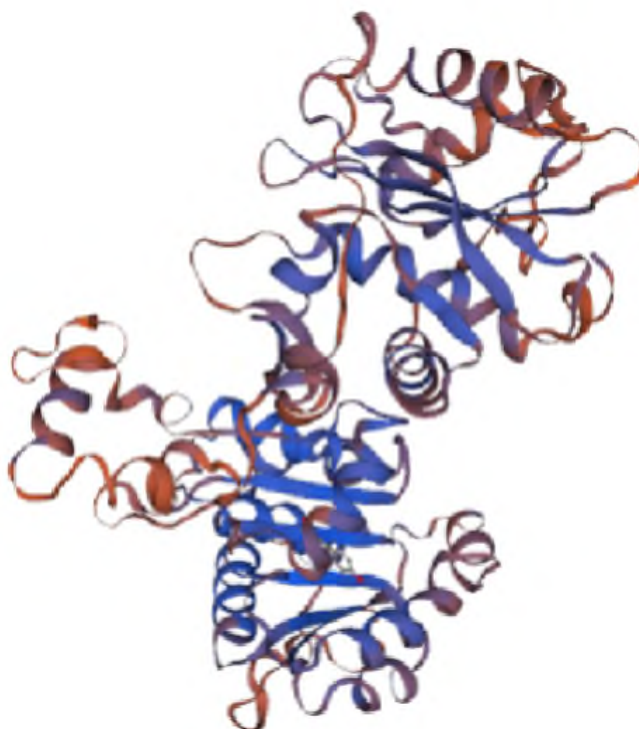


Рисунок 307 - Конформационная структура BASYS00029 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00030**

Таблица 164 - Данные о протеине BASYS00030 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:1:5 GMT
Entry ID	BASYS00030.1
Accession No.	BASYS00030
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	22539-22072 (Counterclockwise)
Centisome Position	62.56
Gene Name	BASYS00030
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases acgatgaaactatcacgctacagtaagtgacatactcaaggttctccactcggagagcct ttatggatggtatttgggtgcatctacgtgaaatctgaaa
Gene Sequence	ttgatgggaggtggtatgctaaaacttttacgcagcgactcccttgggtactcgccggg acactctttatgggtggctggcacttaggggtcaaccatgagagagcaaactggaaggag

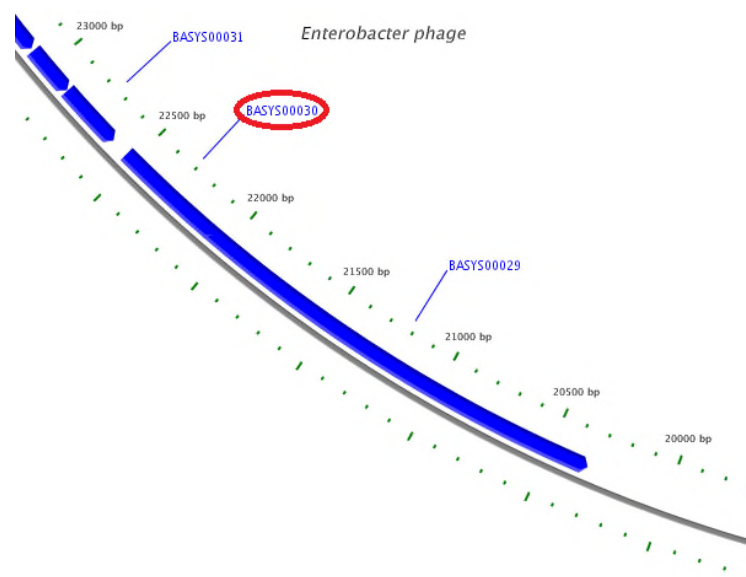
	<p>gtaatccaaaatgaatacattgcgaaaacaaaagcaaccgcagcaactcaggcagaggtc  agtcgggtatcccgtgagtaccaagaagagattgcagccattgaaggcagcactgatagg  atgcttaatgacctgcgtagtaataataagcggctgtcagtcgccatcaaaacccttaca  ggactaccagaagataacggtagatgcgagtttaatggtcgagccgaactacacgagtca  gatgctaagcgtattatcggaataaccaagctgctgatgctcacgtaagggcgctccag  cgactattaaggagatgcagaatgagcgcacaccaagcaaacgtaa</p>
GC Content [Percent]	48.72
Preceding Gene	BASYS00029
Following Gene	BASYS00031
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00030
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_155_residues  MMGGVMLKLLRSALPWVLAGTLFMGGWHLGSTHERANWKEVIQ-  NEYIAKTKATAATQAEV  SRVSREYQEEIAAIEGSTDRMLNDLRSNNKRLSVRIKTLTGLPEDNGRCEF-  GRAELHES  DAKRIIGITQAADAHVRALQRTIKEMQNERHPSKP  &gt;Mature_134_residues  LFMGGWHLGSTHERANWKEVIQNEYIAKTKATAATQAEVSRVSREY-  QEEIAAIEGSTRM  LNDLRSNNKRLSVRIKTLTGLPEDNGRCEFNGRAELHESDAKRIIGITQAA-  DAHVRALQR  TIKEMQNERHPSKP</p>
No. of Amino Acids	Translated: 155 ; Mature: 134

Cys/Met Content	0.6 %Cys (Translated) 3.9 %Met (Translated) 4.5 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 2.2 %Met (Mature) 3.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 17423 ; Mature: 15196
Theoretical pI	Translated: 9.98 ; Mature: 9.17
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available

Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General	Not Available



Reaction	
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 308 - Локализация BASYS00030 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

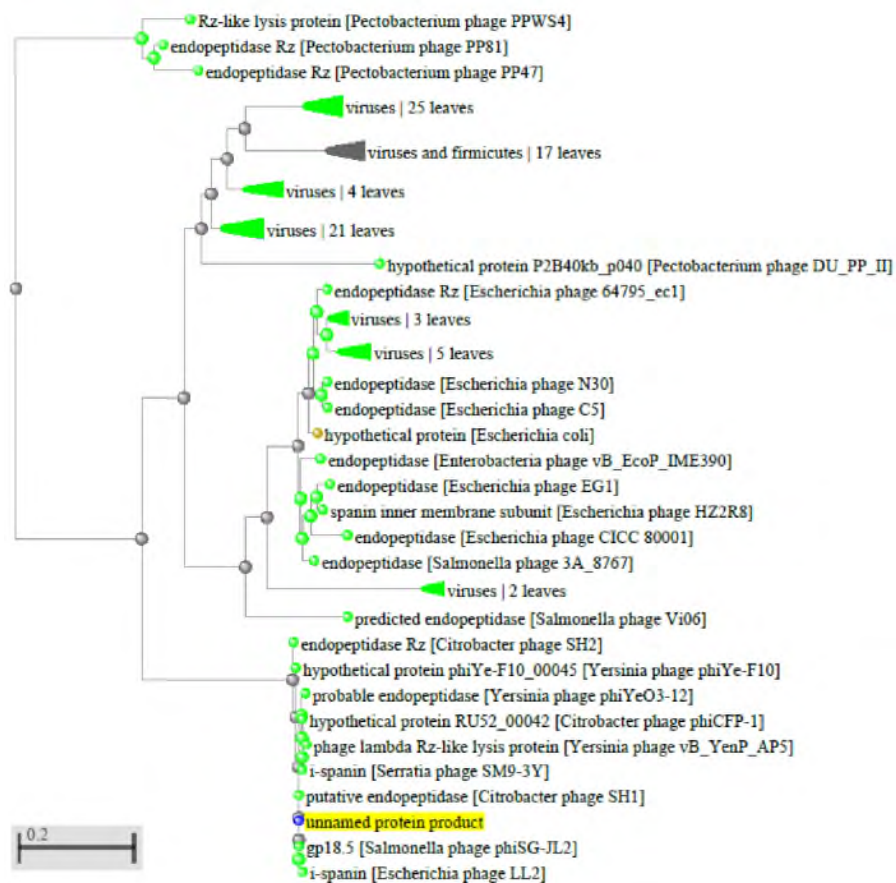


Рисунок 309 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00030 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 310 - Конформационная структура BASYS00030 бактериофага Enterobacter phage E7(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00031**

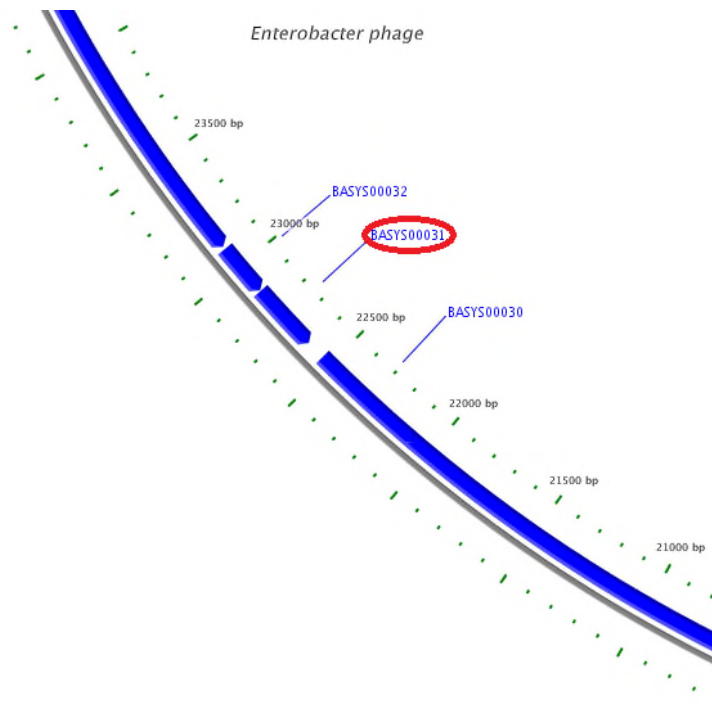
Таблица 165 - Данные о протеине BASYS00031 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:1:24 GMT
Entry ID	BASYS00031.1
Accession No.	BASYS00031
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	22880-22614 (Counterclockwise)
Centisome Position	63.50
Gene Name	BASYS00031
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases atggttctacgttgacgctatcgcctacacagtggttcagattggtgccaaggtagtcga taagatgattgactggaaacgtgcaataaggagtaacct
Gene Sequence	atgagcgacaagactttaatcaagctgctggagatgctagacactgagatggcacagcgt atgcttgctgacctccagagcgaggaacgccgaacgccgacgtttacaacgcaatcggc aaactgtagaccgccataagttccaaatcagtaagctgacaccggacgagaatatcctt ggaggtctcgggctggtctggaagactacaacaaagtggtcggccctaattggtctgact gacgatgaaactatcacgctacagtaa
GC Content [Percent]	50.94

Preceding Gene	BASYS00030
Following Gene	BASYS00032
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00031
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_88_residues  MSDKTLIKLLEMLDTEMAQRMLADLQSEERRTPQLYNAIGKLLDRHKF-  QISKLTPDENIL  GGLAAGLEDYNKVVGPNGLTDDDETITLQ</p> <p>&gt;Mature_87_residues  SDKTLIKLLEMLDTEMAQRMLADLQSEERRTPQLYNAIGKLLDRHKF-  QISKLTPDENILG  GLAAGLEDYNKVVGPNGLTDDDETITLQ</p>
No. of Amino Acids	Translated: 88 ; Mature: 87
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 4.5 %Met (Translated) 4.5 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 3.4 %Met (Mature) 3.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9888 ; Mature: 9757
Theoretical pI	Translated: 4.45 ; Mature: 4.45

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 311 - Локализация BASYS00031 в геноме бактериофага *Enterobacter* phage E7

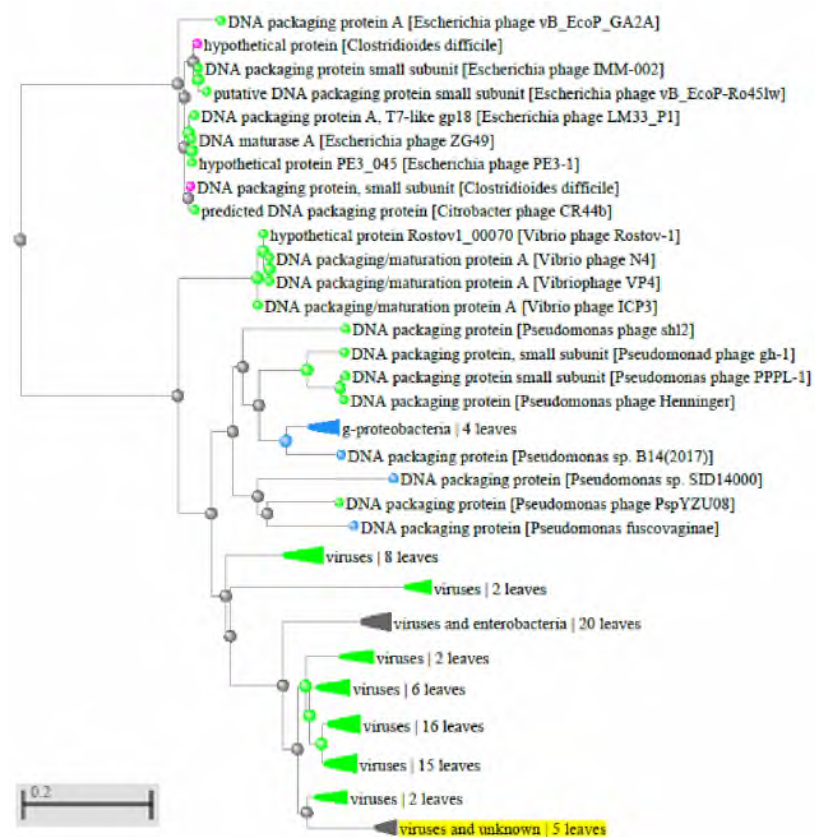


Рисунок 312 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00031 бактериофага *Enterobacter* phage E7



Рисунок 313 - Конформационная структура BASYS00031 бактериофага Enterobacter phage E7

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00032**

Таблица 166 - Данные о протеине BASYS00032 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:1:40 GMT
Entry ID	BASYS00032.1
Accession No.	BASYS00032
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available



Gene Position	23087-22884 (Counterclockwise)
Centisome Position	64.08
Gene Name	BASYS00032
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgaaccagattattggtggactgatgttacttgtaagaacctagacgctcgcgttcagg agcttgaatctaaacttatgacagactaaggagggttaa
Gene Sequence	atgttatccttcgacttcaacaatgaggtcgtaaggctgcgctattgttggcacaggg gtcgtgatggggcggcccgactctttggggactatcgtaaacgaatggttctacgtt gcagctatcgctacacagtgggtcagattggtgccaaggtagtcgataagatgattgac tggaacgtgcaaataaggagtaa
GC Content [Percent]	48.53
Preceding Gene	BASYS00031
Following Gene	BASYS00033
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00032
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_67_residues MLSFDFNNEVVKAAPIVGTGVADGAARLFWGLSLNEWFYVAAIAYTVV- QIGAKVVDK MID

	<p>WKRANKE</p> <p>&gt;Mature_67_residues</p> <p>MLSFDFNNEVVKAAPIVGTGVADGAARLFWGLSLNEWFYVAAIAYTVV- QIGAKVVDKMID</p> <p>WKRANKE</p>
No. of Amino Acids	Translated: 67 ; Mature: 67
Cys/Met Content	<p>0.0 %Cys (Translated)</p> <p>3.0 %Met (Translated)</p> <p>3.0 %Cys+Met (Translated)</p> <p>0.0 %Cys (Mature)</p> <p>3.0 %Met (Mature)</p> <p>3.0 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7407 ; Mature: 7407
Theoretical pI	Translated: 6.67 ; Mature: 6.67
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0x15be9be4)-
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown

Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available

Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	7.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

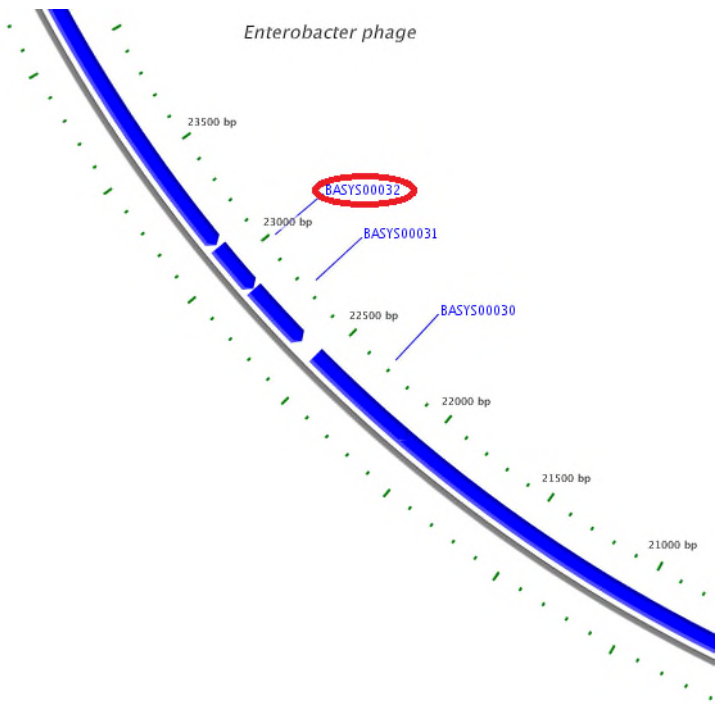


Рисунок 314 - Локализация BASYS00032 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

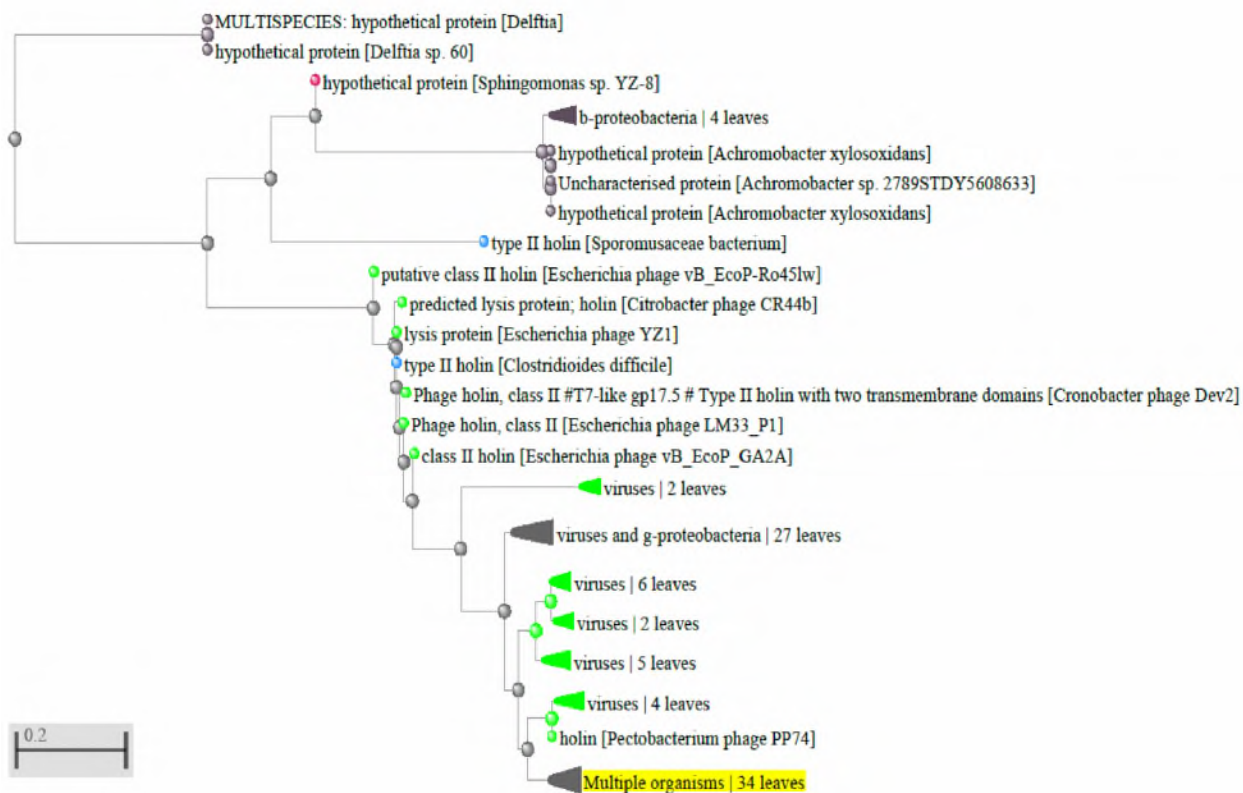


Рисунок 315 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00032 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 316 - Конформационная структура BASYS00032 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00033**

Таблица 167 - Данные о протеине BASYS00033 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:1:52 GMT
Entry ID	BASYS00033.1
Accession No.	BASYS00033
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	25066-23099 (Counterclockwise)
Centisome Position	69.57
Gene Name	BASYS00033
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gaaaatctacgaggccaacggtatccgtataaaggagacgccgaagaacaataaacct cactaaagggagagaggtcacattctggcctcttcttta
Gene Sequence	atgctaattacaaaggaggtcacatggctacaaatattaagaccgtgatgacttaccg ctggatggctccactacggactttaatattccgttcgagtatctggcgcgtaagttcgtc agagtgacccttatcgggtgtgaccgaaaggaactcatcttgaatcaagactatcgtttt gcgactaagaccacaatctccacaacgagagcattggggccagcggacggttatactttg attgaaatccgtcgattcacctccgctacagatcgtctggttgactttaccgacggctca atcctgcgggcatatgattgaacatatctcaggttcagacacttcacgttgctgaggaa gcccgtgaccttaccgctgatacaattggcgtaacaatgatgggaacttggatgctcgt

	<p>ggtcgctgtattgtgaacgttgcggatgcacaagatgtaggtgacgcaatcaatctaggt  caaatccaacgggtggaacgactctgcgttgaactctgcgaatcgagcgaacaggaagct  gaccgtgcgaccgctcgtgcaaacgatgcgaacaactctgcgaacgcatctgcaagctct  gcaagctcttctgctggctccgccgaattatcaaaacagtgggcccgttaaggaaaccgct  gtggagccaaatctagaatcatcacgaacctacgcgcttactccatgtcataccggaat  gaggctaaagatgcggccgacagggcaaaaacttctgaggccaatgcgaaggattccgaa  agtaacgcgaagaactctgaggccaacgctaagtctctgaggccaaagccaaggcttct  gaggaacgagccattgaggaagcaagtaagttgggcaatatgaacgacttcgaggctgag  attgatagtgttgatggcatccatgtaacatgaatggaaacattaatagctccggcaat  atcacaggcgggtggttagtctccacaggtgcggcgagtatccagaaaggctgagcttgtt  ggagaggacttgattgttgaaaggatattaccgcaaagcgggatatgtactctcagcga  aacatcgccgtagctggcgctacatatgctcatggaggcattaatcaaacactatcacc  aacgtttataataagctgtcccgactccacattgacaccaatccacaacatgtgggacaa  cggcagggctacatatggatggaacgaggggtgtagcggtagtcaaactttatcacc  aaccgtgggtgctggttcgggaggattcgtgttcgcacagtcaatgctgagaactcagta  gagactggtagagttgatattaccggaggcgggtgttatctacgcaagccacctacaggtt  cgttcaggtgcccgaattgaggagaacaacaatatcgttggcagaacctctacgcagga  atgggaagtacgatgttgaaggtaacggtaatctaactggtggcatctgggagcagtggtg  gtaacttatggagcggactaaataacaactcattgttcgccaagccaccggagggtgtt  cagttattaccgcaaggggaggggattatctgaaggtaggggtgatggtacagccggtt  gggtccgctggttcaagtcggacagaaggctgaaagaagacattaaggttctcgtct  gctgacgacatgttgaacatcattcggctgacatccctgtgtcctacaaatataaggac  gcatcctatacagataacaggggtaggacaaacaccattgaaggtaagcgttcacgggct  ggcttcattacagatttaatacgttggccagaggctgtggacgtaatgtcagat  ggaattcagctccctgaccgaaccagattattggtggactgatgttactgttaagaac  ctagacgctcgcgttcaggagcttgaatctaaacttatgacagactaa</p>
GC Content [Percent]	49.03
Preceding Gene	BASYS00032
Following Gene	yjbJ
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available

Protein Name	Phage Tail Fiber Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_655_residues</p> <p>MLIYKGGHMATNIKTVMTYPLDGSTTDFNIPFEYLARKFVRVTLIGVDRKE- LILNQDYRF</p> <p>ATKTTISTTRALGPADGYTLIEIRRFTSATDRLVDFTDGSILRAYDL- NISQVQTLHVAEE</p> <p>ARDLTADTIGVNNDGNLDARGRRIVNVADAQDVGDAINLGQIQRWND- SALNSANRAKQEA</p> <p>DRATARANDANNSANASASSASSSAGSAELSKQWAVKETAVEPNLESSR- TYALHSMSYRN</p> <p>EAKDAADRKTSEANAKDSENAKNSEANAKSSEAKAKASEE- RAIEEASKLGNMNDFAAA</p> <p>IDSVDGIHVTMNGNINSPGNITGGGLVSTGAASIQK GALVGEDLIVERDI- TAKRDMYSQR</p> <p>NIAVAGVTYAHGGINQTLSPNVYNKLSRLHIDTNPQHVGQRQGLHIGW- NEGGSGESNFIT</p> <p>NRGAGSGGFVFRVTVNAENSVETGRVDITGGGVYASHLQVRSGARIEENN- NIVGQNL YAG</p> <p>MGSTMFEENGNTGGIWAQWGNLWSGLNNSLFAKPPGGVQLF- TARGGDYLEGRVDGTAV</p> <p>GFRWFKSDRRLKEDIKVVRSADDMLNIIRSYIPVSYKYKDASYTDNRGRTN- TIEGKRSRA</p> <p>GFITQDLIRLWPEAVDVMSDGIQSPDPNQIIGGLMLLVKNLDARVQE- LESKLMTD</p> <p>&gt;Mature_655_residues</p> <p>MLIYKGGHMATNIKTVMTYPLDGSTTDFNIPFEYLARKFVRVTLIGVDRKE- LILNQDYRF</p> <p>ATKTTISTTRALGPADGYTLIEIRRFTSATDRLVDFTDGSILRAYDL- NISQVQTLHVAEE</p> <p>ARDLTADTIGVNNDGNLDARGRRIVNVADAQDVGDAINLGQIQRWND- SALNSANRAKQEA</p> <p>DRATARANDANNSANASASSASSSAGSAELSKQWAVKETAVEPNLESSR- TYALHSMSYRN</p>



	<p>EAKDAADRKTSEANAKDSESNACKNSEANAKSSEAKAKASEE-  RAIEEASKLGNMNDFAAA  IDSVDGIHVMTMNGNINSPGNITGGGLVSTGAASIQKGALVGEDLIVERDI-  TAKRDMYSQR  NIAVAGVTYAHGGINQTLSPNVYNKLSRLHIDTNPQHVGQRQGLHIGW-  NEGGSGESNFIT  NRGAGSGGFVFRTVNAENSVETGRVDITGGGVYASHLQVRSGARIEENN-  NIVGQONLYAG  MGSTMFEGNGNLTGGIWAQWGNLWSGLNNSLSFAKPPGGVQLF-  TARGGDYLEGRVDGTAV  GFRWFKSDRRLKEDIKVVRSADDMLNIIRSYIPVSYKYKDASYTDNRGRTN-  TIEGKRSRA  GFITQDLIRLWPEAVDVMSDGIQSPDPNQIIGGLMLLVKNLDARVQE-  LESKLMTD</p>
No. of Amino Acids	Translated: 655 ; Mature: 655
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.0 %Met (Translated) 2.0 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.0 %Met (Mature) 2.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 70855 ; Mature: 70855
Theoretical pI	Translated: 6.28 ; Mature: 6.28
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembra-	Not Available

ne Regions	
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



Рисунок 317 - Локализация BASYS00033 в геноме бактериофага *Enterobacter* phage E7

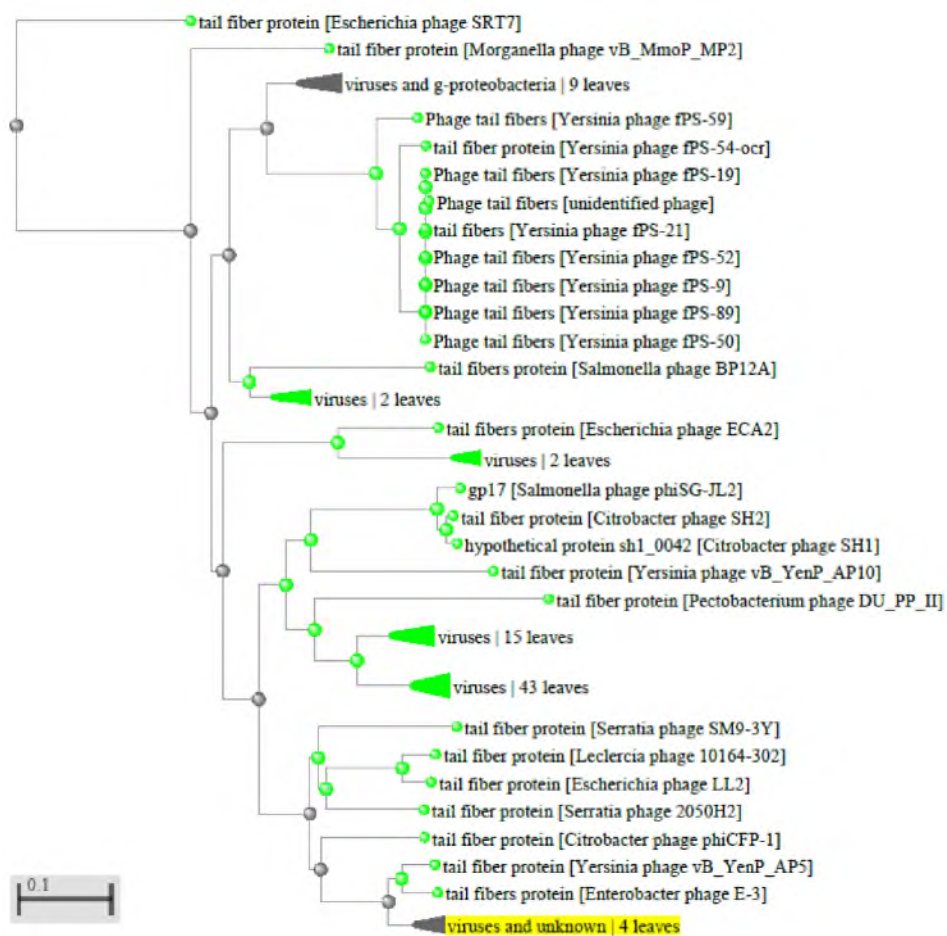


Рисунок 318 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00033 бактериофага Enterobacter phage E7

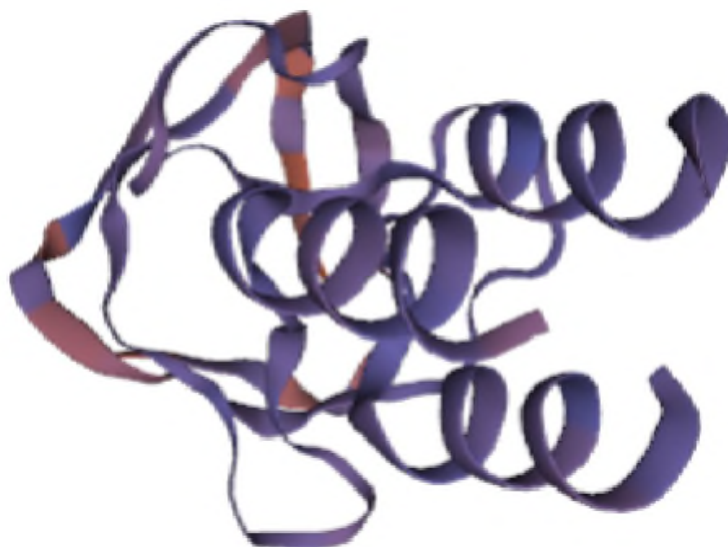


Рисунок 319 - Конформационная структура BASYS00033 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**yjbj [H]**

Таблица 168 - Данные о протеине BASYS00034 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:2:34 GMT
Entry ID	BASYS00034.1
Accession No.	BASYS00034
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	- InterPro: <a href="#">IPR023346</a> - InterPro: <a href="#">IPR008258</a> - InterPro: <a href="#">IPR000189 [H]</a>

Gene Position	29074-25112 (Counterclockwise)
Centisome Position	80.69
Gene Name	yjbJ [H]
Alternate Gene Names	BASYS00034
Upstream 100 Bases	>100_bases ggcgcgtgaagaagcgcgtaaacgtgtccaagagaaacggaagaagactccgaagtacat ctatggacgtaaagaagactaacagtgataaggaggctcc
Gene Sequence	atgagctacgataagaacaaacctagcgagttcgacgggttatttcaaaaagcggcagac aaacatggggtctcctatgacctgcttcgtaaattggcattcaacgaatccagcttcaat ccaaaggccaaatctccaactggcccgaagggtctcatgcagttaccaagggtacagcc actgcgctgggactcaaggtcactgatgcagacgatgatgaccgttacaacccggagttg gctgtggatgcagccgctcgtcacctgagtgacctcattcgtaaatac gatggggatgag cttaaggcagccctagcgtacaaccaaggcagggcagaaatgggtgccctcagatgcag gcctacgacaaaggtgattgggcctcaatctctgaggaaggtcgtaactatatgcgcaac ctgatggacgtagctaacagtcctcgcaaggggacttgaggcggttcggcggtatcacc ccaaaggctaagggcattccatctggggatgcatttctggaatcggaagaagcagacg gtaggtactgacctgccggagtcaactggattcaaagtggagggttaaggagcagaaagca cctaactgccttatgctaaggacttttgggaaaagactggaacaacgctggacgagttt aacgcacgttcgaccttctcggaattggatgcaacaagtgcggagcttcacaactct gtacttggagttgcttccgtgcagcccgtagcgacgatggttttgatttgtcaaggac accatcacgcctacacgttgaatagtcacacttgacgccagaagagctagagcgaatc cgtaaggaagtgaagaaccagcgtatatcaacgtagtcactggaggctctcctgagaat ctggacgccctcattaagatggcgaatgacaactatgagatggatgcgcggtctgccgat gctggtgtggggccaaacttactgctggtatcgctcggcgtggtgtagaccgctgagt tacgttccgctagtgggcgtagccgggaagggtctcaaggtggttaacaaggcgttcgct gttggtactcaaagcgtggattagcgattgcatctgagggtatccgtacatcaatagct gggtggaagcacactacgctgatgctgcttaggcggtctgatgttcggtgccgggatg agtgcaatcagtgacgctatcgccgctggtattcgccgttccggtggtactgaggttgtt aatgacttcgctcctatggcacaccgcttgaagcccgtgagaccgctctgaacgctggt ggcgaagacctgacctgatgcctagcgagaaccgtgtgttcgacctgagcacgctggc gttgagtattcacctctagagaccgagccgggtgccgttgtgttcctcaagggtcaaatc

ctgagcgacaccaaccactgaaccctcagactcttagcgagttcgaggcggtaaccct  
gagcgtgccgcgctggtatctctttgggtggttctactgagattggcttgaagactctc  
cgctctgagaaccgactgttcgctccattgagtgaccttctgcttccaacaggg  
atggaatcaggctctaattgtaagttcggtgagctgcttctgacattaaggagcggctc  
cacgcaacaatcagcgacactacaatcagctttatgatgctgtgctactgcaatgaaa  
gaccctgagttctccacaggtggggccacaatgagccgtaaggaaatccgacaggaatc  
tacaagcgtgagccttggcgattgagcgacctgagcttcaagcaaacctgacaaagggt  
gagcggaaacgtgatgaacatcctcaagcagcactttgacctcaaacgtgaaatcatggag  
aaccgtcaatcttcggcaacaccaaggcggctcagatcttccccggctcacgccacaag  
ggaacctacgtgcaaacgtgtacgaccgctatcaagattgagatggtaaactgac  
ggtaatgatggcttgcagcgagcaatcgcgagctcatggttgcgttctatcgctgctcgt  
ccagaagtcaaggcagggctgatgagctgatggaacttaacggctcaaatccgtg  
caggaagttacgcctgagatgggtcagaagcagcgatggataaggcgtatggtattca  
cacaccgaccagttctctgcctcctctgtcattgaggataacattgagggtctgggtgggt  
atcagaacaacaacttcttgaagcccgaacatgctcagcagtgacatggcgggtgact  
ctcctgatggtaaacagttctctgtgaatgacctgcgtacctatgacatggctgaaat  
ctgcctgcatacaccgacgagtagatgggtgatggtgcaatcatgggtggtccggtaag  
actaccaagacctgaaagatgaaatcatggcgtggataagcagtcagagggcaacggc  
acattgaaaggtgaagtgaagccctcaaggacaccgtgaagattctaactggctgctgct  
cgtaggaaccggaaggcgttgggttacagccctgcgctccgtcaatgacctcacgttc  
tttgctaagaacgcctatatgggcgcacagaacgttactgaaatcgctggatgctggcg  
aaaggtaacgtctctgcgataactcatggcatccctatgattaacgattgggtcaaccgt  
ggtaaaccgcttctgcctctgagattaaggagatacacgggatggtgttcggtaaggaa  
ctagaccaactaatccgtccgggacgtgaagaccacgtgcgccgacttagggagtctacg  
gacaccagcgtgcggttccaatgtggtcggtagcattcgttccgtactcaagagttg  
gctgcagctctccttggacaatgctcctaaacggaacatcaaacacattcttgatgct  
gcccgtaggggtgtgcttggggatgtggctggagcggcccttgcgtgggaaagcctctaag  
ttcggtaggcaaaccttaagtctgcctctatcagccctgagcagtggaatggaatc  
aagcagttgttcagagactatgcgactcgtggagaagacggtaagttcaccattcgtgac  
aaacaggcttctgtaacgaccacgttcaatggacttggagactggccgacaagggtg  
gcggatgagactatactgcgccctacaaggttctcacaggactccaaagcgttcggt  
gcaggggtgaagatgggtgatgcagtttaagaacttcgtcatcaagtccttaactccgg  
ttcgtccgtagcttctacgaggcaacgaagaacaaccgtgcgttagaccaagcgttgact  
catatcatctcttgggtctagctgggtggttactacgttgcgagggcgacacttaaggcc  
gcaagcctacaggagcacaacgtaaggagtacctaagaacgcccttgaccctaagatg  
attgctcatgcgtcaatctctcgtagttcacacttaggctcaccattgagatctacgat  
atgttcgctgggatggttggtagcgtacactataagtacaccgctctacgggtactccct

	aaagagtccgagaagcgagaccctaacaaggcactgacaggtagacaggtggcttcatct atcgcaggtgcggttggtgagcaggtccgggttaggtttgtgggttctgtgggtgca acagctattaacgccgcttcctgctgtcttctcaaacaaggctaccgctctggagttc cgtacaggactctcaacacctctcgtgagttgattcctaatagaccgctatcgagcaa ctcattatgaaaatctacgaggccaacggtatccgtataaaggagacgccgaagaacaa taa
GC Content [Percent]	52.41
Preceding Gene	BASYS00033
Following Gene	BASYS00035
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Putative murein lytic transglycosylase yjbJ [H]
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_1320_residues MSYDKNKPSEFDGLFQKAADKHGVSYDLLRKLAFNESSFNP- KAKSPTGPKGLMQFTKGTA TALGLKVTDADDDDRYNPELAVDAAARHLSDLIRKYDGDELKAALAYNQ- GEGRNGAPQMQ AYDKGDWASISEEGRNYMRNLMDVANSRKGDLAFIGGITPKAKGIPSG- DAFAGIGKKQT VGTDLPESTGFKVEGKEQKAPNVPYAKDFWEKTGTTLDEFNARSTFFGIG- DATSAELHNS VLGVAFRAARSDDGFDLFDKDTITPTRWNSHTWTPEELERIRKEVKN- PAYINVVTGGSPEN LDALIKMANDNYEMDARSADAGVGAKLTAGIVGAGVDPLSYVPLV- GVAGKGLKVVNKAQV VGTQSAGLAIASEGIRTSIAGGEAHYADAALGGLMFGAGMSAISDAIAA-



GIRRSRGTEVV  
NDFAPMAHRLEARETALNAGGEDLTRMPSENRVFDREHAGVEYSPL-  
TEPGAVVLPQGQI  
LSDTNPLNPQTLSEFEAVNPERAARGISLGGFTEIGLKTLRSENPTVR-  
SIASDLVRSPTG  
MESGSNGKFGATASDIKERLHANNQRTYNQLYDAVRTAMKDPEFSTG-  
GATMSRKEIRQEI  
YKRAALAIERPELQANLTGGERNVNMNLIKQHFDLKRIMENPSIFGNTKAV-  
SIFPGSRHK  
GTYPNVYDRAIKIEMVKRYGNDGLQRAIAESWLTSYRARPEVKARV-  
DEYLMELNGLKSV  
QEVTPENVQKHAMDKAYGISHTDQFSASSVIEDNIEGLVGIENNN-  
FLEARNMFDSDMAVT  
LPDGNTFSVNDLRTYDMAEILPAYDRRVDGDVAIMGGSGKTTKDLKDEI-  
MALDKQSEGNG  
TLKGEVEALKDVTKILTGRARRNPEGAWGTALRSVNDLTFFAKNAYM-  
GAQNVTEIAGMLA  
KGNVSAITHGIPMINDWVNRGKPLRASEIKEIHGMVFGKELDQLIRP-  
GREDHVRRLREST  
DTSAAVANVVG TIRFGTQELAARSPWTMLLNGTSNYILDAARQGVLD-  
VAGAALAGKASK  
FGKANYLKSASISPEQWNGIKQLFRDYATRGEKGKFTIRDKQA-  
FANDPRSMDLWRLADKV  
ADETILRPHKVSSQDSKAFGAGVKMVMQFKNFVIKSLNSRFVR-  
SFYEATKNNRALDQALT  
HIISLGLAGGYVAQAHLKAASLQEHKRKEYLKNALDPKMIAHA-  
SISRSSHLSPLSIYD  
MFAGMVGSDTYKYTRSTVLPKESEKRDPNKALTGRQVASSIAGAV-  
GEQVPGLGFVGSVGA  
TAINAASLLSSPNKATALEFRTGLFNTRSRELIPNDPLSQQQLIMKIYEANGIRI-  
KETPKKQ

>Mature\_1319\_residues

SYDKNKPSEFDGLFQKAADKHGVSYDLLRKLAFFNESSFN-  
KAKSPTGPKGLMQFTKGTAT  
ALGLKVTDADDDRYNP ELAVDAAARHLSDLIRKYDGDELKAALAYNQ-  
GEGRNGAPQMQA

YDKGDWASISEEGRNYMRNLMDVANSRKGDLAEGGITPKAKGIPSG-  
DAFAGIGKKQTV  
GTDLPESTGFKVEGKEQKAPNVPYAKDFWEKTGTTLDEFNARSTFFGIG-  
DATSAELHNSV  
LGVAFRAARSDDGDFLFDKDTITPTRWNSHTWTPEELERIRKEVKN-  
PAYINVVTGGSPENL  
DALIKMANDNYEMDARSADAGVGAKLTAGIVGAGVDPLSYVPLV-  
GVAGKGLKVVNKAFFV  
GTQSAGLAIASEGIRTSIAGGEAHYADAALGGLMFGAGMSAISDAIAA-  
GIRRSRGTEVVN  
DFAPMAHRLEARETALNAGGEDLTRMPSENRVFDREHAGVEYSPLETEP-  
GAVVLPQQQIL  
SDTNPLNPQTLSEFEAVNPERAARGISLGGFTEIGLKLRSNPTRV-  
SIASDLVRSPTGM  
ESGSNGKFGATASDIKERLHANNQRTYNQLYDAVRTAMKDPEFSTG-  
GATMSRKEIRQEIY  
KRAALAIERPELQANLTKGERNVMNILKQHFDLKRIMENPSIFGNTKAV-  
SIFPGSRHKG  
TYVPNVYDRAIKIEMVKRYGNDGLQRAIAESWLTSYRARPEVKARVDEYL-  
MELNGLKSVQ  
EVTPEMVQKHAMDKAYGISHTDQFSASSVIEDNIEGLVGIENNN-  
FLEARNMFDSDMAVTL  
PDGNTFSVNDLRTYDMAEILPAYDRRVDGDVAIMGSGKTTKDLKDEI-  
MALDKQSEGNGT  
LKGEVEALKDVTKILTGRARRNPEGAWGTALRSVNDLTTFAKNAYM-  
GAQNVTEIAGMLAK  
GNVSAITHGIPMINDWVNRGKPLRASEIKEIHGMVFGKELDQLIRP-  
GREDHVRRLRESTD  
TSAAVANVVGITIRFGTQELAARSPWTMLLNGTSNYILDAARQQVLDGVA-  
GAALAGKASKF  
GKANYLKSASISPEQWNGIKQLFRDYATRAGEDGKFTIRDKQA-  
FANDPRSMDLWRLADKVA  
DETILRPHKVSSQDSKAFGAGVKMVMQFKNFVIKSLNSRFVR-  
SFYEATKNNRALDQALTH  
IISLGLAGGYVAQAHLKAASLQEHKRKEYLKNALDPKMIAHA-  
SISRSSHLSPLSIYDM  
FAGMVGSDTYKYTRSTVLPKESEKRDPNKALTGRQVASSIAGAV-

	GEQVPGLGFVGSVGAT AINAASLLSSPNKATALEFRTGLFNTSRELIPNDPLSQQLIMKIYEANGIRI- KETPKKQ
No. of Amino Acids	Translated: 1320 ; Mature: 1319
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.8 %Met (Translated) 2.8 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.7 %Met (Mature) 2.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 143527 ; Mature: 143396
Theoretical pI	Translated: 8.92 ; Mature: 8.92
Pfam Domain/Function	<a href="#">PF01464</a> SLT [H]
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00922</a> TRANSGLYCOSYLASE
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Unknown [C]

COG Function	Cell wall/membrane/envelope biogenesis (code M)
COG ID	<a href="#">COG0741</a> Soluble lytic murein transglycosylase and related regulatory proteins (some contain LysM/invasin domains)
Gene Ontology	<p>&gt;&gt;&gt;  Function: transporter activity      &gt;&gt;&gt;  Process: physiological processes  Process: cell growth and/or maintenance  Process: transport      &gt;&gt;&gt;  Process: cellular process  Process: cell growth and/or maintenance  Process: transport      &gt;&gt;&gt;  Component: cell  Component: external encapsulating structure  Component: cell envelope  Component: periplasmic space (sensu Gram-negative Bacteria)      &gt;&gt;&gt;  Component: periplasmic space  Component: periplasmic space (sensu Gram-negative Bacteria) [C]</p>
Cell Location	Cytoplasm [C]
Similarity	Belongs to the transglycosylase slt family [H]
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available

Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available

Availability	Not Available
References	<a href="#">9384377</a>

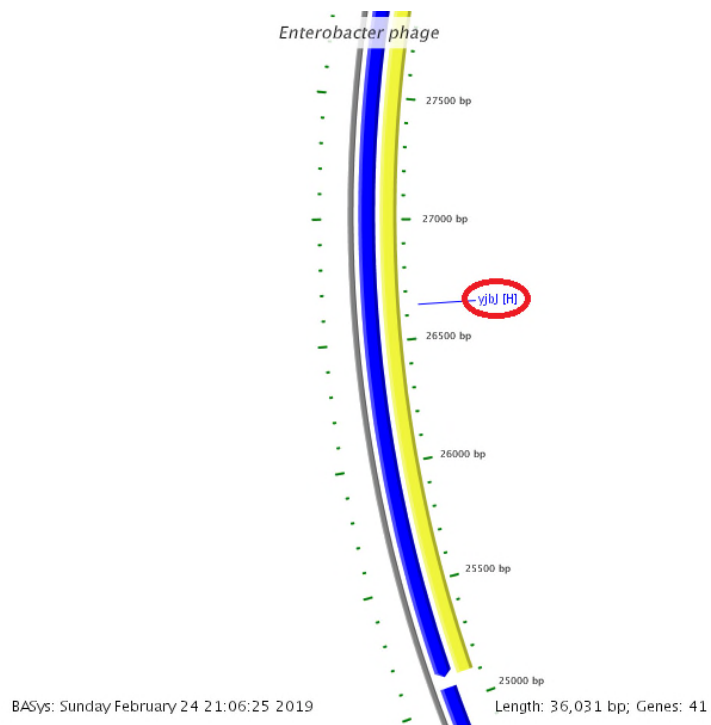


Рисунок 320 - Локализация BASYS00034 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

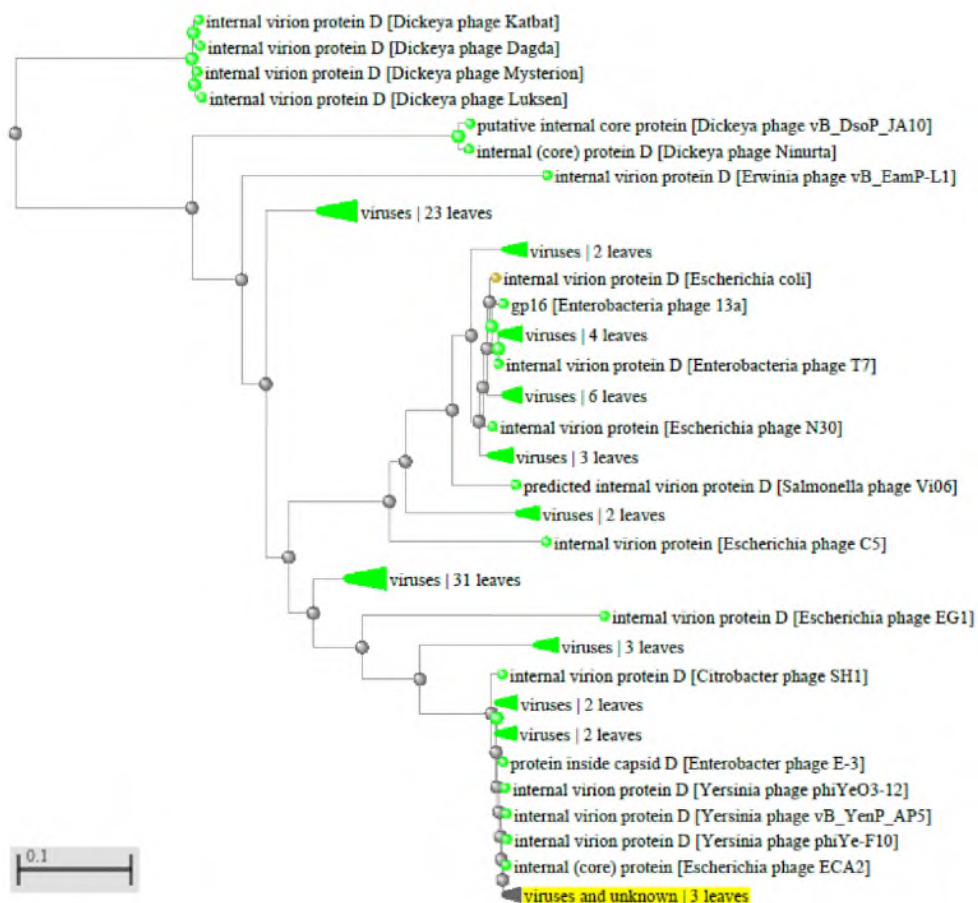


Рисунок 321 - Локализация BASYS00034 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

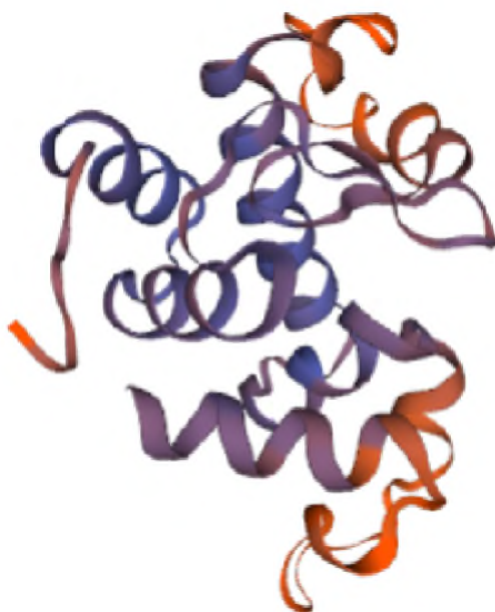


Рисунок 322 - Конформационная структура BASYS00034 бактериофага Enterobacter phage E7(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00035**

Таблица 169 - Данные о протеине BASYS00035 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:2:59 GMT
Entry ID	BASYS00035.1
Accession No.	BASYS00035
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	31336-29093 (Counterclockwise)
Centisome Position	86.97
Gene Name	BASYS00035
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aagctgcaagtcaatatgcggtggtgatttgacaagaaaggtggaaccaagcagcac ctatcagtgccgccaaggaaccaagaccgggaggttaata
Gene Sequence	atggctagtaaactaaatagtgtttaggcaacatggcgactcccggatggaacgactc cgggcgctcaaaggtatggactaccgggcagcaaccattcaggctgaacaaccaagagcg agtcttctggactccattggtcgattcgctaaggctggtgccgatatgtacatggcgaaa gatgaacgtgataagcaacgagccgatgagcgctccaacgagattatccgtaagctgacc cctgagcagcgccgacaggctatccagaatggtacactgctgtatcaggatgaccatac gcaatgcaggcctgaagttcaagacagggcgtaacgctgcgcttctcgttgacgatgag



	<p>gttcaacaggccatcaaagagggtcgcttccgtactcgtgaagagatggagcagtatcgt  cactcacgcctacaggagcactcgaagtcgctcgtgagcagttcggcatcaatgagatg  gacgaggaataccagaagggtttcaacgcgaatatcaccgagcgtaacattgctctgat  ggcgacatgataccttctgagtaccaagcgcagaaggcgcaatcctgaactcgaag  gttgaactcaatggtgtcctgtctgaccctgacactgtctcgtcctgagtccggtgag  ttcttcagaactacatcgacaactccttggtgacagggatgaccgacaatcaggctcaa  caggttatctctcgtccctgaatgacgtgctacagcgtccgggtgggtccgccttctg  cagaacattgagaaccgcaaggtgactctaaatggcgctacgactacctatcgtgaactg  atgggtgatgaacagtggcaggccatgatgattaaggcacagcactcaattcagaac  aacgcgaagttaaccgagaagttccgactggatattaactcagcgttaaccaagcggac  actgtaagggtgggagactcttcaaggtatcaaggccgaactgataagattcagcct  ggtgaagagatgactcctgagcgcgagtggttgatttccgcacaggaacagatgcgaca  cgcttcaagcaggaacaggctgagacagccaagctgatggacaagcaacagaagaccctg  aataaatctttggtcatcgacaagcagttccagaagcgcctcaacggtgaatacgtctcg  accaactataaggacatgccgaccaacgagaacactggtgagtttacacatagcgatatg  gtcaactacgcaaccagaagtttagcgaaatcgaagcgatggacttaacgccagaacag  aaagacaaactgaaattggactacctacgggcagactccaaggagggtgcttccgtgca  gcgttgggtgagatgattactgatgctggaaacgaatggcaggctgcggtgattaacggt  aagatgcctgagagcacaccagcgatggacaaccttcgtcgcacccgaacactgacct  gacctgattgcctctctgtatcctgacaaggccgagttgttctgacgatggacatggtg  gataaccaaggcatcgacacgcaggttcttatcgacgctgataaggcccgccagagaag  accaaggagatgcagtttgaggatgaccgagcgtgggctgctatgatgaacgattcaacg  aatcctcaaatcaagtacatgccttcgagtgccaagggtatgcccggaagatttatgat  tccgtgaagtaccggacagggaaacctgacatggcgactgaacaggtcgaaagttcctc  tctgattcaacgactacgttctccagtagtgatggtgagggtgatacctatggtgtcctg  ccgaagaacatcctgactgttccggatgaccctaagtcgtgggaacaggggaagaacatt  ctggacgaagccattaagagaatcacagaggctaacccttggattaccaacaagcaactg  acggtgtaccagcaggggatgcaatctacctgatggacacaaccgggcaggttcgact  cggttcgaccaagagtactcaaacgcgaataaccagcgcaccgcacaggagcaggccgag  gcagcacgagagaaagccctcaaagaggccaacaagcgtgccccaatcagccgtgtacca  caggcgcgtgaagaagcgcgtaaacgtgtccaagagaaacggaagaagactccgaagtac  atctatggacgtaaagaagactaa</p>
GC Content [Percent]	51.65
Preceding Gene	yjbJ

Following Gene	BASYS00036
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00035
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_747_residues</p> <p>MASKLNSVLGNMATPGMERLRGVKGM DYRAATIQAEQPRASLLDSIGR-  FAKAGADMYMAK  DERDKQRADERSNEIIRKLTPEQRRQAIQNGTLLYQDDPYAM-  QALKFKTGRNAAFVLDDE  VQQAIKEGRFR TREEMEQYRHSRLQEHSKSF AEQFGINEMDEEYQKGFNA-  NITERNIALY  GAHDTFLSDQAQKGAILNSKVELNGVLSDPDLLSRPESGEFFQ-  NYIDNSLVTGMTDNQAQ  QVISSSLNDVLQRPGGAAFLQNIENRKVTLNGATTTYRELMGDEQWQAM-  MIKAQHTQFQN  NAKLTEKFRLDINSALNQADTGKGWETLQGIIKAEIDKIQPGEEMTPEREW-  LISAQEQMRT  RFKQEQAETAKLMDKQQKTLNLSLVIDKQFQKRLNGEYVSTNYKDMPT-  NENTGEFTHSDM  VNYANQKLAIEIAMDLTPEQKDKLKDYL RADSKEGAFRAAFGEMITDAG-  NEWQAAVING  KMPESTPAMDNLRRIRNTDPDLIASLYPDKAELFTMDMLDNQGIDTQ-  VLIDADKARAQK  TKEMQFEDDRAWAAMMNDSTNPQIKYMPSSVQGYARKIYDSV-  KYRTGNPDMATEQVAKFL  SDSTTTFSSSDVEGDTYGVLPKNILTVSDDPKSWEQGKNILDEAIKRIT EA-  NPWITNKQL  TVYQQGD AIYLMDDTTGQVRTRFDQELLKREYQR TAQEQA EAAREKAL-  KEANKRAPISRVP  QAREEAR KRVQEKRKKTPKYIYGRKED</p>

	<p>&gt;Mature_746_residues</p> <p>ASKLNSVLGNMATPGMERLRGVKGM DYRAATIQA EQPRASLLDSIGRFA- KAGADMYMAKD</p> <p>ERDKQRADERSNEIIRKLTPEQRRQAIQNGTLLYQDDPYAMQALKFKTGR- NAAFLVDDEV</p> <p>QQAIKEGRFRTREEMEQYRHSRLQEHSKSFAEQFGINEMDEEYQKGFNA- NITERNIALYG</p> <p>AHDTFLSDQAQKGAILNSKVELNGVLSDPDLLSRPESGEFFQ- NYIDNSLVTGMTDNQAQQ</p> <p>VISSSLNDVLQRPGGAAFLQNIENRKVTLNGATTTYRELMGDEQWQAM- MIKAQHTQFQNN</p> <p>AKLTEKFRLDINSALNQADTGKGWETLQGIIKAEIDKIQPGEEMTPEREWLI- SAQEQMRTR</p> <p>FKQEQAETAKLMDKQQKTLNKSVIDKQFQKRLNGEYVSTNYKDMPT- NENTGEFTHSDMV</p> <p>NYANQKLAIEIAMDLTPEQKDKLKL DYLRADSKEGAFRAAFGEMITDAG- NEWQAAVINGK</p> <p>MPESTPAMDNLRRIRNTDPDLIASLYPDKAELFTMDMLDNQGIDTQVLI- DADKARAQKT</p> <p>KEMQFEDDRAWAAMMNDSTNPQIKYMPSSVQGYARKIYDSV- KYRTGNPDMATEQVAKFLS</p> <p>DSTTTFSSSDVEGDTYGVLPKNILTVSDDPKSWEQGNILDEAIKRITEA- NPWITNKQLT</p> <p>VYQQGD AIYLM DTTGQVRTRFDQELLKREYQRTAQEQAEAAAREKAL- KEANKRAPISRVPQ</p> <p>AREEARKRVQEKRRKTPKYYGRKED</p>
No. of Amino Acids	Translated: 747 ; Mature: 746
Cys/Met Content	<p>0.0 %Cys (Translated)</p> <p>4.0 %Met (Translated)</p> <p>4.0 %Cys+Met (Translated)</p> <p>0.0 %Cys (Mature)</p> <p>3.9 %Met (Mature)</p> <p>3.9 %Cys+Met (Mature)</p>

Molecular Weight [Daltons]	Translated: 85246 ; Mature: 85114
Theoretical pI	Translated: 5.34 ; Mature: 5.34
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

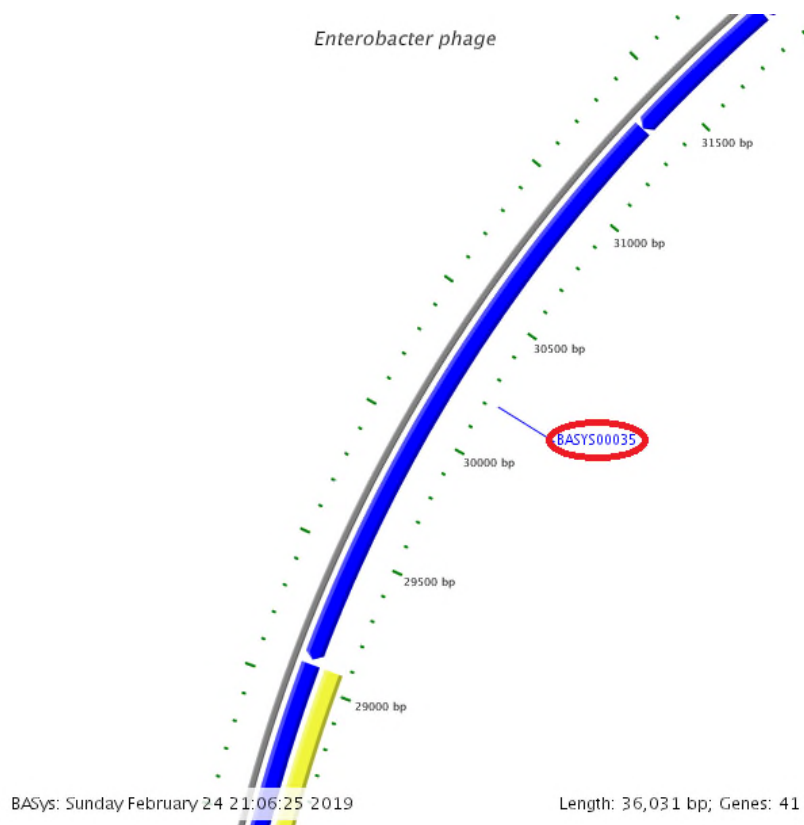


Рисунок 323 - Локализация BASYS00035 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

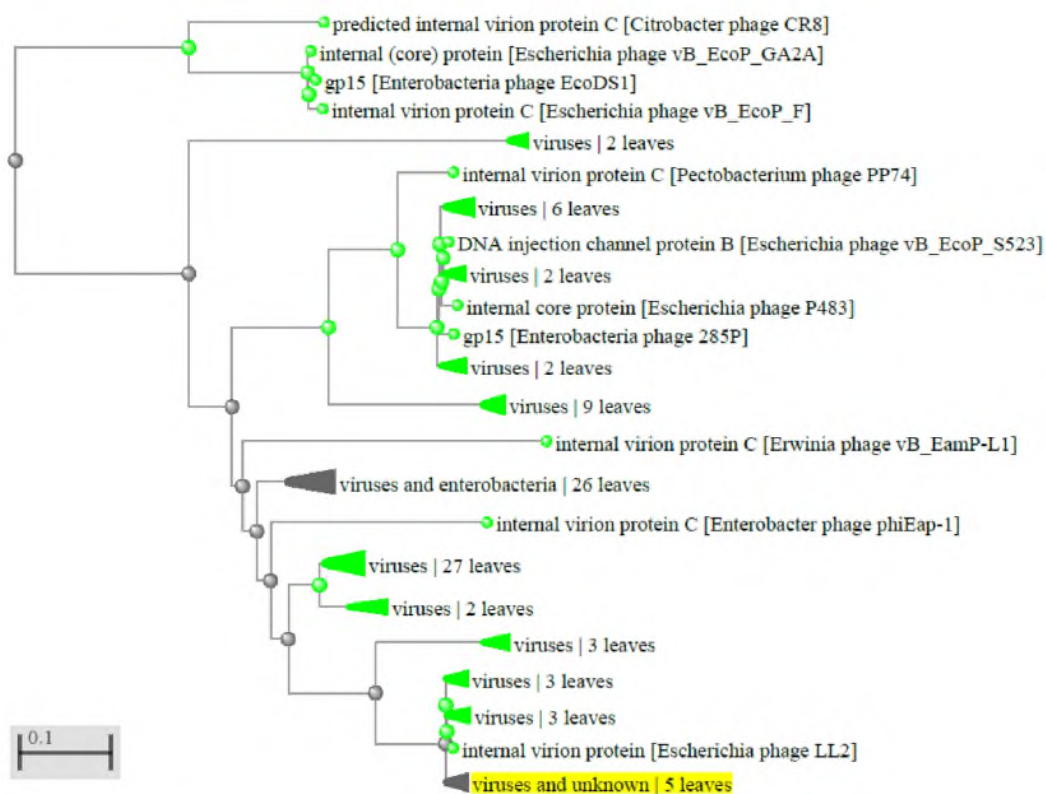


Рисунок 324 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00036 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 325 - Конформационная структура BASYS00035 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00036**

Таблица 170 - Данные о протеине BASYS00036 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:3:47 GMT
Entry ID	BASYS00036.1
Accession No.	BASYS00036
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	31932-31339 (Counterclockwise)
Centisome Position	88.63
Gene Name	BASYS00036
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases agtacacattcgtttcctaaagaccataggcgcggtattccataatgagttaccgctg atggtcaattccaattattcactatcagtaggagtaact
Gene Sequence	atgtgctggatggcagcgattcctattgcatgatgggtgccaagctctaagtagccag aacagtgctgacaaggcgcgagtgccacagaccgaagctggacgcagacaggcaatggag atggtcaaagagatgaatatccaaaatgccaacgcctcgtggaacaacgggacgcctt gaagctgcatcctctgagttgactacacgtaacatgcagaaggtagcaggctatgggaacc atccgtgcagctatcggcgagggtatgctagaaggtagtccatgaagcgcacatcaagcgt atcgaagagggcaactacattcgggaggcaaatagtgtcaccgagaattaccgccgagac tacgcgagtatctttgcgaacagttgggacgcactcagtccacagcaagtcaagtcgat



	gcaatgtacaagagcgaggccaaaggtaagtccggtctgatgcgtgtactagaccctctgtccattatggggtcaggaagctgcaagtcaatatgctggctggtggatttgacaagaaaggtggaaaccaagcagcacctatcagtgccgccaaggaaccaagaccgggaggtaa
GC Content [Percent]	52.69
Preceding Gene	BASYS00035
Following Gene	BASYS00037
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00036
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_197_residues  MCWMAAIPIAMMGAQALSSQNSADKARVAQTEAGRQAMEMVKEM-NIQNANASLEQRDAL  EAASSELTRNMQKVQAMGTIRAAIGEGMLEGESMKRIKRIEEGNYI-REANSVTENYRRD  YASIFAQQLGRTQSTASQVDAMYKSEAKGKSGLMRVLDPLSIMGQEAAS-QYAAGGFDDKKG  GNQAAPISAAKGTGTGR</p> <p>&gt;Mature_169_residues  AQTEAGRQAMEMVKEMNIQNANASLEQRDALEAASSELTRNMQKV-QAMGTIRAAIGEG  MLEGESMKRIKRIEEGNYIREANSVTENYRRDYASIFAQQLGRTQSTASQVDAMYKSEAK  GKSGLMRVLDPLSIMGQEAASQYAAGGFDDKKGGNQAAPISAAKGTGTGR</p>
No. of Amino Acids	Translated: 197 ; Mature: 169

Cys/Met Content	0.5 %Cys (Translated) 7.1 %Met (Translated) 7.6 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 5.9 %Met (Mature) 5.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 21252 ; Mature: 18317
Theoretical pI	Translated: 9.86 ; Mature: 9.87
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min /mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available

Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Enterobacter phage*

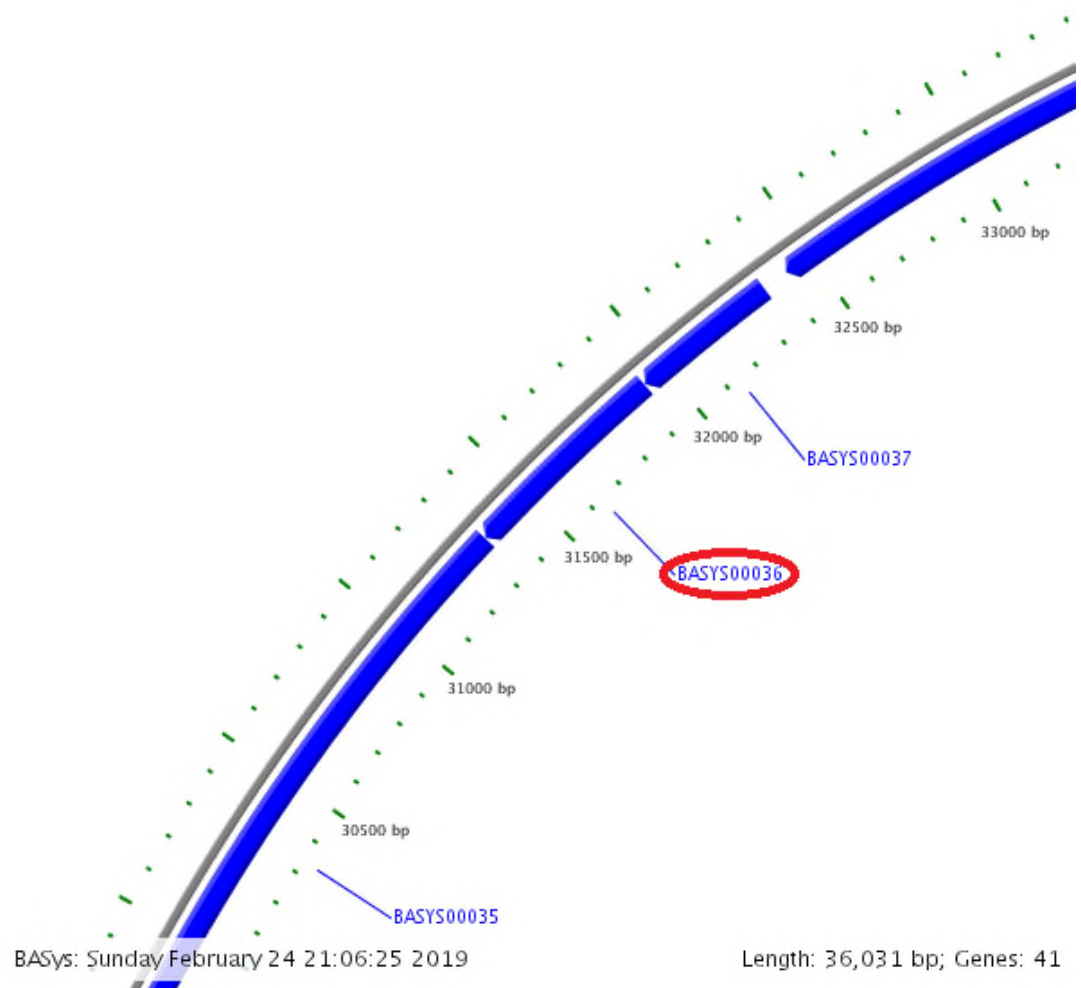


Рисунок 326 - Локализация BASYS00036 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

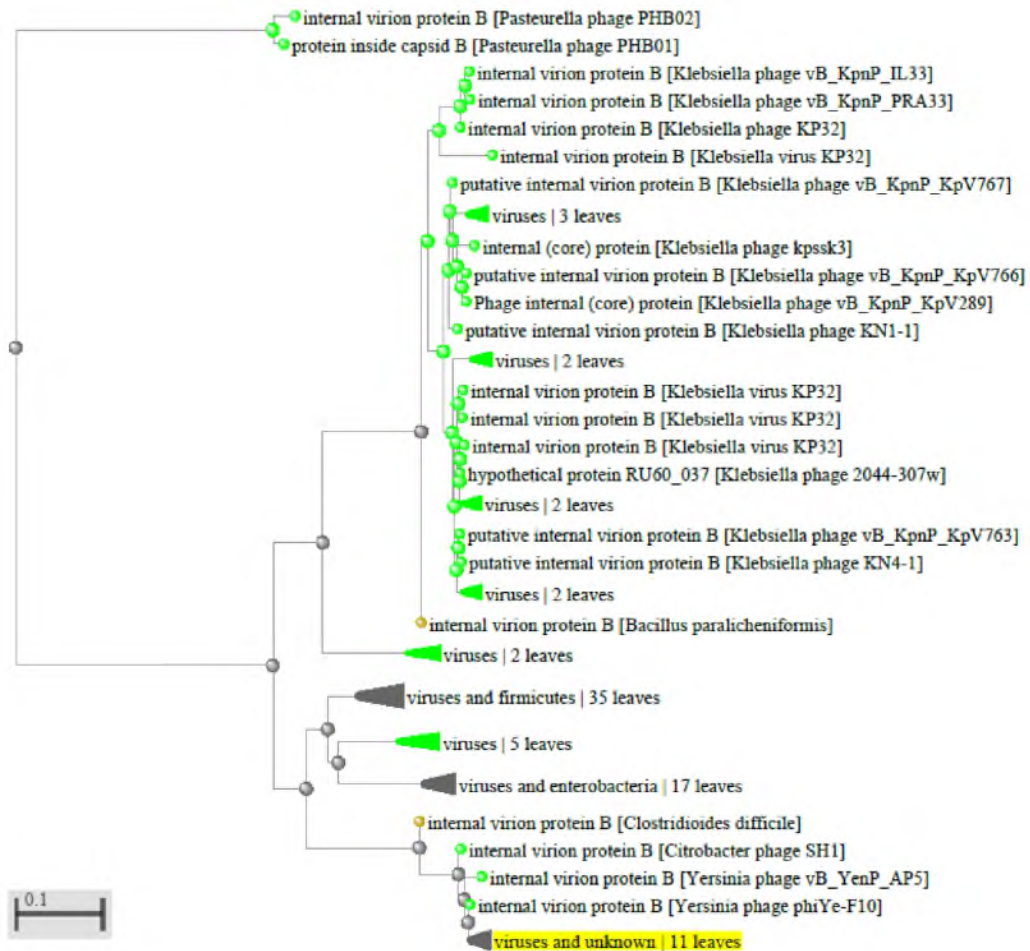


Рисунок 327 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00036 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 328 - Конформационная структура BASYS00036 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00037**

Таблица 171 - Данные о протеине BASYS00037 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:4:7 GMT
Entry ID	BASYS00037.1
Accession No.	BASYS00037
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	32345-31935 (Counterclockwise)
Centisome Position	89.77

Gene Name	BASYS00037
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases taccttcgtcgttcttcgggcatttaacttaaagtctcctgtggtgaattaaccctcac taaaggagacactaatagatacgagggggttaaagcatt
Gene Sequence	atgtatattacaaagtgtttacaagaccacgctgacaacttcagccgtccatagaggac attctggaagctgaggcattgggtgtcgaacctaaagtaattcctgatgagaactgtg gcaatgcttagcgataacgctgtgttgcaattggtggcaatcagggagaccgagtgtgg ttccttacctctaagtacgtcccactgtttacctgaaggagcgcttagagtttcgtaga cttatcattgaatatcgtgatatgatgctgagccagtagcaggtccatttgaatttcggt tgggtaggcaataagtcacacattcgtttcctaaagaccataggcgcggtattccataat gagtttaccgctgatggtcaattccaattattcactatcagtaggaggtaa
GC Content [Percent]	43.55
Preceding Gene	BASYS00036
Following Gene	BASYS00038
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00037
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_136_residues MYITKCLQDHADNFQPSIEDILEAEALGVEPKVIPDENTVAMLSDNAV- LSIGGNQGDRVW FLTSKYVPLFTLKERLEFRRLIEYRDMMLSQYESIWNFVWVGNKSHIRFLK- TIGAVFHN

	EFTADGQFQLFTISRR >Mature_136_residues MYITKCLQDHADNFQPSIEDILEAEALGVEPKVIPDENTVAMLSDNAV- LSIGGNQGDRVW FLTSKYVPLFTLKERLEFRRLIEYRDMMLSQYESIWNFVWVGNKSHIRFLK- TIGAVFHN EFTADGQFQLFTISRR
No. of Amino Acids	Translated: 136 ; Mature: 136
Cys/Met Content	0.7 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 3.7 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 2.9 %Met (Mature) 3.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 15836 ; Mature: 15836
Theoretical pI	Translated: 5.20 ; Mature: 5.20
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown



Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available

Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Enterobacter phage*

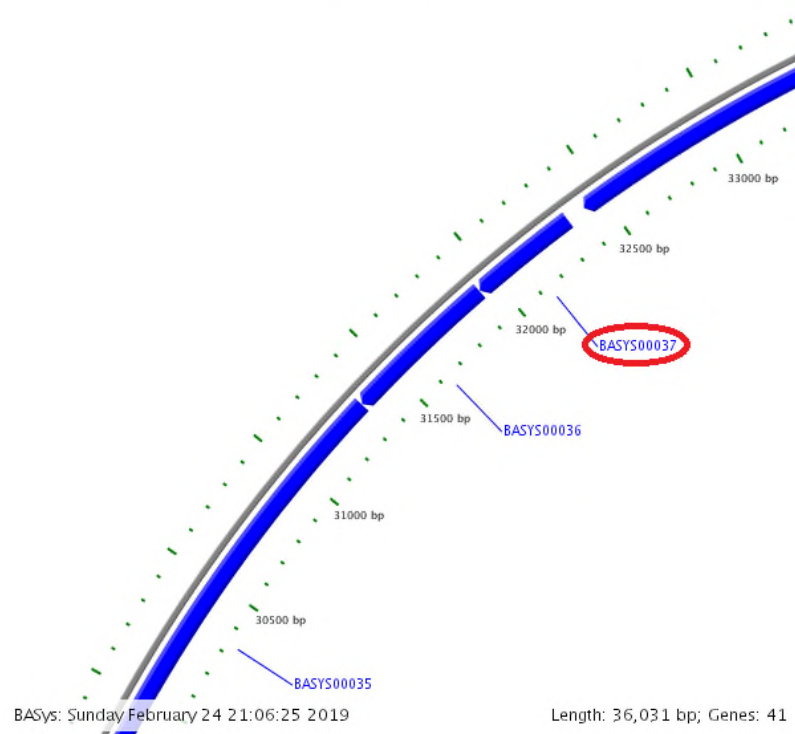


Рисунок 329 - Локализация BASYS00037 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

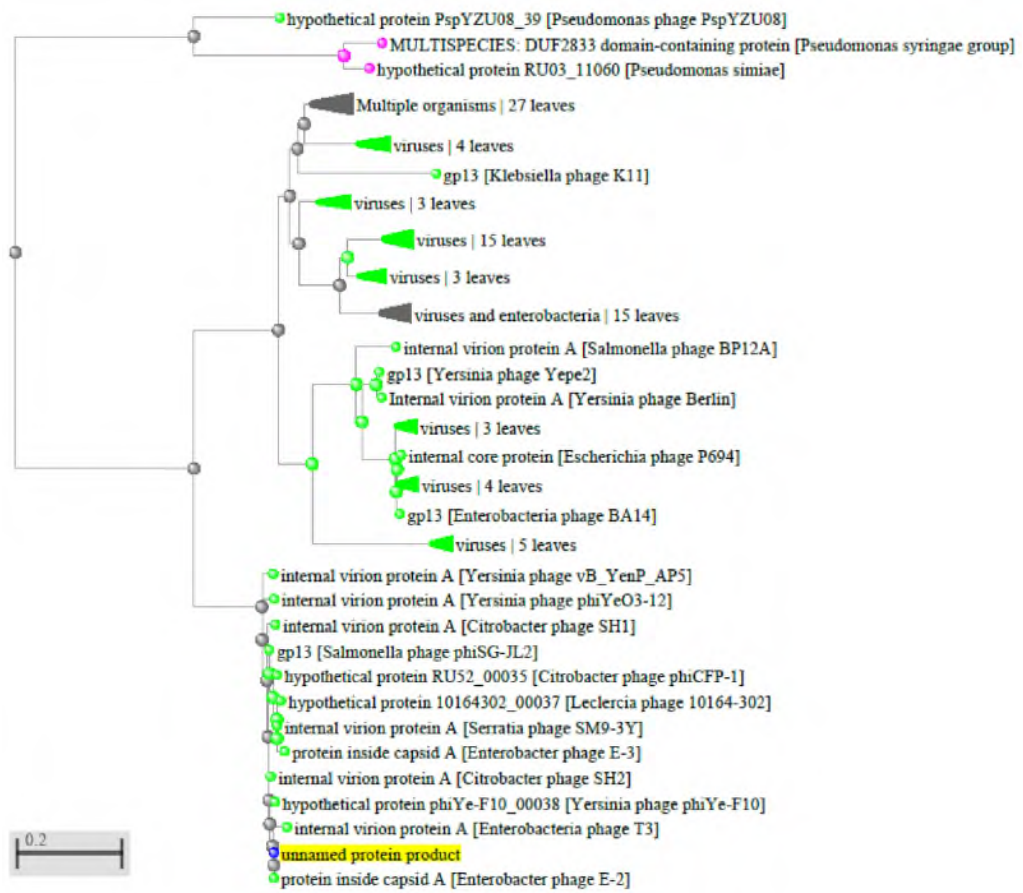


Рисунок 330 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00037 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 331 - Конформационная структура BASYS00037 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00038**

Таблица 172 - Данные о протеине BASYS00038 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:4:25 GMT
Entry ID	BASYS00038.1
Accession No.	BASYS00038
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	34824-32419 (Counterclockwise)

Centisome Position	96.65
Gene Name	BASYS00038
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tgctgcttcgagtacgagctagactacggcaactacaatatgctggatggtgacgcatt cacctctgggtctacttaaccgctaataacaaggaggctct
Gene Sequence	atggctctcattagccaatcaatcaaaaacctaagggtggatatcagtcaacagccagat attctccggttcgctgaacaaggtagcgtacagattaacggttggctctctgagtccgag ggctccagaagcgcccaccgatgattcaccttaagacccttggccctgctgggtatgtg ggtgcgcaaccttacgttcacctcatcaaccgtgatgagttcgagcagtatttagtggtg ttactgggaagacattaaggtattcgacctgacggtaaggagtaccaagtacgtgga gaccgctcttatgtgcgcacagctaaccacgggaagaccttcggatggtaacgggtggct gactacacctttgtgaccaaccgtaaggtggtgtacagagtaatgaccaatcggtaac cttccgggttttaagaccaaggcgatgcattaatcaacgttcgtgggtggacagtatggg cgagactctcaatcgagttcaacggggctgagcgtgctgctgtgcaactaccagatggt tcacaaccagcacagttaacgaggtggacgggtcaggctatcgtgagaagctggcggcg cagttgaggaacaaccttgggaatccaaacaacaagcaagaccgaataagtggcgcttc aacgttggccccggattcatccatccttgcgccaataacgataacgtttggggacta cagactaaggatggttacgcagaccagctaataaccctgtaaccattacactcagtcg ttcagaagctgcctattaacgcgccagatgggtacattgtgaagattgtaggtgacacc tcaaagactgccgaccagtattacgttaggttcgacctcaaccgtaaggtatgggtagaa acaatcggctggaacacaaggactcacctacattaccacactatgccttgggcgctgga cgtgcttctgacgggaactttgacttaaggtacttgagtggggtgctcgtactgttgg gatgacacaactaaccatacccatcgtttaccggacagacaatcaatgatattttctc ttccgtaaccgttaggtttccttagtggggagaacatcatcttgtcccgcacctcgaaa tacttcaacttctcccggcatccgatccaactactccgacgatgaccaatcgacgtt gcggttagccataaccgggtgtccaccttgaagtatgccgttccgttctccgaagagttg ctctatggtctgaccaagcgcagttcgttctgacagcctctggtatccttccagatcgc tccgtagagttgaaccttacgactcagtttgatgtacaagacagggcgcgaccacatggt gtgggacgtaatgtatactttgcgtcacctcgcgcttccttcacatccattaaccgatac tatgcggtacaggatgtaagctctgtgaagaacgcagaggacatgacggctcacgttccg aactacataccgaatggcgtattcagtatatcgggtacaaccgctgagaacttcgcggt

	<p>atccttacgagcggagcaccgaaccgagtgatatctacaagttcctctatattgatgag  gaaatcaggcagcagtcgtggtctcattgggactttggggacaacgttacagtgtttga  gcacaggtgataaactcaacaatgactgtattgatgggcaatgaacatgctgtgtggatg  ggccgcttacacttcacgaagaactccatagacattccgggagagccttacagattatac  atcgacgctaagaggaaatacaccatccctgccgggacgtataatgatgatacctaccag  acgtccataagcctcgcaacgatttatgggatgaactttactaagggtagggtgtctgtg  gtcttcctgatggaaagattatagaggtagaccagccaatcaacggctggagcagtgac  ccggtgttacgacttgatgggaaccaagagggccaagtggtttacattgggttcaacatc  ccattcacgtatacgttctcgaagttcctcattaagaagactgctgaggacggctcgacg  gctaccgaggatattggctgcttacagcttcggcgtgctgggtaaactatgaggactct  ggagcgttcaccatccgcgtgaacaacctgtcccgtgagttcatctacacaatggctggt  gctcgcttgggttctgacaatctgcgtgttggcaggtcgaacattggcacagggcagtac  cgcttcccgttgttggaaacgctcagacgaacatagtaactatcgagtcagacgcatca  acccactgaacatcattgggtgctggctgggagggttaactaccttcgctgcttctcgggc  atata</p>
GC Content [Percent]	50.21
Preceding Gene	BASYS00037
Following Gene	BASYS00039
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Tail Tubular Protein B
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_801_residues  MALISQSIKNLKGGISQQPDILRFAEQGSVQINGWSSESEGLQKRPP-  MIHLKTLGPAGYV  GAQPYVHLINRDEFEQYLVVFTGEDIKVFDLDGKEYQVRGDRSYVRTAN-  PREDLRMVTVA</p>

DYTFVTNRKVVVQSNQSVNLPGFKDQGDALINVRGGQYGRRLSIEFN-  
GAERAAVQLPDG  
SQPAHVNEVDGQAIAEKLAALRNNGNPNKQDPNKWRFNVGPGFIHI-  
LAPNNDNVWGL  
QTKDGYADQLINPVTHYTQSFQKLPINAPDGYIVKIVGDTSKTAD-  
QYYVRFDLNRKVVVE  
TIGWNTRTHLHYHTMPWALVRASDGNFDFKVLEWGARTVGDDTTN-  
PYPSFTGQTINDIFF  
FRNRLGFLSGENIILSRTSKYFNFFPASVSNYSDDDPIDVAV-  
SHNRVSTLKYAVPFSEEL  
LLWSDQAQFVLTAAGILSSRSVELNLTQFDVQDRARPHGVGRNVYFAS-  
PRASFTSINRY  
YAVQDVSSVKNNAEDMTAHVPNYIPNGVFSISGTTAENFAAILTSGAPNR-  
VYIYKFLYIDE  
EIRQQSWSHWDFGDNVTVFAAQVINSTMVLMGNE-  
HAVWMGRLHFTKNSIDIPGEPYRLY  
IDAKRKYTIPAGTYNDDTYQTSISLATIYGMNFTKGRVSVVFPDGKIIVDQ-  
PINGWSSD  
PVLRLDGNQEGQVVYIGFNIPFTYTFKFLIKKTAEDGSTATEDIGRLQLR-  
RAWVNYEDS  
GAFTIRVNNLSREFIYTMAGARLGSDNLRVGRSNIGTGQYRFPVVGNAQT-  
NIVTIESDAS  
TPLNIIGCGWEGNYLRRSSGI  
>Mature\_800\_residues  
ALISQSIKNLKGGISQQPDILRFAEQGSVQINGWSSESEGLQKRPP-  
MIHLKTLGPAGYVG  
AQPYVHLINRDEFEQYLVVFTGEDIKVFDLDGKEYQVRGDRSYVRTAN-  
PREDLRMVTVAD  
YTFVTNRKVVVQSNQSVNLPGFKDQGDALINVRGGQYGRRLSIEFN-  
RAAVQLPDGS  
QPAHVNEVDGQAIAEKLAALRNNGNPNKQDPNKWRFNVGPGFIHI-  
LAPNNDNVWGLQ  
TKDGYADQLINPVTHYTQSFQKLPINAPDGYIVKIVGDTSKTAD-  
QYYVRFDLNRKVVVET  
IGWNTRTHLHYHTMPWALVRASDGNFDFKVLEWGARTVGDDTTN-  
PYPSFTGQTINDIFF  
RNRLGFLSGENIILSRTSKYFNFFPASVSNYSDDDPIDVAV-

	<p>SHNRVSTLKYAVPFSEELL  LWSDQAQFVLTASGILSSRSVELNLTQFDVQDRARPHGVGRNVYFAS-  PRASFTSINRYY  AVQDVSSVKNAEDMTAHVPNYIPNGVFSISGTTAENFAAILTSGAPNR-  VYIYKFLYIDEE  IRQQSWSHWDFGDNVTVFAAQVINSTMVLMGNE-  HAVWMGRLHFTKNSIDIPGEPYRLYI  DAKRKYTIPAGTYNDDTYQTSISLATIYGMNFTKGRVSVVFPDGKIIVDQ-  PINGWSSDP  VLRLDGNQEGQVVYIGFNIPFTYTFKFLIKKTAEDGSTATEDIGRLQLR-  RAWVNYEDSG  AFTIRVNNLSREFIYTMAGARLGSDNLRVGRSNIGTGQYRFPVVGNAQT-  NIVTIESDAST  PLNIIGCGWEGNYLRRSSGI</p>
No. of Amino Acids	Translated: 801 ; Mature: 800
Cys/Met Content	0.1 %Cys (Translated) 1.2 %Met (Translated) 1.4 %Cys+Met (Translated) 0.1 %Cys (Mature) 1.1 %Met (Mature) 1.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 89818 ; Mature: 89687
Theoretical pI	Translated: 6.64 ; Mature: 6.64
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembra-	Not Available



ne Regions	
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00387</a> PPASE ; <a href="#">PS00237</a> G_PROTEIN_RECEP_F1_1
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

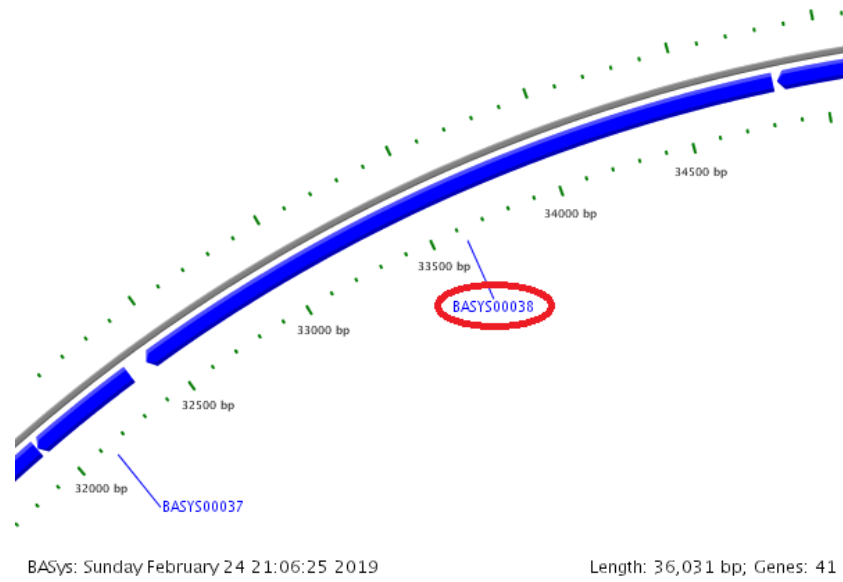


Рисунок 332 - Локализация BASYS00038 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

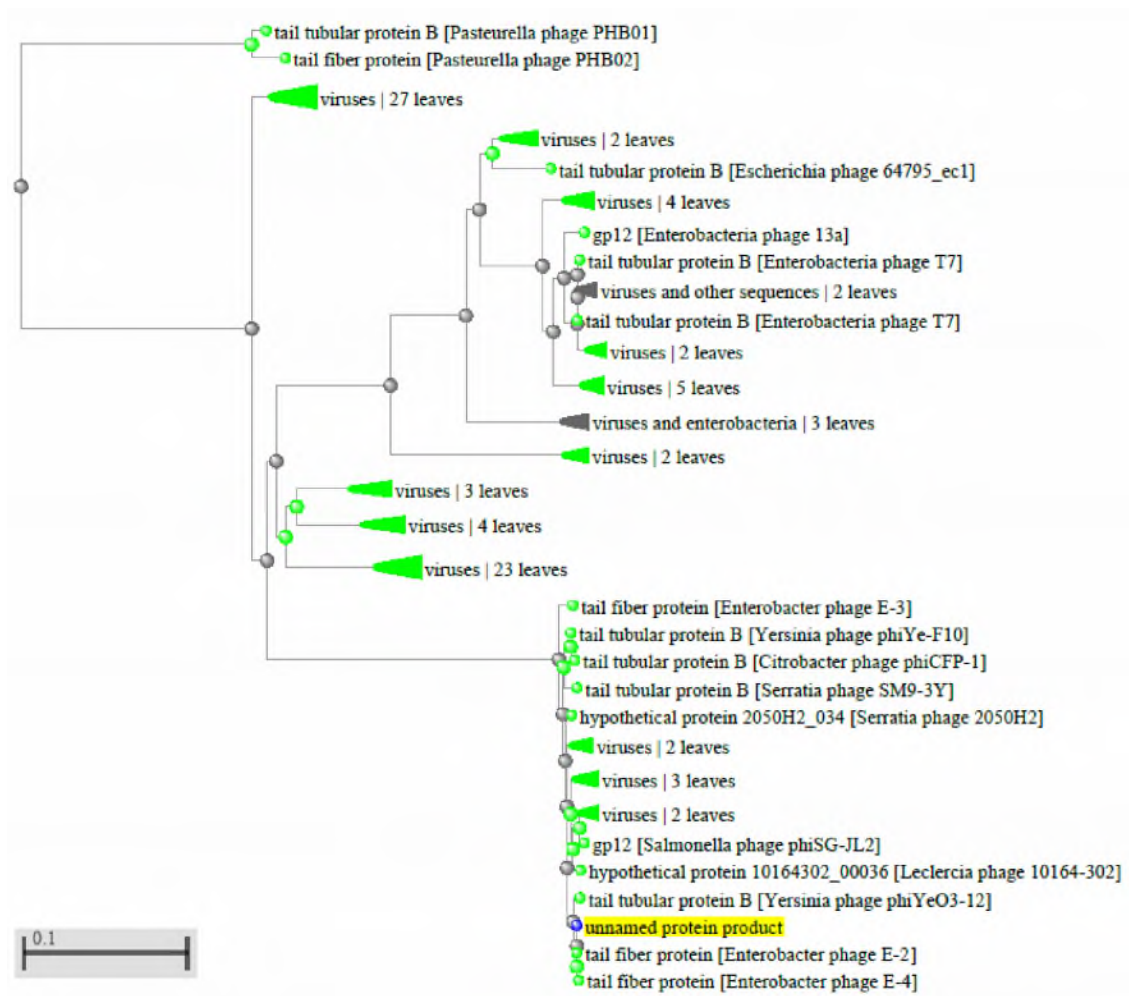


Рисунок 333 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00038 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 334 - Конформационная структура BASYS00038 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00039**

Таблица 173 - Данные о протеине BASYS00039 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:5:18 GMT
Entry ID	BASYS00039.1
Accession No.	BASYS00039
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	35430-34840 (Counterclockwise)
Centisome Position	98.33
Gene Name	BASYS00039
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases caaggcacttaagtctcaataatatgcaacccttgggtgcctcgtagggtatctgag gggtttttgcttaaccctcactaacaggaggtaacatc
Gene Sequence	atgCGctcttatgagatgaacattgagaccgcagaagagctatcagccgtcaacgacatt ctggcttccatcggtgagccaccagtatcgacccttgagggtgatgcaatgctgacgtt gcaatgctcgacgtgtactcaataagattaaccgacagattcaatcacgaggatggaca ttcaatattgaggaaggtgtgactcttctaccggatgCGttctctggtatgattcattt agctctgactatctgtcagtaatggcaaccagcggccagaccaatatcaaccgtggt ggctatatctatgaccgctctgcaagactgacagatttcttctggtgttcagggtcaac ctgattcgtctgagagagttcgatgagatgcctgagtgcttccgtaactacatcgtcacc aaggcctcacgccagttcaacaaccgcttcttCGgtgcgccggaggtagacggagtggtg

	caggaagaggaacaggaagcatggcgtgcgtgcttcgagtacgagctagactacggcaac tacaatatgctggatggtgacgcattcacctctggtctacttaaccgctaa
GC Content [Percent]	50.08
Preceding Gene	BASYS00038
Following Gene	BASYS00040
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Tail Tubular Protein A
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_196_residues MRSYEMNIETAEELSAVNDILASIGEPVSTLEGDANADVANARRVLN- KINRQIQSRGWT FNIEEGVTLLPDAFSGMIPFSSDYLSVMATSGQTQYINRGGYIYDR- SAKTDRFPSGVQVN LIRLREFDEMPECFRNYIVTKASRQFNNRFFGAPEVDGVLQEEEQEAW- RACFEYELDYGN YNMLDGDRAFTSGLLNR >Mature_196_residues MRSYEMNIETAEELSAVNDILASIGEPVSTLEGDANADVANARRVLN- KINRQIQSRGWT FNIEEGVTLLPDAFSGMIPFSSDYLSVMATSGQTQYINRGGYIYDR- SAKTDRFPSGVQVN LIRLREFDEMPECFRNYIVTKASRQFNNRFFGAPEVDGVLQEEEQEAW- RACFEYELDYGN YNMLDGDRAFTSGLLNR
No. of Amino Acids	Translated: 196 ; Mature: 196

Cys/Met Content	1.0 %Cys (Translated) 3.1 %Met (Translated) 4.1 %Cys+Met (Translated) 1.0 %Cys (Mature) 3.1 %Met (Mature) 4.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 22234 ; Mature: 22234
Theoretical pI	Translated: 4.21 ; Mature: 4.21
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available



Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Enterobacter phage*



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 335- Локалізація BASYS00039 в геномі бактериофага *Enterobacter phage E7*

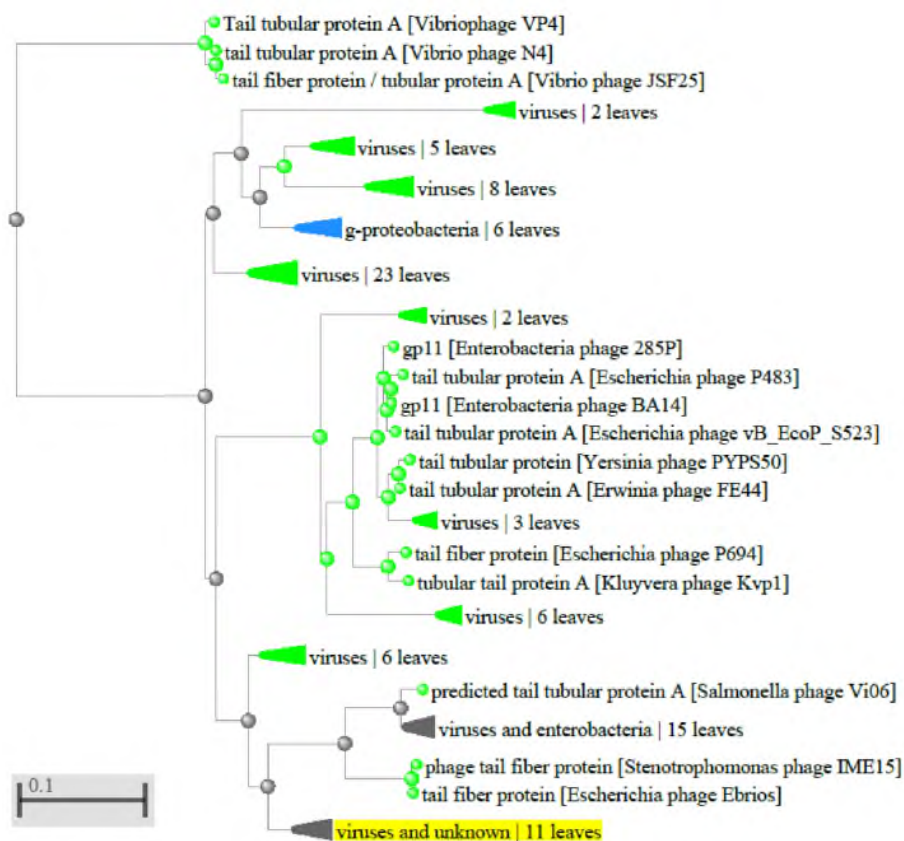


Рисунок 336 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00039 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 337 - Конформационная структура BASYS00039 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00040**

Таблица 174 - Данные о протеине BASYS00040 бактериофага Enterobacter phage E7

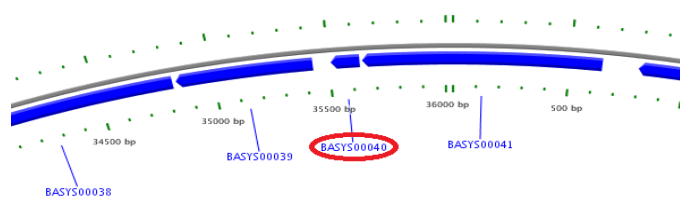
Creation Date	2019/2/24 21:5:40 GMT
Entry ID	BASYS00040.1
Accession No.	BASYS00040
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	35631-35509 (Counterclockwise)
Centisome Position	98.89
Gene Name	BASYS00040
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases agattatcgctaaatatgcatgggtcacgggtggtctgctccagaagctgctggcgcta tcgtgctgccaaagacttcgaaggcttaagggtagcgct
Gene Sequence	ttgagtatgaacgcggagagtgaagtggagccgaccaagaggtagccgacgaag- tagct ctcacgcctcaacagaaggccgattactcgtgctcgtaacaaggcacttaagtctcaa taa
GC Content [Percent]	52.03
Preceding Gene	BASYS00039

Following Gene	BASYS00041
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00040
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_40_residues MSMNAESEVEPTQEVADEVALTPQQKAAITRARNKALKSQ >Mature_39_residues SMNAESEVEPTQEVADEVALTPQQKAAITRARNKALKSQ
No. of Amino Acids	Translated: 40 ; Mature: 39
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 5.0 %Met (Translated) 5.0 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.6 %Met (Mature) 2.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 4372 ; Mature: 4241
Theoretical pI	Translated: 4.80 ; Mature: 4.80
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available

Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available

]	
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Enterobacter phage*



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 338 - Локализация BASYS00040 в геноме бактериофага Enterobacter phage E7

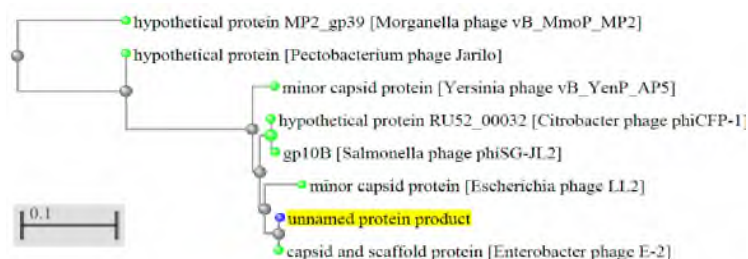


Рисунок 339 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00040 бактериофага Enterobacter phage E7



Рисунок 340 - Конформационная структура BASYS00040 бактериофага Enterobacter phage E7(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00041

Таблица 175 - Данные о протеине BASYS00041 бактериофага Enterobacter phage E7

Creation Date	2019/2/24 21:5:52 GMT
Entry ID	BASYS00041.1

Accession No.	BASYS00041
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	638-35643 (Counterclockwise)
Centisome Position	98.93
Gene Name	BASYS00041
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cacagaactttgtggtcactcccgtaggtaaacattgagaaccaactcgattcaagtag taaccaaacttttcttaataacataaggagattcaac
Gene Sequence	atggctaacattcaaggcggacagcaaattggtactaatcagggtaagggtcagtcgca gcggaacaattggcgctgttctgaaagtgttcgggtggaagtcctgactgctttcgct cgcacctccgtgacaatgcctcgtcacatgctgcgctctattgctccggtgaagtcgca cagttccctgtgattggtcgaccaaagctgcttacctgaaaccgggtgagaacctgat gacaaacgtaaggatatcaaacacaccgagaaggtaatccacattgatggcctgctgact gcggaagttctgatttacgacattgaggacgcatgaaccactacgacgttcgctgag tacaccgcacagttgggtgaatctctggcgatggcggtgacggtgctgtactggctgaa ctggctggtctggttaacctgccggacgcctccaatgagaacatcgagggtctcggtaa cctaccgtactgactctggtaagccgaccactggcgacctgactgacctgggtgagctg ggtaaagcgattattgctcagttgaccatcgctcgtgcatcttgaccaagaactacgtt ccggctgctgaccgaccttctacaccactcctgataacctgatgccgaacgctgcaaac tatcaggcactgctcgacctgagcggtactatccgcaacgtgatgggcttcaagtg gttgaggtccgcacctgacctggtggcgctggtgatacccgtaggatgccccggt gaccagaagcacgcttccggcgacttctagcgctaccgttaaggtgctctggataac gttgtggcctgttccagaccgctctgcggttggtacgggtcaactgaaagacttgct ctggagcgctcgtcgtgtaactatcaggctgaccagattatcgctaaatgctgatg ggtcacggtggtctgcgtccagaagctgctggcgctatcgtgctgcaaaagacttcaag



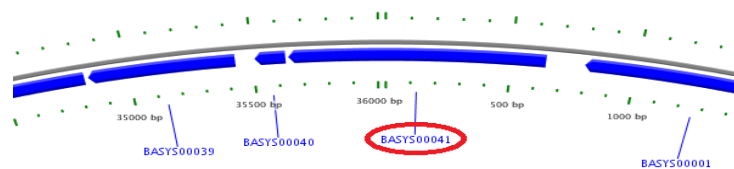
	gcttaa
GC Content [Percent]	55.26
Preceding Gene	BASYS00040
Following Gene	BASYS00001
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Minor Capsid Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_341_residues</p> <p>MANIQGGQQIGTNQGGKQSAADKLALFLKVFGGEVLTA-  FARTSVTMPRHMLRSIASGKSA  QFPVIGRTKAAYLKPGENLDDKRKDIKHITEKVIHIDGLLTADVLIYDIE-  DAMNHVDVRAE  YTAQLGESLAMAADGAVLAELAGLVNLPDASNE-  NIEGLGKPTVLTLVKPTTGDLTDPVEL  GKAIQAQLTIARASLTKNYVPAADRTFYTTDPNLMPNAANYQALLDPERG-  TIRNVMGFEV  VEVPHLTAGGAGDTREDAPADQKHAFPATSSATVKVALDNVVGLFQHR-  SAVGTVKDKDLA  LERARRANYQADQIIAKYAMGHGGLRPEAAGAIVLPKTSKA</p> <p>&gt;Mature_301_residues</p> <p>RTSVTMPRHMLRSIASGKSAQFPVIGRTKAAYLKPGENLDDKRKDIKHITE-  KVIHIDGLLT  ADVLIYDIEDAMNHVDVRAEYTAQLGESLAMAADGAVLAELAGLVNLP-  DASNENIEGLGK  PTVLTLVKPTTGDLTDPVELGKAIQAQLTIARASLTKNYVPAADRT-  FYTTDPNLMPNAAN</p>

	YQALLDPERGTIRNVMGFVEVPHLTAGGAGDTREDAPADQKHAF- PATSSATVKVALDN VVGLFQHRSVAVGTVKLDLALERARRANYQADQIIAKYAMGHGGLR- PEAAGAIVLPKTSK A
No. of Amino Acids	Translated: 341 ; Mature: 301
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.3 %Met (Translated) 2.3 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.3 %Met (Mature) 2.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 36277 ; Mature: 32214
Theoretical pI	Translated: 7.32 ; Mature: 6.98
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown

Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available

Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Enterobacter phage*



BASys: Sunday February 24 21:06:25 2019

Length: 36,031 bp; Genes: 41

Рисунок 341 - Локализация BASYS00041 в геноме бактериофага *Enterobacter phage E7*

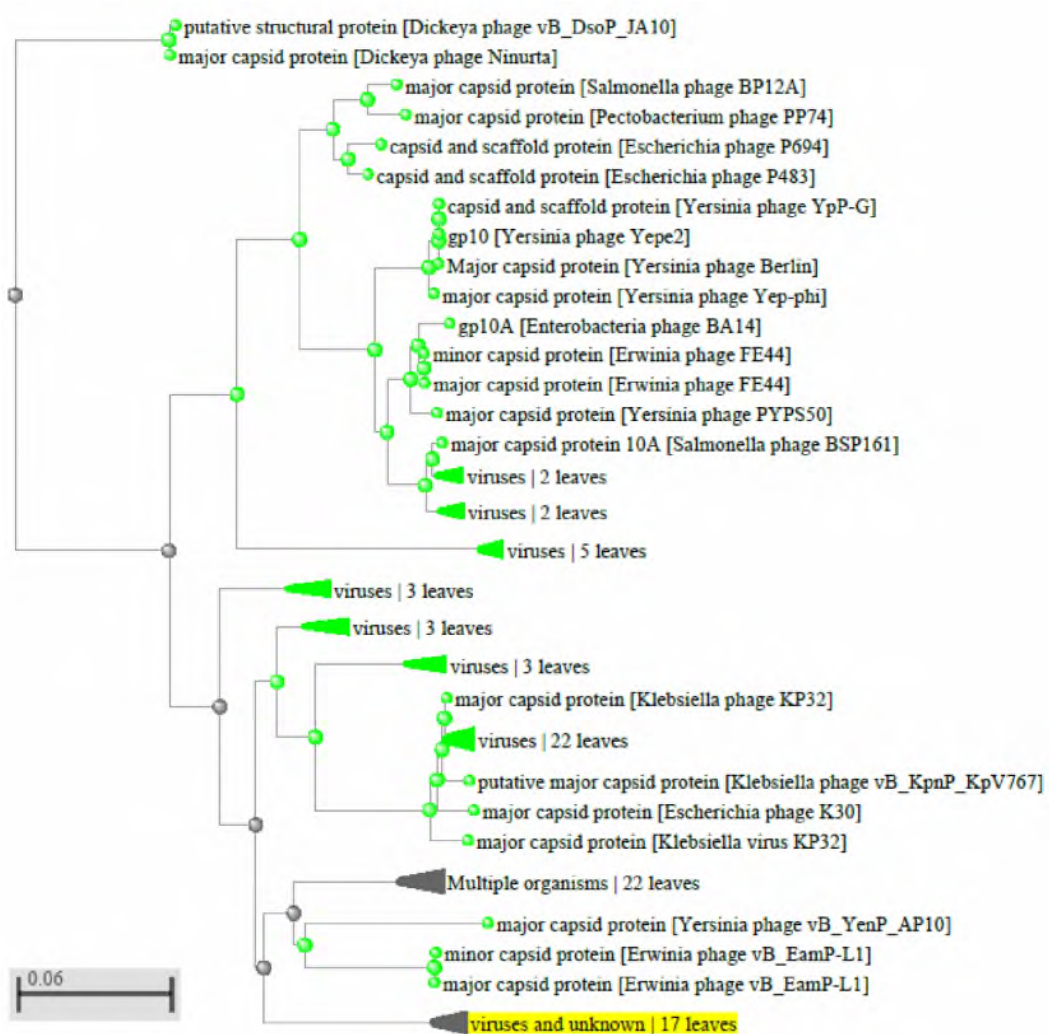


Рисунок 342 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00041 бактериофага Enterobacter phage E7

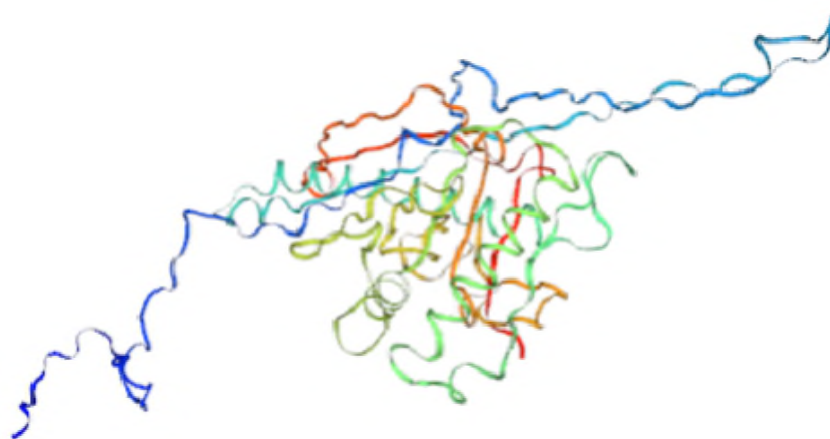


Рисунок 343 - Конформационная структура BASYS00041 бактериофага Enterobacter phage E7 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

При анализе соответствия протеомного состава *Enterobacter* phage E7, количества белков и распределения их по молекулярным массам в биоинформационных приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность (рис. 344).

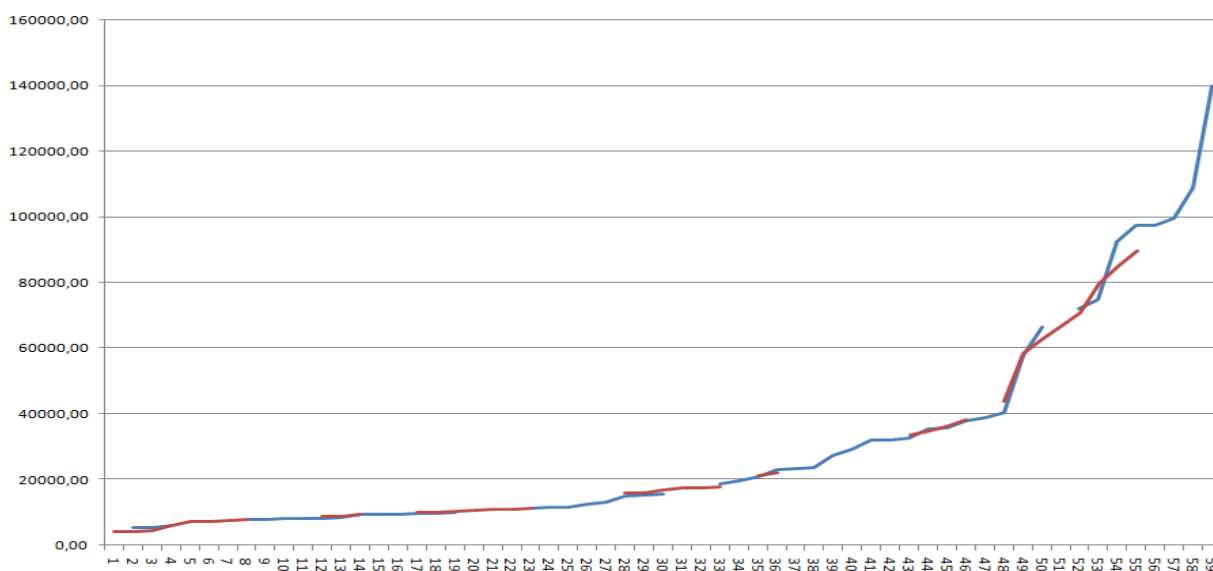


Рисунок 344 - Сравнительный график распределения белкового состава *Enterobacter* phage E7 по молекулярной массе по данным приложений SnapGene Viewer 4.1.9 (красный цвет) и BASys version 1.0 (синий цвет)

### 8.3 *Yersinia* phage (Ye3-f2)

При анализе протеома бактериофага *Yersinia* Ye3-f2 в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 46 белков с молекулярными массами от 4,1 до 144 кДа. Качественный протеомный состав *Yersinia* phage представлен в таблицах 176-177 и рис. 345-348.

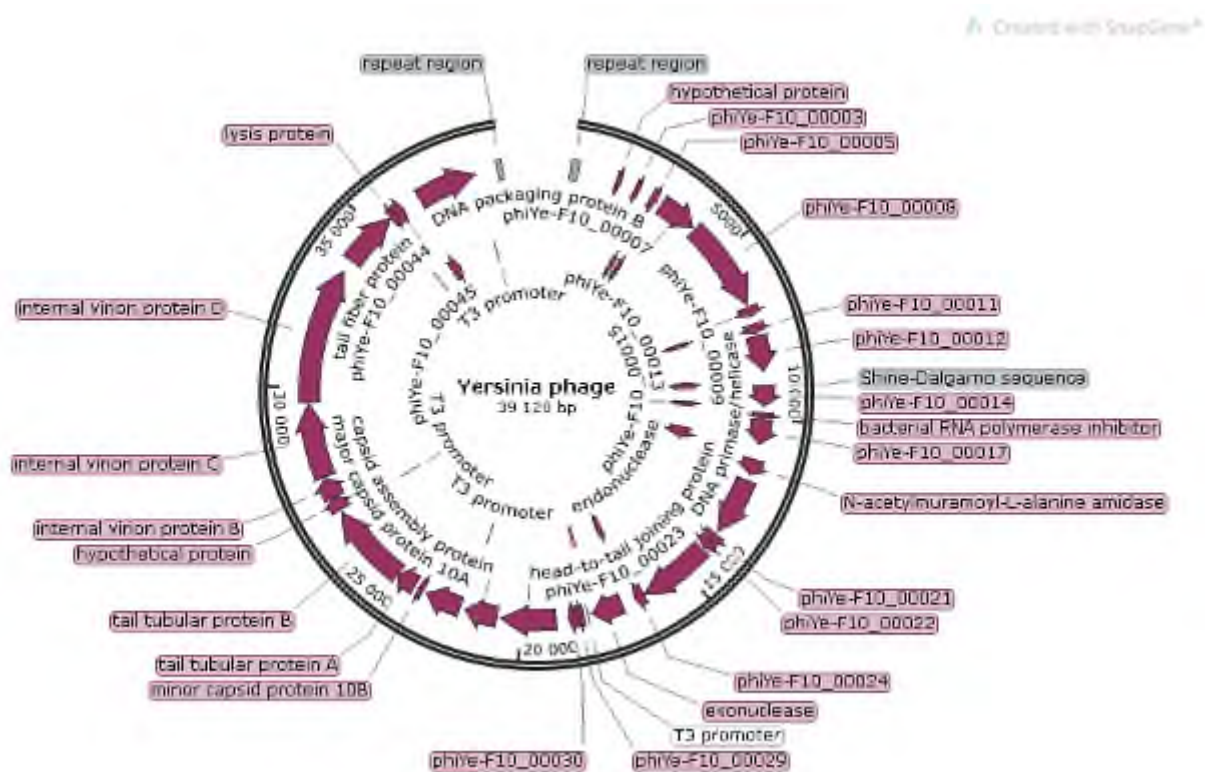


Рисунок 345 - Карта линейной ДНК бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2* с расшифровкой кодирующих областей (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

Таблица 176 - Локализация белков в геноме *Yersinia phage Ye3-f2* (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

Sequence: Yersinia 2.gb (Linear / 39 210 bp)  
 Features: 95 total

































































































Feature	Location	Size			Type	
✓ repeat region	1 .. 235	235 bp			repeat_region	
✓ hypothetical protein-1	993 .. 1358	366 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-2	1358 .. 1507	150 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-3	1935 .. 2087	153 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-4	2358 .. 2474	117 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-5	2471 .. 2668	198 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-6	2655 .. 2825	171 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-7	2840 .. 3949	1110 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-8	4020 .. 6674	2655 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-9	6761 .. 7033	273 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-10	7126 .. 7266	141 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-11	7266 .. 7541	276 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-12	7621 .. 8652	1032 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-13	8825 .. 9082	258 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-14	9082 .. 9654	573 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-15	9641 .. 9778	138 bp			CDS	
✓ bacterial RNA polymerase inhi...	9850 .. 10 011	162 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-16	10 064 .. 10 762	699 bp			CDS	
✓ endonuclease	10 762 .. 11 223	462 bp			CDS	endonuclease
✓ N-acetylmuramoyl-L-alanine...	11 216 .. 11 671	456 bp			CDS	
✓ DNA primase/helicase	11 852 .. 13 552	1701 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-17	13 651 .. 13 863	213 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-18	13 876 .. 14 160	285 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-19	14 228 .. 16 342	2115 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-20	16 359 .. 16 658	300 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-21	16 658 .. 16 867	210 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-22	16 864 .. 17 046	183 bp			CDS	
✓ exonuclease	17 043 .. 17 957	915 bp			CDS	exonuclease
✓ hypothetical protein-23	17 936 .. 18 049	114 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-24	18 194 .. 18 388	195 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-25	18 393 .. 18 644	252 bp			CDS	
✓ host specificity protein B	18 672 .. 18 992	321 bp			CDS	
✓ head-to-tail joining protein	19 003 .. 20 610	1608 bp			CDS	
✓ capsid assembly protein	20 712 .. 21 644	933 bp			CDS	
✓ major capsid protein A	21 801 .. 22 844	1044 bp			CDS	
✓ minor capsid protein B	22 952 .. 23 116	165 bp			CDS	
✓ tail tubular protein A	23 228 .. 23 818	591 bp			CDS	
✓ tail tubular protein B	23 834 .. 26 239	2406 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-26	26 312 .. 26 722	411 bp			CDS	
✓ internal virion protein B	26 725 .. 27 318	594 bp			CDS	
✓ internal virion protein C	27 354 .. 29 564	2211 bp			CDS	
✓ internal virion protein D	29 583 .. 33 545	3963 bp			CDS	
✓ tail fiber protein	33 911 .. 35 560	1650 bp			CDS	tail fiber protei
✓ lysis protein	35 572 .. 35 775	204 bp			CDS	lysis protein
✓ hypothetical protein-27	35 779 .. 36 045	267 bp			CDS	
✓ hypothetical protein-28	36 188 .. 36 586	399 bp			CDS	
✓ DNA packaging protein	36 561 .. 38 324	1764 bp			CDS	

Таблица 177 - Протеомный состав бактериофага Ye3-f2, активного в отношении Yersinia (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)



Наименование	Мол. масса, Да	pI
bacterial RNA polymerase inhibitor	6094	4,6
capsid assembly protein	33769	4,29
DNA packaging protein	66672	5,32
DNA primase/helicase	62837	5,05
Endonuclease	17640	9,48
Exonuclease	34816	4,88
head-to-tail joining protein	58649	4,54
host specificity protein B	10988	9,78
hypothetical protein-1	13957	3,74
hypothetical protein-10	5832	10,58
hypothetical protein-11	10513	7,94
hypothetical protein-12	39034	5,22
hypothetical protein-13	9894	11,2
hypothetical protein-14	21309	8,95
hypothetical protein-15	5268	5,14
hypothetical protein-16	25980	4,78
hypothetical protein-17	7732	10
hypothetical protein-18	10749	9,89
hypothetical protein-19	79847	6,42
hypothetical protein-2	5603	4,43
hypothetical protein-20	11167	7,76
hypothetical protein-21	7260	9,81
hypothetical protein-22	6826	3,91
hypothetical protein-23	4195	9,52
hypothetical protein-24	7458	6,57
hypothetical protein-25	8879	9,13

hypothetical protein-26	15848	5,33
hypothetical protein-27	9888	4,7
hypothetical protein-28	14936	8,82
hypothetical protein-3	5877	9,51
hypothetical protein-4	4333	4,65
hypothetical protein-5	7680	10,5
hypothetical protein-6	6547	11,4
hypothetical protein-7	42515	8,06
hypothetical protein-8	98788	7,09
hypothetical protein-9	10343	9,48
internal virion protein B	21220	9,38
internal virion protein C	84071	5,53
internal virion protein D	143612	8,41
lysis protein	7407	6,08
major capsid protein A	36866	6,26
minor capsid protein B	5211	4,78
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase	16944	8,79
tail fiber protein	58514	5,92
tail tubular protein A	22234	4,48
tail tubular protein B	89821	6,11

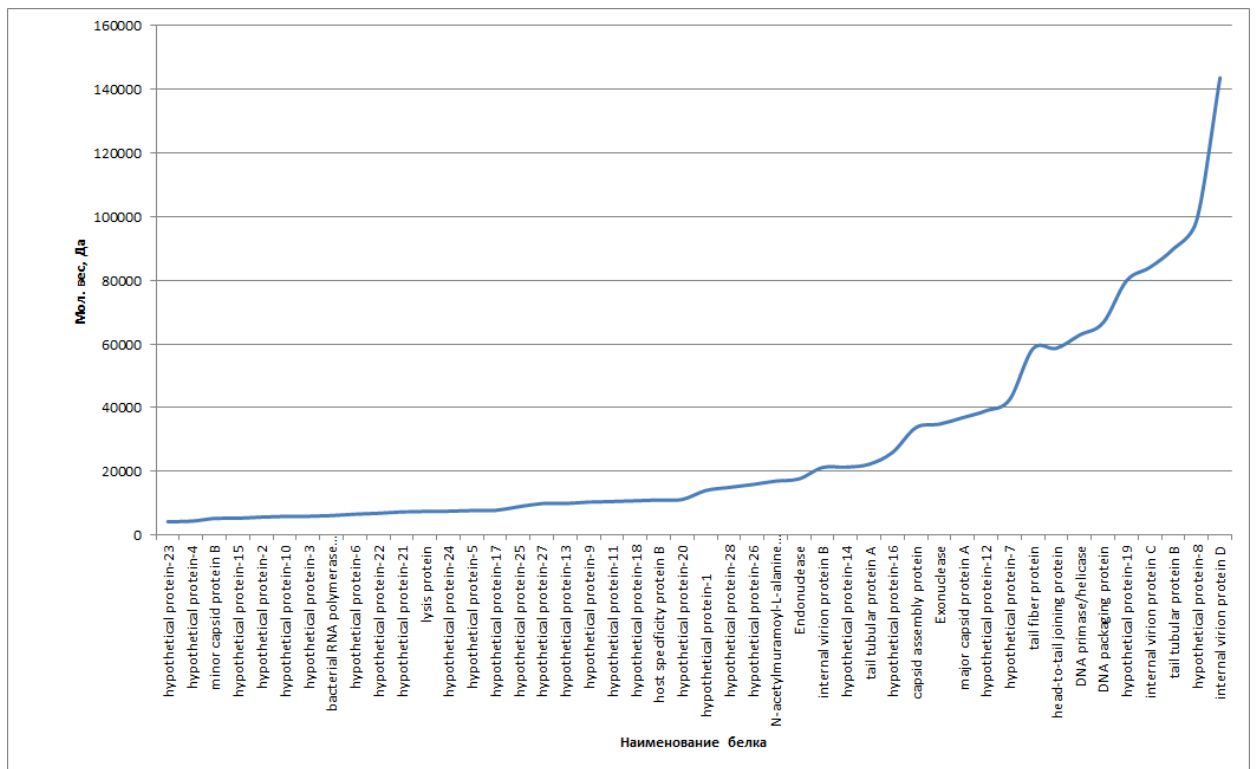


Рисунок 346 - График распределения белкового состава *Yersinia* phage Ye3-f2 по молекулярной массе (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

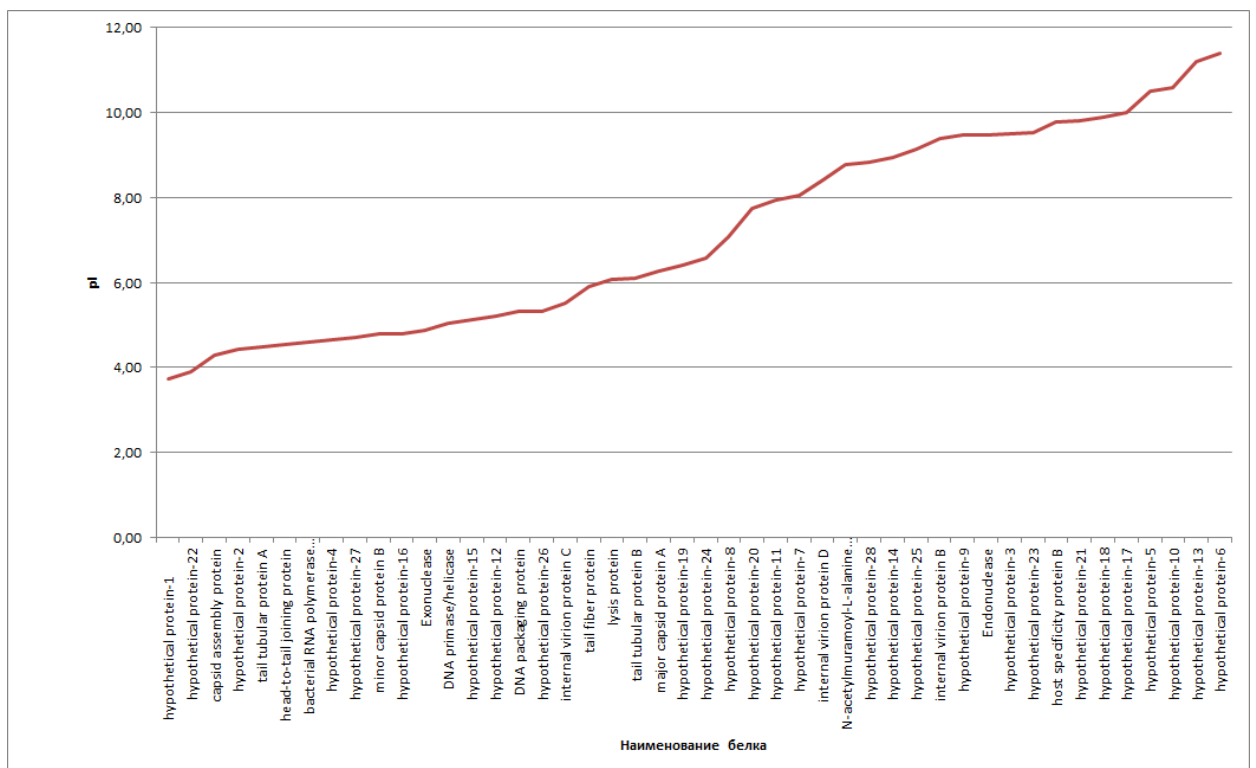


Рисунок 347 - График распределения белкового состава *Yersinia* phage Ye3-f2 по изоэлектрической точке (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

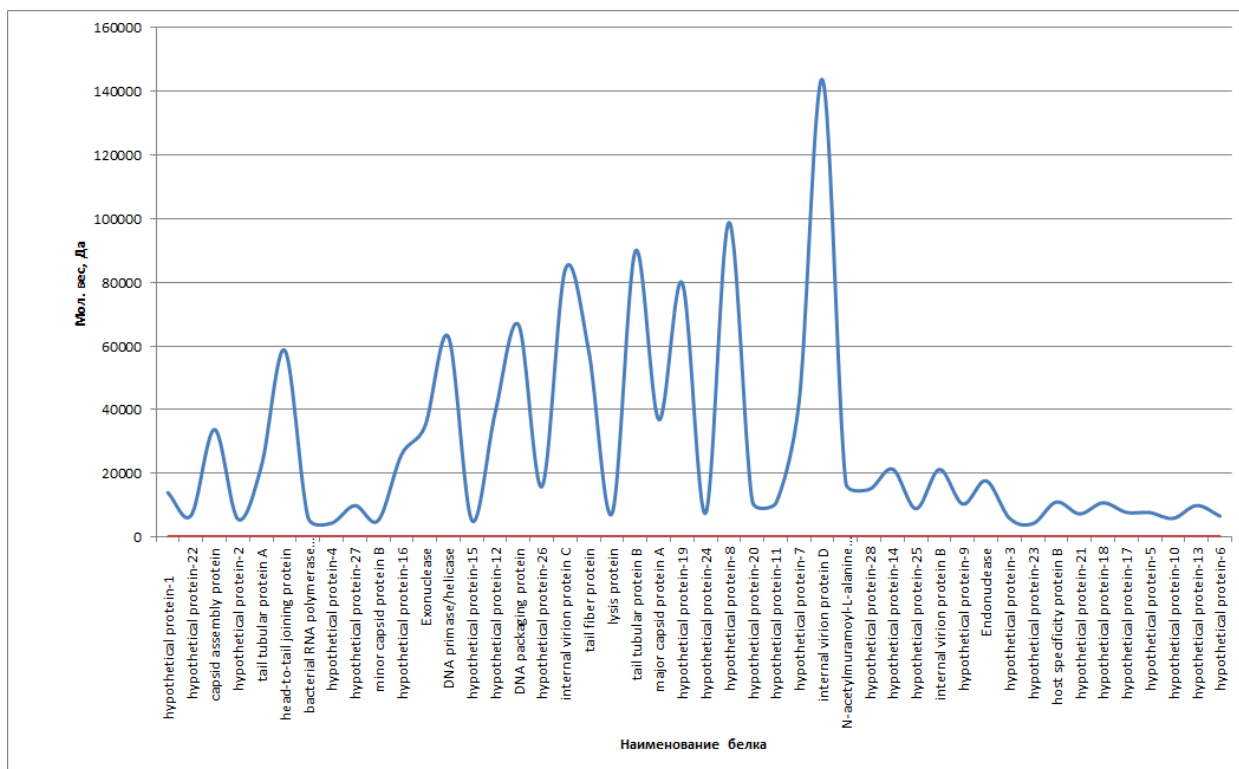


Рисунок 348 - График распределения белкового состава *Yersinia phage Ye3-f2* по молекулярной массе в зависимости от pI (по данным приложения SnapGene Viewer 4.1.9)

### hypothetical protein-1

```

      10      20      30      40      50      60
MAMSNMTYSN VFAHAYEMLN ENIRYDDIRD TDGLGDALHE AADSAVPHYY SDIFSVMASD
      70      80      90     100     110     120
GIDPEFEDSG LMPDTKDVTC ILQARIYEQL TIDLWEKAED LLNEYLEEIE EEEEEVEEDE
E

```

**Number of amino acids:** 121

**Molecular weight:** 13957.10

**Theoretical pI:** 3.74

#### Amino acid composition:

Ala (A)	10	8.3%
Arg (R)	3	2.5%
Asn (N)	5	4.1%
Asp (D)	15	12.4%
Cys (C)	1	0.8%
Gln (Q)	2	1.7%
Glu (E)	21	17.4%
Gly (G)	4	3.3%
His (H)	3	2.5%
Ile (I)	8	6.6%
Leu (L)	10	8.3%
Lys (K)	2	1.7%
Met (M)	6	5.0%
Phe (F)	3	2.5%
Pro (P)	3	2.5%
Ser (S)	7	5.8%
Thr (T)	5	4.1%
Trp (W)	1	0.8%
Tyr (Y)	7	5.8%
Val (V)	5	4.1%

Pyl (O) 0 0.0%  
Sec (U) 0 0.0%  
(B) 0 0.0%  
(Z) 0 0.0%  
(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 36**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 5**

**Atomic composition:**

Carbon C 604  
Hydrogen H 906  
Nitrogen N 146  
Oxygen O 220  
Sulfur S 7

**Formula:** C<sub>604</sub>H<sub>906</sub>N<sub>146</sub>O<sub>220</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 1883

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 15930

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.141, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 15930

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.141, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 67.04

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 78.26

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.592

## hypothetical protein-2

10 20 30 40  
MATTQYGLTA QTVLFYSDMV RCGFDWSLAM VQLKELYEHN KAIALEDAE  
**Number of amino acids:** 49

**Molecular weight:** 5603.39

**Theoretical pI:** 4.43

**Amino acid composition:**

Ala (A) 6 12.2%  
Arg (R) 1 2.0%  
Asn (N) 1 2.0%  
Asp (D) 3 6.1%  
Cys (C) 1 2.0%  
Gln (Q) 3 6.1%  
Glu (E) 4 8.2%  
Gly (G) 2 4.1%  
His (H) 1 2.0%  
Ile (I) 1 2.0%  
Leu (L) 6 12.2%  
Lys (K) 2 4.1%  
Met (M) 3 6.1%  
Phe (F) 2 4.1%  
Pro (P) 0 0.0%  
Ser (S) 2 4.1%  
Thr (T) 4 8.2%  
Trp (W) 1 2.0%  
Tyr (Y) 3 6.1%  
Val (V) 3 6.1%

Pyl (O) 0 0.0%  
Sec (U) 0 0.0%  
(B) 0 0.0%  
(Z) 0 0.0%  
(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 7**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 3**

**Atomic composition:**

Carbon C 250  
Hydrogen H 383  
Nitrogen N 61  
Oxygen O 77  
Sulfur S 4

**Formula:** C<sub>250</sub>H<sub>383</sub>N<sub>61</sub>O<sub>77</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 775

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 9970

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.779, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 9970

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.779, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 25.46

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 85.71

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.010

## hypothetical protein-3

10 20 30 40 50  
MKRYAILIPG WCYSMTCYGY NERDARARFR DQQGFGKRLP NGTAVWEVTV

**Number of amino acids:** 50

**Molecular weight:** 5876.75

**Theoretical pI:** 9.51

**Amino acid composition:**

Ala (A) 4 8.0%  
Arg (R) 6 12.0%  
Asn (N) 2 4.0%  
Asp (D) 2 4.0%  
Cys (C) 2 4.0%  
Gln (Q) 2 4.0%  
Glu (E) 2 4.0%  
Gly (G) 5 10.0%  
His (H) 0 0.0%  
Ile (I) 2 4.0%  
Leu (L) 2 4.0%  
Lys (K) 2 4.0%  
Met (M) 2 4.0%  
Phe (F) 2 4.0%  
Pro (P) 2 4.0%  
Ser (S) 1 2.0%  
Thr (T) 3 6.0%  
Trp (W) 2 4.0%  
Tyr (Y) 4 8.0%  
Val (V) 3 6.0%  
Pyl (O) 0 0.0%

Sec (U) 0 0.0%  
(B) 0 0.0%  
(Z) 0 0.0%  
(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 4**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 8**

**Atomic composition:**

Carbon C 262  
Hydrogen H 398  
Nitrogen N 76  
Oxygen O 71  
Sulfur S 4

**Formula:** C<sub>262</sub>H<sub>398</sub>N<sub>76</sub>O<sub>71</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 811

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 17085

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.907, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 16960

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.886, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 27.44

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 56.60

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.542

## hypothetical protein-4

10 20 30  
MAFMINITGE HDMFEKVVNW SIGPIIVLII MNNSGYFS

**Number of amino acids:** 38

**Molecular weight:** 4333.12

**Theoretical pI:** 4.65

**Amino acid composition:**

Ala (A) 1 2.6%  
Arg (R) 0 0.0%  
Asn (N) 4 10.5%  
Asp (D) 1 2.6%  
Cys (C) 0 0.0%  
Gln (Q) 0 0.0%  
Glu (E) 2 5.3%  
Gly (G) 3 7.9%  
His (H) 1 2.6%  
Ile (I) 7 18.4%  
Leu (L) 1 2.6%  
Lys (K) 1 2.6%  
Met (M) 4 10.5%  
Phe (F) 3 7.9%  
Pro (P) 1 2.6%  
Ser (S) 3 7.9%  
Thr (T) 1 2.6%  
Trp (W) 1 2.6%  
Tyr (Y) 1 2.6%  
Val (V) 3 7.9%  
Pyl (O) 0 0.0%  
Sec (U) 0 0.0%

(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 3**  
**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 1**  
**Atomic composition:**

Carbon	C	199
Hydrogen	H	304
Nitrogen	N	46
Oxygen	O	54
Sulfur	S	4

**Formula:** C<sub>199</sub>H<sub>304</sub>N<sub>46</sub>O<sub>54</sub>S<sub>4</sub>  
**Total number of atoms:** 607  
**Extinction coefficients:**  
Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.  
Ext. coefficient       6990  
Abs 0.1% (=1 g/l)    1.613  
**Estimated half-life:**  
The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
                                  >20 hours (yeast, in vivo).  
                                  >10 hours (Escherichia coli, in vivo).  
**Instability index:**  
The instability index (II) is computed to be 8.91  
This classifies the protein as stable.  
**Aliphatic index:** 107.63  
**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.684

## hypothetical protein-5

	10	20	30	40	50	60
--	----	----	----	----	----	----

MMAALIALVY LCIAMYFMRD FKRGLVIHKA TLSYFKWGF I PRFTVRRERNG RFKANKVGVF  
YIATH

**Number of amino acids:** 65  
**Molecular weight:** 7680.29  
**Theoretical pI:** 10.50  
**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	10.8%
Arg (R)	6	9.2%
Asn (N)	2	3.1%
Asp (D)	1	1.5%
Cys (C)	1	1.5%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	1	1.5%
Gly (G)	4	6.2%
His (H)	2	3.1%
Ile (I)	5	7.7%
Leu (L)	5	7.7%
Lys (K)	5	7.7%
Met (M)	4	6.2%
Phe (F)	7	10.8%
Pro (P)	1	1.5%
Ser (S)	1	1.5%
Thr (T)	3	4.6%
Trp (W)	1	1.5%
Tyr (Y)	4	6.2%
Val (V)	5	7.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%



(X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 2**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 11**

**Atomic composition:**

Carbon	C	362
Hydrogen	H	557
Nitrogen	N	95
Oxygen	O	80
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>362</sub>H<sub>557</sub>N<sub>95</sub>O<sub>80</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 1099

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient	11460
Abs 0.1% (=1 g/l)	1.492, assuming all pairs of Cys residues form cystines
Ext. coefficient	11460
Abs 0.1% (=1 g/l)	1.492, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 16.21  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 93.08

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.395

## hypothetical protein-6

10 20 30 40 50

MLRTNSKHVK IALYAMAYGA SKRKVKRILT RHRKMTARQA ASAVKWAEFT LYSSYR

**Number of amino acids:** 56

**Molecular weight:** 6546.78

**Theoretical pI:** 11.40

**Amino acid composition:**

Ala (A)	9	16.1%
Arg (R)	7	12.5%
Asn (N)	1	1.8%
Asp (D)	0	0.0%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	1	1.8%
Glu (E)	1	1.8%
Gly (G)	1	1.8%
His (H)	2	3.6%
Ile (I)	2	3.6%
Leu (L)	4	7.1%
Lys (K)	7	12.5%
Met (M)	3	5.4%
Phe (F)	1	1.8%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	5	8.9%
Thr (T)	4	7.1%
Trp (W)	1	1.8%
Tyr (Y)	4	7.1%
Val (V)	3	5.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 1  
Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 14

**Atomic composition:**

Carbon	C	292
Hydrogen	H	481
Nitrogen	N	91
Oxygen	O	74
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>292</sub>H<sub>481</sub>N<sub>91</sub>O<sub>74</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 941

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 11460

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.750

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.41

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 73.39

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.491

## hypothetical protein-7

10	20	30	40	50	60
MTFTEAQAAL	EAIRNLP IER	LN ERQPMLVA	LAAAI VNAET	QD GELTQAKG	NWGLE SMDYW
70	80	90	100	110	120
QTLAERM RDV	GFIKLGNGHF	SAA YEHALLP	GKVIK VGFKK	EDSGA AYA AF	CRMNQ GREGI
130	140	150	160	170	180
PTVYDIQRHT	GCYTVVLDYL	TPLNDWCYGE	SDKIR HHHFHA	AREIIEEDCF	DTAEEYPISE
190	200	210	220	230	240
GFIETCKDIR	KFFLGIASF D	CHSGNMMKDQ	MGR LIITDPV	SFSAD DKLKP	GEFHCDPDEL
250	260	270	280	290	300
IAEIEALRAQ	EAIDRCKARK	ARRDPNGTFQ	VARKAR I KWR	RKASKREKRN	AKVLARMRMD
310	320	330	340	350	360
ANQNR RDEPR	ARMVWGDKHW	RNAWMH HNNL	NFAELERRAA	AAMMMHDEVR	IQW GKPLHID
AYLDKRLQG					

**Number of amino acids:** 369

**Molecular weight:** 42515.47

**Theoretical pI:** 8.06

**Amino acid composition:**

Ala (A)	43	11.7%
Arg (R)	34	9.2%
Asn (N)	16	4.3%
Asp (D)	26	7.0%
Cys (C)	8	2.2%
Gln (Q)	13	3.5%
Glu (E)	29	7.9%
Gly (G)	22	6.0%
His (H)	13	3.5%
Ile (I)	22	6.0%
Leu (L)	25	6.8%
Lys (K)	23	6.2%
Met (M)	15	4.1%
Phe (F)	15	4.1%
Pro (P)	12	3.3%
Ser (S)	10	2.7%

Thr (T) 13 3.5%  
 Trp (W) 8 2.2%  
 Tyr (Y) 9 2.4%  
 Val (V) 13 3.5%  
 Pyl (O) 0 0.0%  
 Sec (U) 0 0.0%  
 (B) 0 0.0%  
 (Z) 0 0.0%  
 (X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 55**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 57**

**Atomic composition:**

Carbon C 1863  
 Hydrogen H 2921  
 Nitrogen N 557  
 Oxygen O 541  
 Sulfur S 23

**Formula:** C<sub>1863</sub>H<sub>2921</sub>N<sub>557</sub>O<sub>541</sub>S<sub>23</sub>

**Total number of atoms:** 5905

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 57910

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.362, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 57410

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.350, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.94

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 71.54

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.612

## hypothetical protein-8

10	20	30	40	50	60
MNI IENIEKN	DFSEIELAAI	PFNTLADHYG	SALAREQLAL	EHESYELGER	RFLKMLERQA
70	80	90	100	110	120
KAGEIADNAA	AKPLLATLLP	KLTARIVEWL	EEYASKKGRK	PVAYAPLQSL	KPEASAFITL
130	140	150	160	170	180
KVILASLTST	NMTTIQAAAG	MLGKAIIEEA	RFGRIRDLEA	KHFKKHVEEQ	LNKRHGQVYK
190	200	210	220	230	240
KAFMQVVEAD	MIGRGLLGGE	AWSSWDKETT	MHVGIRLIEM	LIESTGLVEL	QRHNAGNAGS
250	260	270	280	290	300
DHEALQLAQE	YVDVLAKRAG	ALAGISPMFQ	PCVPPKPWV	SITGGGYWAN	GRRPLALIRT
310	320	330	340	350	360
HSKKGLMRYE	DVYMPEVYKA	VNIAQNTAWK	INKKVLAVVN	EIVNWKNCVP	ADIPSLERQE
370	380	390	400	410	420
LPPKPDDIDT	NEAALKWKK	AAAGVYRLDK	ARVSRRLSLE	FMLEQANKFA	SKKAIWFPYN
430	440	450	460	470	480
MDWRGRVYAV	PMFNPQNDM	TKGLLTLAKG	KPIGEEGFYW	LKIHGANCAG	VDKVPFPERI
490	500	510	520	530	540
AFIEKHVDDI	LACAKDPINN	TWWAEQDSPF	CFLAFCFEYA	GVAHHGLSYN	CSLPLAFDGS
550	560	570	580	590	600
CSGIQHFSAM	LRDEVGGRAV	NLLPSETVQD	IYGIVAQKVN	EILKQDAING	TPNEMITVTD
610	620	630	640	650	660
KDTGEISEKL	KLGTSTLAQQ	WLAYGVTRSV	TKRSVMTLAY	GSKEFGFRQQ	VLDDTIQPAI
670	680	690	700	710	720

DSGKGLMFTQ PNQAAGYMAK LIWDAVSVTV VAAVEAMNWL KSAAKLLAAE VKDKKTKEIL  
 73Q 74Q 75Q 76Q 77Q 78Q  
 RHRCVAVHWT PDGFPVWQEY RKPLQKRLDM IFLGQFRLQP TINTLKDSGI DAHKQESGIA  
 79Q 80Q 81Q 82Q 83Q 84Q  
 PNFVHSQDGS HLRMTVVYAH EKYGIESFAL IHDSFGTIPA DAGKLFKAVR ETMVITYENN  
 85Q 86Q 87Q 88Q  
 DVLADFYDQF ADQLHETQLD KMPPLPKKGN LNLQDILKSD FAFA

**Number of amino acids:** 884

**Molecular weight:** 98787.56

**Theoretical pI:** 7.09

**Amino acid composition:**

Ala (A)	96	10.9%
Arg (R)	38	4.3%
Asn (N)	37	4.2%
Asp (D)	47	5.3%
Cys (C)	9	1.0%
Gln (Q)	37	4.2%
Glu (E)	60	6.8%
Gly (G)	57	6.4%
His (H)	22	2.5%
Ile (I)	52	5.9%
Leu (L)	82	9.3%
Lys (K)	68	7.7%
Met (M)	25	2.8%
Phe (F)	35	4.0%
Pro (P)	40	4.5%
Ser (S)	41	4.6%
Thr (T)	41	4.6%
Trp (W)	18	2.0%
Tyr (Y)	25	2.8%
Val (V)	54	6.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 107

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 106

**Atomic composition:**

Carbon	C	4442
Hydrogen	H	6974
Nitrogen	N	1202
Oxygen	O	1280
Sulfur	S	34

**Formula:** C<sub>4442</sub>H<sub>6974</sub>N<sub>1202</sub>O<sub>1280</sub>S<sub>34</sub>

**Total number of atoms:** 13932

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 136750

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.384, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 136250

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.379, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 36.95

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 87.69

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.253

## hypothetical protein-9

10 20 30 40 50 60  
MINIKAFFKN IFKLNRLTSV KFYAWMPGSD DLRKTEFKLG LGPCGKVVKK LECYSTSSGM  
70 80 90  
VIFQTEDNE TKSFYYPKGS TCGRIERTYS

**Number of amino acids:** 90

**Molecular weight:** 10343.01

**Theoretical pI:** 9.48

### Amino acid composition:

Ala (A)	2	2.2%
Arg (R)	4	4.4%
Asn (N)	4	4.4%
Asp (D)	3	3.3%
Cys (C)	3	3.3%
Gln (Q)	1	1.1%
Glu (E)	5	5.6%
Gly (G)	7	7.8%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	5	5.6%
Leu (L)	6	6.7%
Lys (K)	11	12.2%
Met (M)	3	3.3%
Phe (F)	7	7.8%
Pro (P)	3	3.3%
Ser (S)	8	8.9%
Thr (T)	8	8.9%
Trp (W)	1	1.1%
Tyr (Y)	5	5.6%
Val (V)	4	4.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 8

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 15

### Atomic composition:

Carbon	C	468
Hydrogen	H	729
Nitrogen	N	119
Oxygen	O	133
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>468</sub>H<sub>729</sub>N<sub>119</sub>O<sub>133</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 1455

### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient	13075
Abs 0.1% (=1 g/l)	1.264, assuming all pairs of Cys residues form cystines
Ext. coefficient	12950
Abs 0.1% (=1 g/l)	1.252, assuming all Cys residues are reduced

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

### Instability index:

The instability index (II) is computed to be 47.16

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 62.78

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.388

## hypothetical protein-10

10 20 30 40  
MRTNFEKFTK RDSVVNEHGE QWQESRDRMK KRHKQQRGNS QKREWN

**Number of amino acids:** 46

**Molecular weight:** 5832.46

**Theoretical pI:** 10.58

### Amino acid composition:

Ala (A)	0	0.0%
Arg (R)	7	15.2%
Asn (N)	4	8.7%
Asp (D)	2	4.3%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	5	10.9%
Glu (E)	5	10.9%
Gly (G)	2	4.3%
His (H)	2	4.3%
Ile (I)	0	0.0%
Leu (L)	0	0.0%
Lys (K)	6	13.0%
Met (M)	2	4.3%
Phe (F)	2	4.3%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	3	6.5%
Thr (T)	2	4.3%
Trp (W)	2	4.3%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	2	4.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 7

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 13

### Atomic composition:

Carbon	C	245
Hydrogen	H	390
Nitrogen	N	88
Oxygen	O	75
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>245</sub>H<sub>390</sub>N<sub>88</sub>O<sub>75</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 800

### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 11000

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.886

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

### Instability index:

The instability index (II) is computed to be 55.21

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 12.61

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -2.302

## hypothetical protein-11

10 20 30 40 50 60  
MMGRIYSGNL NDYKDAVARL QEDHDVTVKM ESFSYENPAK MCRSSGEVLR VFTRSGHPVA  
70 80 90  
SRTFEHSDSD VQINAQTAWL RKVHSELKHW K

**Number of amino acids:** 91

**Molecular weight:** 10512.80

**Theoretical pI:** 7.94

### Amino acid composition:

Ala (A)	6	6.6%
Arg (R)	7	7.7%
Asn (N)	4	4.4%
Asp (D)	6	6.6%
Cys (C)	1	1.1%
Gln (Q)	3	3.3%
Glu (E)	6	6.6%
Gly (G)	4	4.4%
His (H)	5	5.5%
Ile (I)	2	2.2%
Leu (L)	5	5.5%
Lys (K)	6	6.6%
Met (M)	4	4.4%
Phe (F)	3	3.3%
Pro (P)	2	2.2%
Ser (S)	10	11.0%
Thr (T)	4	4.4%
Trp (W)	2	2.2%
Tyr (Y)	3	3.3%
Val (V)	8	8.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 12

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 13

### Atomic composition:

Carbon	C	456
Hydrogen	H	711
Nitrogen	N	137
Oxygen	O	140
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>456</sub>H<sub>711</sub>N<sub>137</sub>O<sub>140</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 1449

### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 15470

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.472, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 15470

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.472, assuming all Cys residues are reduced

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

### Instability index:

The instability index (II) is computed to be 48.49

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 62.09

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.745

## hypothetical protein-12

```

      10           20           30           40           50           60
MRNNRMNIFK TNPFKAVSFV ESAVKKALET SGYLMADIKY DGVRGNIVVD NVAEAAWLSR
      70           80           90           100          110          120
VSKFIPALEH LNGFDKRWQQ LLNDDRCIFP DGFMLDGELM VKGVDFNTGS GLLRTKWLKK
      130          140          150          160          170          180
NNFMFDRGGV EPLKGSKVAF ELDPKRLSVR LYAVMPIHIA ESGEDYDVQN LLMPYHVEAM
      190          200          210          220          230          240
RSLLVEYFPE IEWLIAETYE VYDMSLSSEL YEAKRAEGHE GLIVKDPQGI YKRGKKSQWW
      250          260          270          280          290          300
KLKPECEADG IIQGVNNGTE GLANEGKVIC FSVLLETGRL VDANNISRAL MDEFTANVKA
      310          320          330          340
HGEDFYNGWA CQVNYMEETP DGSLRHPSFE KFRGTEDNPQ EKM
```

**Number of amino acids:** 343

**Molecular weight:** 39034.45

**Theoretical pI:** 5.22

### Amino acid composition:

Ala (A)	22	6.4%
Arg (R)	17	5.0%
Asn (N)	20	5.8%
Asp (D)	22	6.4%
Cys (C)	3	0.9%
Gln (Q)	7	2.0%
Glu (E)	31	9.0%
Gly (G)	29	8.5%
His (H)	6	1.7%
Ile (I)	15	4.4%
Leu (L)	31	9.0%
Lys (K)	25	7.3%
Met (M)	13	3.8%
Phe (F)	17	5.0%
Pro (P)	13	3.8%
Ser (S)	17	5.0%
Thr (T)	10	2.9%
Trp (W)	8	2.3%
Tyr (Y)	12	3.5%
Val (V)	25	7.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 53

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 42

### Atomic composition:

Carbon	C	1750
Hydrogen	H	2698
Nitrogen	N	466
Oxygen	O	516
Sulfur	S	16

**Formula:** C<sub>1750</sub>H<sub>2698</sub>N<sub>466</sub>O<sub>516</sub>S<sub>16</sub>

**Total number of atoms:** 5446

### Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 62005

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.588, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 61880

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.585, assuming all Cys residues are reduced

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).



>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 36.73

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.85

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.406

## hypothetical protein-13

10 20 30 40 50 60  
MRLHFNTSNG IFSVRREDRS TAVASERNAK LPLIGSVVPL SPRVHLLITR GEFIKAMNKE  
70 80

RPHLEAVVTY WPRIRLFVKW IKEVL

**Number of amino acids:** 85

**Molecular weight:** 9893.68

**Theoretical pI:** 11.20

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	5.9%
Arg (R)	10	11.8%
Asn (N)	4	4.7%
Asp (D)	1	1.2%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	6	7.1%
Gly (G)	3	3.5%
His (H)	3	3.5%
Ile (I)	6	7.1%
Leu (L)	9	10.6%
Lys (K)	5	5.9%
Met (M)	2	2.4%
Phe (F)	4	4.7%
Pro (P)	5	5.9%
Ser (S)	6	7.1%
Thr (T)	4	4.7%
Trp (W)	2	2.4%
Tyr (Y)	1	1.2%
Val (V)	9	10.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 7

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 15

**Atomic composition:**

Carbon	C	450
Hydrogen	H	730
Nitrogen	N	132
Oxygen	O	115
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>450</sub>H<sub>730</sub>N<sub>132</sub>O<sub>115</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 1429

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 12490

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.262

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 26.55

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 105.41

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.112

## hypothetical protein-14

```
      10      20      30      40      50      60
MLQHHWNKPD LEARFPVNSA VRYSGDNPVL KGLTGTVQGH SHTGRVKVRF GVREAENVHPS
      70      80      90     100     110     120
VLIPLPKVGP NVEEPKSAVK SDVTHPNISL HTSNCKIWNQ ANRCTCEPNS DDGVKQPRHY
     130     140     150     160     170     180
QLFDNVEAIE VIARSMTVEA FRGYCLGNIL KYRLRAGKKS ELATMEKDLN KAAFYQELFD
     190
KHRGLCYDAS
```

**Number of amino acids:** 190

**Molecular weight:** 21309.23

**Theoretical pI:** 8.95

**Amino acid composition:**

Ala (A)	13	6.8%
Arg (R)	12	6.3%
Asn (N)	12	6.3%
Asp (D)	9	4.7%
Cys (C)	5	2.6%
Gln (Q)	5	2.6%
Glu (E)	12	6.3%
Gly (G)	13	6.8%
His (H)	9	4.7%
Ile (I)	6	3.2%
Leu (L)	15	7.9%
Lys (K)	14	7.4%
Met (M)	3	1.6%
Phe (F)	6	3.2%
Pro (P)	11	5.8%
Ser (S)	12	6.3%
Thr (T)	8	4.2%
Trp (W)	2	1.1%
Tyr (Y)	6	3.2%
Val (V)	17	8.9%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 21

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 26

**Atomic composition:**

Carbon	C	938
Hydrogen	H	1479
Nitrogen	N	277
Oxygen	O	276
Sulfur	S	8

**Formula:** C<sub>938</sub>H<sub>1479</sub>N<sub>277</sub>O<sub>276</sub>S<sub>8</sub>

**Total number of atoms:** 2978

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 20190

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.947, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 19940  
Abs 0.1% (=1 g/l) 0.936, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 36.53

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 75.89

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.548

## hypothetical protein-15

10 20 30 40  
MTLRECCDWC AAKWNQAI EA GDEAAANAYQ QLYALWERRF KEANK

**Number of amino acids:** 45

**Molecular weight:** 5267.92

**Theoretical pI:** 5.14

**Amino acid composition:**

Ala (A)	10	22.2%
Arg (R)	3	6.7%
Asn (N)	3	6.7%
Asp (D)	2	4.4%
Cys (C)	3	6.7%
Gln (Q)	3	6.7%
Glu (E)	5	11.1%
Gly (G)	1	2.2%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	1	2.2%
Leu (L)	3	6.7%
Lys (K)	3	6.7%
Met (M)	1	2.2%
Phe (F)	1	2.2%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	0	0.0%
Thr (T)	1	2.2%
Trp (W)	3	6.7%
Tyr (Y)	2	4.4%
Val (V)	0	0.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 7

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 6

**Atomic composition:**

Carbon	C	230
Hydrogen	H	346
Nitrogen	N	66
Oxygen	O	69
Sulfur	S	4

**Formula:** C<sub>230</sub>H<sub>346</sub>N<sub>66</sub>O<sub>69</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 715

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 19605

Abs 0.1% (=1 g/l) 3.722, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 19480

Abs 0.1% (=1 g/l) 3.698, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 67.75

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 56.89

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.689

## bacterial RNA polymerase inhibitor

10 20 30 40 50  
MYSEQKYLTT IEGNTESFEV PVFARSLEEA TLQAEHYEDA GFVVTRIRPE VKA

**Number of amino acids:** 53

**Molecular weight:** 6093.82

**Theoretical pI:** 4.60

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	9.4%
Arg (R)	3	5.7%
Asn (N)	1	1.9%
Asp (D)	1	1.9%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	2	3.8%
Glu (E)	9	17.0%
Gly (G)	2	3.8%
His (H)	1	1.9%
Ile (I)	2	3.8%
Leu (L)	4	7.5%
Lys (K)	2	3.8%
Met (M)	1	1.9%
Phe (F)	3	5.7%
Pro (P)	2	3.8%
Ser (S)	3	5.7%
Thr (T)	4	7.5%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	3	5.7%
Val (V)	5	9.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 10

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 5

**Atomic composition:**

Carbon	C	273
Hydrogen	H	421
Nitrogen	N	69
Oxygen	O	87
Sulfur	S	1

**Formula:** C<sub>273</sub>H<sub>421</sub>N<sub>69</sub>O<sub>87</sub>S<sub>1</sub>

**Total number of atoms:** 851

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 4470  
Abs 0.1% (=1 g/l) 0.734

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 75.61  
This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 80.94

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.351

## hypothetical protein-16

```
10      20      30      40      50      60
MAGFKKKIYT SGLGTAEPYA YLSKPDY GNE ERGFGNPRGV YKVDLTL SNK DPCRCQAMVDE
70      80      90      100     110     120
IVKCHEEAYA AAVEE EFEANP PQVQRGKKPL KPYEGDMPFF DNGDGTTFK FKCYASFQDK
130     140     150     160     170     180
KTKETKHINL VVVD SKGKKI QEVPIIGGGS KLKVKYSLVP YKWNTAVGAS VKLQLESVML
190     200     210     220     230
VELATFGGGS EDEWADEVED GGYTASESRQ SRDEQEWQED EHEETPDDDE DF
```

**Number of amino acids:** 232

**Molecular weight:** 25979.84

**Theoretical pI:** 4.78

**Amino acid composition:**

Ala (A)	15	6.5%
Arg (R)	6	2.6%
Asn (N)	7	3.0%
Asp (D)	18	7.8%
Cys (C)	3	1.3%
Gln (Q)	9	3.9%
Glu (E)	26	11.2%
Gly (G)	21	9.1%
His (H)	3	1.3%
Ile (I)	6	2.6%
Leu (L)	12	5.2%
Lys (K)	24	10.3%
Met (M)	4	1.7%
Phe (F)	10	4.3%
Pro (P)	12	5.2%
Ser (S)	13	5.6%
Thr (T)	12	5.2%
Trp (W)	3	1.3%
Tyr (Y)	11	4.7%
Val (V)	17	7.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 44

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 30

**Atomic composition:**

Carbon	C	1151
Hydrogen	H	1761
Nitrogen	N	299
Oxygen	O	373
Sulfur	S	7

**Formula:** C<sub>1151</sub>H<sub>1761</sub>N<sub>299</sub>O<sub>373</sub>S<sub>7</sub>

**Total number of atoms:** 3591

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 33015

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.271, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 32890

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.266, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.82

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 57.97

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.817

## Endonuclease

10 20 30 40 50 60  
MAGAYAARGV RKGAFRSGL EDKVSQLES KGIKFDYELW RIPYVIPASD HLYTPDFLLP  
70 80 90 100 110 120  
NGIFIETKGL WSDDDRKKHL LIREQHPELD IRLVFSSRS KLYKGSPTS Y AEWCEKHGIL  
130 140 150  
FADKLIPVEW LKEPKKEVPF DKFKTKKGVK KNG

**Number of amino acids:** 153

**Molecular weight:** 17640.43

**Theoretical pI:** 9.48

**Amino acid composition:**

Ala (A)	8	5.2%
Arg (R)	8	5.2%
Asn (N)	2	1.3%
Asp (D)	10	6.5%
Cys (C)	1	0.7%
Gln (Q)	2	1.3%
Glu (E)	11	7.2%
Gly (G)	11	7.2%
His (H)	4	2.6%
Ile (I)	9	5.9%
Leu (L)	15	9.8%
Lys (K)	21	13.7%
Met (M)	1	0.7%
Phe (F)	8	5.2%
Pro (P)	9	5.9%
Ser (S)	11	7.2%
Thr (T)	4	2.6%
Trp (W)	4	2.6%
Tyr (Y)	6	3.9%
Val (V)	8	5.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 21

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 29

**Atomic composition:**

Carbon	C	813
Hydrogen	H	1268

Nitrogen N 214  
Oxygen O 221  
Sulfur S 2

**Formula:** C<sub>813</sub>H<sub>1268</sub>N<sub>214</sub>O<sub>221</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 2518

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 30940

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.754, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 30940

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.754, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 30.44

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 81.57

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.573

## N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase

10 20 30 40 50 60  
MAKVQFKPRE TTEAIFVHCS ATKPSQNIQV REIRQWHKEQ GWLDVGYHFI IKRDGTVEAG  
70 80 90 100 110 120  
RDELAVGSHV KGYNHNSVGV CLVGGIDDKG KFDANFTPAQ MQALRSLLVLT LLAKYEGSVL  
130 140 150  
RAHHDVAPKA CPSFDLKRWW EKNELVTSDR G

**Number of amino acids:** 151

**Molecular weight:** 16944.29

**Theoretical pI:** 8.79

**Amino acid composition:**

Ala (A)	12	7.9%
Arg (R)	9	6.0%
Asn (N)	5	3.3%
Asp (D)	9	6.0%
Cys (C)	3	2.0%
Gln (Q)	6	4.0%
Glu (E)	9	6.0%
Gly (G)	13	8.6%
His (H)	7	4.6%
Ile (I)	6	4.0%
Leu (L)	11	7.3%
Lys (K)	12	7.9%
Met (M)	2	1.3%
Phe (F)	6	4.0%
Pro (P)	5	3.3%
Ser (S)	8	5.3%
Thr (T)	7	4.6%
Trp (W)	4	2.6%
Tyr (Y)	3	2.0%
Val (V)	14	9.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 18

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 21

**Atomic composition:**

Carbon	C	754
Hydrogen	H	1179
Nitrogen	N	219
Oxygen	O	217
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>754</sub>H<sub>1179</sub>N<sub>219</sub>O<sub>217</sub>S<sub>5</sub>**Total number of atoms:** 2374**Extinction coefficients:**Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 26595

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.570, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 26470

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.562, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

&gt;20 hours (yeast, in vivo).

&gt;10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 36.74

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 78.74**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.436**DNA primase/helicase**

10	20	30	40	50	60
MEQENDSIFL	YHIPCENCGS	SDANSLFSDG	HTYCYACENW	TPGDEQKAEQ	LSARRRTGGR
70	80	90	100	110	120
KPMSYDVWNF	GDSNGRYS DL	TARGISKETC	QKAGYW LAKV	DNRMYQVADY	RDQNGSIVSQ
130	140	150	160	170	180
KVRDKDKNFK	TTGSHKSDAL	FLKHLWSGGK	KIVVTEGEID	ALTMELQDC	KYPVVS LGHG
190	200	210	220	230	240
ASAAKKTCAA	NYEYFDQFEQ	IILMFDMDDA	GRKAVEEAAQ	VLPAGKVRVA	VLPCKDANEC
250	260	270	280	290	300
HIMGEDKAIL	EQIWNANPWV	PDGVVSALS L	KDRVKEAMTS	EDAVGLLFDG	CQGLNDR TLG
310	320	330	340	350	360
ARGGEVVMVT	SGSGMGKSTF	VRQQALAWGK	RMGKRVGLAM	LEESVEDTIQ	DMMGLN NKVR
370	380	390	400	410	420
LRQSDEVKKA	IAEDGRFDEW	YDELFGDDTF	HLYDSFAEAE	ADRLLAKLAY	MRTGLGCDVI
430	440	450	460	470	480
VLDHISIVVS	ASEESDERKM	IDRLMTKLKG	FAKSTGVVLV	VICH LKNPEK	GKPHEEGRAV
490	500	510	520	530	540
SITDLRGS GA	LRQLSDTIIA	LERNQQGDMP	NLVLVRL LKC	RFTGDTGIAG	YMEYNRETGW
550	560				
LEPSSYTGEE	GEGDTGWTEQ	DGQSDF			

**Number of amino acids:** 566**Molecular weight:** 62836.71**Theoretical pI:** 5.05**Amino acid composition:**

Ala (A)	44	7.8%
Arg (R)	31	5.5%
Asn (N)	20	3.5%
Asp (D)	47	8.3%
Cys (C)	13	2.3%
Gln (Q)	22	3.9%
Glu (E)	43	7.6%
Gly (G)	53	9.4%
His (H)	10	1.8%
Ile (I)	22	3.9%



Leu (L)	46	8.1%
Lys (K)	37	6.5%
Met (M)	19	3.4%
Phe (F)	17	3.0%
Pro (P)	12	2.1%
Ser (S)	37	6.5%
Thr (T)	27	4.8%
Trp (W)	10	1.8%
Tyr (Y)	17	3.0%
Val (V)	39	6.9%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 90**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 68**

**Atomic composition:**

Carbon	C	2731
Hydrogen	H	4298
Nitrogen	N	768
Oxygen	O	870
Sulfur	S	32

**Formula:** C<sub>2731</sub>H<sub>4298</sub>N<sub>768</sub>O<sub>870</sub>S<sub>32</sub>

**Total number of atoms:** 8699

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 81080

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.290, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 80330

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.278, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 32.95

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 74.61

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.468

## hypothetical protein-17

10 20 30 40 50 60  
 MFKFINALGK LVVKLYFIEA KKLDKAKAD SQRAIELAKQ SREKSDAAVS GIHKSAIIAA  
 70  
 KAQSMSKFFE

**Number of amino acids:** 70

**Molecular weight:** 7732.13

**Theoretical pI:** 10.00

**Amino acid composition:**

Ala (A)	13	18.6%
Arg (R)	2	2.9%
Asn (N)	1	1.4%
Asp (D)	3	4.3%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	3	4.3%
Glu (E)	4	5.7%
Gly (G)	2	2.9%
His (H)	1	1.4%

Ile (I)	5	7.1%
Leu (L)	5	7.1%
Lys (K)	13	18.6%
Met (M)	2	2.9%
Phe (F)	5	7.1%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	7	10.0%
Thr (T)	0	0.0%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	1	1.4%
Val (V)	3	4.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 7**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 15**

**Atomic composition:**

Carbon	C	350
Hydrogen	H	577
Nitrogen	N	95
Oxygen	O	97
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>350</sub>H<sub>577</sub>N<sub>95</sub>O<sub>97</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 1121

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 1490

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.193

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 46.98

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 86.71

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.197

## hypothetical protein-18

10	20	30	40	50	60
MSKSITHANT	IRLPDTADQF	SRRVHINVRG	EKVTMVYRWK	DHKSPKAHTQ	RMTLDDKQVG
70	80	90			
RLMGALTMAA	DKVVGDNRER	LVEFGAGMQE	IIEK		

**Number of amino acids:** 94

**Molecular weight:** 10749.39

**Theoretical pI:** 9.89

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	7.4%
Arg (R)	9	9.6%
Asn (N)	3	3.2%
Asp (D)	7	7.4%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	4	4.3%
Glu (E)	5	5.3%

Gly (G)	6	6.4%
His (H)	4	4.3%
Ile (I)	5	5.3%
Leu (L)	5	5.3%
Lys (K)	8	8.5%
Met (M)	6	6.4%
Phe (F)	2	2.1%
Pro (P)	2	2.1%
Ser (S)	4	4.3%
Thr (T)	7	7.4%
Trp (W)	1	1.1%
Tyr (Y)	1	1.1%
Val (V)	8	8.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 12**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 17**

**Atomic composition:**

Carbon	C	462
Hydrogen	H	763
Nitrogen	N	145
Oxygen	O	138
Sulfur	S	6

**Formula:** C<sub>462</sub>H<sub>763</sub>N<sub>145</sub>O<sub>138</sub>S<sub>6</sub>

**Total number of atoms:** 1514

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 6990

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.650

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 32.56

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 73.62

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.662

## hypothetical protein-19

10	20	30	40	50	60
MLVSDIEANN	LLEKVTKFHC	GVIYDYRDGE	YHSYRPGDFG	AYLDALEAEV	KRGGLIVFHN
70	80	90	100	110	120
GHKYDVPAL	EKLAKLQINRD	FKLPRENCID	TLVLSRLLHA	NLKDTDMGLL	RSGKLPGRRF
130	140	150	160	170	180
GSHALEAWGY	RLGEMKGEYK	DDFKAMLEEQ	GEEYVEGAEW	VSFNEPMMAY	NVQDVVVTVK
190	200	210	220	230	240
LLEKFLTDLH	YFPAGMDFTK	YDADLFWREA	GESVDIEHRA	AWLLAKQERN	GFPFNTQAIE
250	260	270	280	290	300
ELYVELAAKR	AELLRKLLET	FGSWYQPKGG	KELFKHPRTG	KPLPSYPRVV	YPKQGGVYKK
310	320	330	340	350	360
PRNKAQREGL	EPCDLLTRDY	MEGAPYTPVE	FVTFKPSRRD	HIQKKLQEAG	WVPEKFTEKG
370	380	390	400	410	420
APVVDDDEVLE	HVRVDDPEKQ	ACIDLKEYL	MIQKRIGQAA	EGDKAWLRYV	QDDGKIHGAV
430	440	450	460	470	480
NPNGAVTGRA	THSFPNLAQI	PGVRSYPGEQ	CRSAFGAEHH	LDGITGKPWW	QAGIDASGLE

490            500            510            520            530            540  
 LRCLAHFMAR FDNGEYANEI LNGDIHTKNQ NAAELPTRDN AKTFIYGFLY GAGDEKIGQI  
 550            560            570            580            590            600  
 VGAGKERGKE LKKKFLENTP AIAALREAIQ QSLVKSSAWI GGEQKVQWKR RWIKGLDGRK  
 610            620            630            640            650            660  
 VHVRSPHAAL NTLQLQSAGAL ICKLWIIKTE EMLIEKGLKH GWDGDFAYMA VVHDEIQVAC  
 670            680            690            700  
 RTEHIAQIVI DTAQEAMRWV GEHWAFRCRL DTEGKMGPNW AVCH

**Number of amino acids:** 704

**Molecular weight:** 79846.95

**Theoretical pI:** 6.42

**Amino acid composition:**

Ala (A)	63	8.9%
Arg (R)	40	5.7%
Asn (N)	23	3.3%
Asp (D)	42	6.0%
Cys (C)	10	1.4%
Gln (Q)	27	3.8%
Glu (E)	60	8.5%
Gly (G)	62	8.8%
His (H)	24	3.4%
Ile (I)	32	4.5%
Leu (L)	64	9.1%
Lys (K)	55	7.8%
Met (M)	14	2.0%
Phe (F)	27	3.8%
Pro (P)	30	4.3%
Ser (S)	20	2.8%
Thr (T)	26	3.7%
Trp (W)	17	2.4%
Tyr (Y)	26	3.7%
Val (V)	42	6.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 102

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 95

**Atomic composition:**

Carbon	C	3586
Hydrogen	H	5544
Nitrogen	N	994
Oxygen	O	1031
Sulfur	S	24

**Formula:** C<sub>3586</sub>H<sub>5544</sub>N<sub>994</sub>O<sub>1031</sub>S<sub>24</sub>

**Total number of atoms:** 11179

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 132865

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.664, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 132240

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.656, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.27

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 79.43

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.505

## hypothetical protein-20

10 20 30 40 50 60  
MAMTKKFKVVS FDVTAKMPSD VQAALEKDIL HLCKQVGS GA IVPNGKQKEM IVQFLTYGME  
70 80 90  
GLMAFLVVRTS FREA IKDMHE EYADKDCF KL SPATVREVF

**Number of amino acids:** 99

**Molecular weight:** 11167.14

**Theoretical pI:** 7.76

### Amino acid composition:

Ala (A)	9	9.1%
Arg (R)	3	3.0%
Asn (N)	1	1.0%
Asp (D)	6	6.1%
Cys (C)	2	2.0%
Gln (Q)	4	4.0%
Glu (E)	7	7.1%
Gly (G)	5	5.1%
His (H)	2	2.0%
Ile (I)	4	4.0%
Leu (L)	7	7.1%
Lys (K)	11	11.1%
Met (M)	7	7.1%
Phe (F)	7	7.1%
Pro (P)	3	3.0%
Ser (S)	5	5.1%
Thr (T)	5	5.1%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	2	2.0%
Val (V)	9	9.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 13

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 14

### Atomic composition:

Carbon	C	499
Hydrogen	H	798
Nitrogen	N	128
Oxygen	O	143
Sulfur	S	9

**Formula:** C<sub>499</sub>H<sub>798</sub>N<sub>128</sub>O<sub>143</sub>S<sub>9</sub>

**Total number of atoms:** 1577

### Extinction coefficients:

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 3105

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.278, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 2980

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.267, assuming all Cys residues are reduced

### Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

### Instability index:

The instability index (II) is computed to be 33.18  
This classifies the protein as stable.  
**Aliphatic index:** 78.79  
**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.063

## hypothetical protein-21

10 20 30 40 50 60  
MSEYLKVLAA IKGCPKSFQS NYVRNNAALV AEAASRGHIS CLTVGGRNGG AWEVTASGVR  
FLKRMGGCV

**Number of amino acids:** 69

**Molecular weight:** 7260.42

**Theoretical pI:** 9.81

**Amino acid composition:**

Ala (A)	9	13.0%
Arg (R)	5	7.2%
Asn (N)	4	5.8%
Asp (D)	0	0.0%
Cys (C)	3	4.3%
Gln (Q)	1	1.4%
Glu (E)	3	4.3%
Gly (G)	9	13.0%
His (H)	1	1.4%
Ile (I)	2	2.9%
Leu (L)	5	7.2%
Lys (K)	4	5.8%
Met (M)	2	2.9%
Phe (F)	2	2.9%
Pro (P)	1	1.4%
Ser (S)	6	8.7%
Thr (T)	2	2.9%
Trp (W)	1	1.4%
Tyr (Y)	2	2.9%
Val (V)	7	10.1%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 3

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 9

**Atomic composition:**

Carbon	C	315
Hydrogen	H	512
Nitrogen	N	96
Oxygen	O	91
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>315</sub>H<sub>512</sub>N<sub>96</sub>O<sub>91</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 1019

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 8605

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.185, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 8480

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.168, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 44.17

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 82.03

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.091

## hypothetical protein-22

10 20 30 40 50 60  
 MIMPKSDTVT MTRDAWNDVS AYIDKLEKDL EFLNALKACG VDNWDGYSDA VEMVYGEDDE

**Number of amino acids:** 60

**Molecular weight:** 6825.55

**Theoretical pI:** 3.91

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	8.3%
Arg (R)	1	1.7%
Asn (N)	3	5.0%
Asp (D)	10	16.7%
Cys (C)	1	1.7%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	5	8.3%
Gly (G)	3	5.0%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	2	3.3%
Leu (L)	4	6.7%
Lys (K)	4	6.7%
Met (M)	4	6.7%
Phe (F)	1	1.7%
Pro (P)	1	1.7%
Ser (S)	3	5.0%
Thr (T)	3	5.0%
Trp (W)	2	3.3%
Tyr (Y)	3	5.0%
Val (V)	5	8.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 15

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 5

**Atomic composition:**

Carbon	C	296
Hydrogen	H	450
Nitrogen	N	72
Oxygen	O	103
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>296</sub>H<sub>450</sub>N<sub>72</sub>O<sub>103</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 926

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 15470

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.266, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 15470

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.266, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 11.52

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 71.50

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.483

## Exonuclease

```
      10           20           30           40           50           60
MSLITLKDFA EMREGKPM EK  GVLVMDGDWL VYQSM AAAEV ETDWGDDIWT LECDHAKARS
      70           80           90          100          110          120
ILDSAIESYR TRKKAWS DAM  VVLAFTDDVN WRKVLVDETY KENRKAT RKP VGYRDFLAKL
      130          140          150          160          170          180
WERDEFIHIK EDMLEGDDVM GIIGSGHEVF GFKKAVLVSC DKDFKTIPDV DFLWCTTGNI
      190          200          210          220          230          240
LTQTKETADW WHLFQTIKGD MTDGYSGIPG WGDTAEGFLN DPFIVEPVES VLKSGKNKGQ
      250          260          270          280          290          300
TVTKWVKRAP DATETLWDCI KSIGAKAGMT EQEIIKQGQM ARILRFEEYN YIDKEIYLWT
PQST
```

**Number of amino acids:** 304

**Molecular weight:** 34815.63

**Theoretical pI:** 4.88

**Amino acid composition:**

Ala (A)	20	6.6%
Arg (R)	12	3.9%
Asn (N)	6	2.0%
Asp (D)	29	9.5%
Cys (C)	4	1.3%
Gln (Q)	8	2.6%
Glu (E)	24	7.9%
Gly (G)	22	7.2%
His (H)	4	1.3%
Ile (I)	20	6.6%
Leu (L)	20	6.6%
Lys (K)	27	8.9%
Met (M)	11	3.6%
Phe (F)	12	3.9%
Pro (P)	8	2.6%
Ser (S)	13	4.3%
Thr (T)	23	7.6%
Trp (W)	13	4.3%
Tyr (Y)	8	2.6%
Val (V)	20	6.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 53

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 39

**Atomic composition:**

Carbon	C	1563
Hydrogen	H	2408
Nitrogen	N	402
Oxygen	O	469
Sulfur	S	15

**Formula:** C<sub>1563</sub>H<sub>2408</sub>N<sub>402</sub>O<sub>469</sub>S<sub>15</sub>

**Total number of atoms:** 4857

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 83670

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.403, assuming all pairs of Cys residues form cystines



Ext. coefficient 83420  
Abs 0.1% (=1 g/l) 2.396, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 30.65

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 76.97

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.415

## hypothetical protein-23

10 20 30  
MDAAKYITIA VLVGMLARGL WMFALIVRDV KRDSEIK

**Number of amino acids:** 37

**Molecular weight:** 4195.11

**Theoretical pI:** 9.52

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	13.5%
Arg (R)	3	8.1%
Asn (N)	0	0.0%
Asp (D)	3	8.1%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	1	2.7%
Gly (G)	2	5.4%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	4	10.8%
Leu (L)	4	10.8%
Lys (K)	3	8.1%
Met (M)	3	8.1%
Phe (F)	1	2.7%
Pro (P)	0	0.0%
Ser (S)	1	2.7%
Thr (T)	1	2.7%
Trp (W)	1	2.7%
Tyr (Y)	1	2.7%
Val (V)	4	10.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 4

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 6

**Atomic composition:**

Carbon	C	191
Hydrogen	H	318
Nitrogen	N	50
Oxygen	O	49
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>191</sub>H<sub>318</sub>N<sub>50</sub>O<sub>49</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 611

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 6990

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.666

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 37.00

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 129.19

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.643

## hypothetical protein-24

10 20 30 40 50 60  
MPRAAKEYLQ VRFNQTYVME SGEYRALRAA GYSESEFIAGV MHGLYLASRT LDEIEVRKEQ  
LRQE

**Number of amino acids:** 64

**Molecular weight:** 7458.47

**Theoretical pI:** 6.57

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	10.9%
Arg (R)	7	10.9%
Asn (N)	1	1.6%
Asp (D)	1	1.6%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	4	6.2%
Glu (E)	8	12.5%
Gly (G)	4	6.2%
His (H)	1	1.6%
Ile (I)	2	3.1%
Leu (L)	6	9.4%
Lys (K)	2	3.1%
Met (M)	3	4.7%
Phe (F)	2	3.1%
Pro (P)	1	1.6%
Ser (S)	4	6.2%
Thr (T)	2	3.1%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	5	7.8%
Val (V)	4	6.2%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 9

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 9

**Atomic composition:**

Carbon	C	328
Hydrogen	H	518
Nitrogen	N	94
Oxygen	O	99
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>328</sub>H<sub>518</sub>N<sub>94</sub>O<sub>99</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 1042

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 7450

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.999

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 57.41

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 77.81

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.520

**hypothetical protein-25**

```

      10           20           30           40           50           60
MCWKPKVKVP KMDTNQIRAA EPAPLTEPPK SVVWGGDDDE DTSVSSSEVP TTQSSGKSSL
      70           80
KVKLDDSAAK NSKS SIRSK AFG

```

**Number of amino acids:** 83

**Molecular weight:** 8879.00

**Theoretical pI:** 9.13

**Amino acid composition:**

Ala (A)	6	7.2%
Arg (R)	2	2.4%
Asn (N)	2	2.4%
Asp (D)	7	8.4%
Cys (C)	1	1.2%
Gln (Q)	2	2.4%
Glu (E)	4	4.8%
Gly (G)	4	4.8%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	2	2.4%
Leu (L)	3	3.6%
Lys (K)	12	14.5%
Met (M)	2	2.4%
Phe (F)	1	1.2%
Pro (P)	7	8.4%
Ser (S)	14	16.9%
Thr (T)	5	6.0%
Trp (W)	2	2.4%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	7	8.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 11

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 14

**Atomic composition:**

Carbon	C	382
Hydrogen	H	627
Nitrogen	N	107
Oxygen	O	129
Sulfur	S	3

**Formula:** C<sub>382</sub>H<sub>627</sub>N<sub>107</sub>O<sub>129</sub>S<sub>3</sub>

**Total number of atoms:** 1248

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 11000

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.239, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 11000

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.239, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 52.48

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 55.18

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.818

## host specificity protein B

10 20 30 40 50 60  
MGFFFKIKKA VKKVVKEVSR PVEKAGKEVG KVVGGALGTG KQEIIQQEAP APVVTAPPPA  
70 80 90 100  
QIVDVPEQDK AEGEDEAQT E SARKKARAGG KKALSVARSS GGGINI

**Number of amino acids:** 106

**Molecular weight:** 10987.71

**Theoretical pI:** 9.78

**Amino acid composition:**

Ala (A)	14	13.2%
Arg (R)	4	3.8%
Asn (N)	1	0.9%
Asp (D)	3	2.8%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	6	5.7%
Glu (E)	10	9.4%
Gly (G)	13	12.3%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	6	5.7%
Leu (L)	2	1.9%
Lys (K)	16	15.1%
Met (M)	1	0.9%
Phe (F)	2	1.9%
Pro (P)	7	6.6%
Ser (S)	5	4.7%
Thr (T)	3	2.8%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	13	12.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 13

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 20

**Atomic composition:**

Carbon	C	482
Hydrogen	H	817
Nitrogen	N	141
Oxygen	O	148
Sulfur	S	1

**Formula:** C<sub>482</sub>H<sub>817</sub>N<sub>141</sub>O<sub>148</sub>S<sub>1</sub>

**Total number of atoms:** 1589

**Extinction coefficients:**

As there are no Trp, Tyr or Cys in the region considered, your protein should not be visible by UV spectrophotometry.

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
 The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
                                   >20 hours (yeast, in vivo).  
                                   >10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 48.99  
 This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 78.21

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.481

**head-to-tail joining protein**

10	20	30	40	50	60
MADSKRTGLG	EDGAKATYDR	LTNDRRAYET	RAENCAQYTI	PSLFPKESDN	ESTDYTTTPWQ
70	80	90	100	110	120
AVGARGLNLL	ASKLMLALFP	MQSWMKLTIS	EYEAKQLVGD	PDGLTKVDEG	LSMVERIIMN
130	140	150	160	170	180
YIESNSYRVT	LFECKLQQLIV	AGNALLYLPE	PEGSYNPMKL	YRLSSYVVQR	DAYGNVLQIV
190	200	210	220	230	240
TRDQIAFGAL	PEDVRSAVEK	AGGEKKMDEM	VDVYTHVYLD	EESGDYLYKE	EVEDVEIDGS
250	260	270	280	290	300
DATYPTDAMP	YIPVRMVRID	GESYGRSYCE	EYLGDLRSLE	NLQEAIVKMS	MISAKVIGLV
310	320	330	340	350	360
NPAGITQPRR	LTKAQTGDFV	PGRREDIDFL	QLEKQADFV	AKAVSDQIEA	RLSYAFMLNS
370	380	390	400	410	420
AVQRTGERVT	AEEIRYVASE	LEDTLGGVYS	ILSQELQLPL	VRVLLKQLQA	TSQIPELPKE
430	440	450	460	470	480
AVEPTISTGL	EAIGRGQDL	KLERCISAWA	ALAPMQGDP	INLAVIKLRI	ANAIGIDTSG
490	500	510	520	530	
ILLTDEQKQA	LMMQDAAQTG	IENAAAAGGA	GVGALATSSP	EAMQGAAAQA	GLDAT

**Number of amino acids:** 535

**Molecular weight:** 58649.37

**Theoretical pI:** 4.54

**Amino acid composition:**

Ala (A)	58	10.8%
Arg (R)	28	5.2%
Asn (N)	16	3.0%
Asp (D)	36	6.7%
Cys (C)	4	0.7%
Gln (Q)	28	5.2%
Glu (E)	45	8.4%
Gly (G)	39	7.3%
His (H)	1	0.2%
Ile (I)	30	5.6%
Leu (L)	55	10.3%
Lys (K)	23	4.3%
Met (M)	18	3.4%
Phe (F)	8	1.5%
Pro (P)	22	4.1%
Ser (S)	33	6.2%
Thr (T)	30	5.6%
Trp (W)	3	0.6%
Tyr (Y)	24	4.5%
Val (V)	34	6.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 81

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 51

**Atomic composition:**

Carbon	C	2569
Hydrogen	H	4113
Nitrogen	N	691
Oxygen	O	829
Sulfur	S	22

**Formula:** C<sub>2569</sub>H<sub>4113</sub>N<sub>691</sub>O<sub>829</sub>S<sub>22</sub>**Total number of atoms:** 8224**Extinction coefficients:**Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 52510

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.895, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 52260

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.891, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

&gt;20 hours (yeast, in vivo).

&gt;10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 37.13

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 91.23**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.244**capsid assembly protein**

10	20	30	40	50	60
MAESNADVYA	SFGVNNVMT	GSTPTEHEQN	MLSLDVAARD	GDDAIVLSEE	PSSHNDDPYA
70	80	90	100	110	120
AGEDPFANEE	DDEGRIQVRI	SEDGSEAEFD	TGSDNAEVET	EGEAAEFEPL	GDTPEELSQV
130	140	150	160	170	180
TEQLGQHEEG	FQAMVEQAVE	RGLSAESVTR	IYEEYEADGI	SEKSYAELEA	AGYSRAFVDS
190	200	210	220	230	240
YISGQEALVD	QYVNQVVAFA	GKKERFSAIH	THLEATNPAA	AESLEAAMMN	RDLATIKAII
250	260	270	280	290	300
NLAGESYTKK	FGKPANRSVT	KRATPVKQVA	RQKEGFTNQA	EMIKAMSDPR	YRSDAAYRQM
310					
VEQKVIDSSF					

**Number of amino acids:** 310**Molecular weight:** 33768.66**Theoretical pI:** 4.29**Amino acid composition:**

Ala (A)	42	13.5%
Arg (R)	14	4.5%
Asn (N)	13	4.2%
Asp (D)	21	6.8%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	14	4.5%
Glu (E)	41	13.2%
Gly (G)	20	6.5%
His (H)	5	1.6%
Ile (I)	12	3.9%
Leu (L)	13	4.2%
Lys (K)	11	3.5%
Met (M)	9	2.9%
Phe (F)	11	3.5%
Pro (P)	11	3.5%
Ser (S)	26	8.4%
Thr (T)	15	4.8%
Trp (W)	0	0.0%

Tyr (Y)	11	3.5%
Val (V)	21	6.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 62**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 25**

**Atomic composition:**

Carbon	C	1448
Hydrogen	H	2244
Nitrogen	N	400
Oxygen	O	514
Sulfur	S	9

**Formula:** C<sub>1448</sub>H<sub>2244</sub>N<sub>400</sub>O<sub>514</sub>S<sub>9</sub>

**Total number of atoms:** 4615

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 16390

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.485

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 34.08

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 64.65

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.611

## major capsid protein A

10	20	30	40	50	60
MANIQGGQQI	GTNQKGQSA	ADKLALFLKV	FGGEVLTAF	RTSVTMPRHM	LRSIASGKSA
70	80	90	100	110	120
QFPVIGRTKA	AYLKPGENLD	DKRKDIKHT	KVIHIDGLLT	ADVLIYDIED	AMNHYDVRAE
130	140	150	160	170	180
YTAQLGESLA	MAADGAVLAE	LAGLVNLPDA	SNENIEGLGK	PTVLTLVKPT	SGDLTDPVEL
190	200	210	220	230	240
GKAIIAQLTV	ARAALTKNYV	PAADRIFYTT	PDNYSAILAA	LMPNAANYQA	LIDPERGTIR
250	260	270	280	290	300
NVMGFVEVVEV	PHLTAGGAGD	DREDTPAGQK	HAFPATSSST	VKVALDENVVG	LFQHRSVAVGT
310	320	330	340		
VKLKDLALER	ARRANYQADQ	IIAKYAMGHG	GLRPEAAGAI	VLPKVSE	

**Number of amino acids:** 347

**Molecular weight:** 36866.04

**Theoretical pI:** 6.26

**Amino acid composition:**

Ala (A)	50	14.4%
Arg (R)	16	4.6%
Asn (N)	14	4.0%
Asp (D)	22	6.3%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	13	3.7%
Glu (E)	17	4.9%
Gly (G)	30	8.6%

His (H)	8	2.3%
Ile (I)	18	5.2%
Leu (L)	34	9.8%
Lys (K)	20	5.8%
Met (M)	8	2.3%
Phe (F)	8	2.3%
Pro (P)	16	4.6%
Ser (S)	13	3.7%
Thr (T)	24	6.9%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	10	2.9%
Val (V)	26	7.5%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 39**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 36**

**Atomic composition:**

Carbon	C	1627
Hydrogen	H	2632
Nitrogen	N	458
Oxygen	O	500
Sulfur	S	8

**Formula:** C<sub>1627</sub>H<sub>2632</sub>N<sub>458</sub>O<sub>500</sub>S<sub>8</sub>

**Total number of atoms:** 5225

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 14900

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.404

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 33.43

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 94.58

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.108

## minor capsid protein B

10 20 30 40 50  
 MFTTSSNAKI ATVDASGTVT AVGAGSADIT ATTVNGLTAV CKVTVKAVEP PVEG

**Number of amino acids:** 54

**Molecular weight:** 5210.90

**Theoretical pI:** 4.78

**Amino acid composition:**

Ala (A)	9	16.7%
Arg (R)	0	0.0%
Asn (N)	2	3.7%
Asp (D)	2	3.7%
Cys (C)	1	1.9%
Gln (Q)	0	0.0%
Glu (E)	2	3.7%
Gly (G)	5	9.3%



His (H)	0	0.0%
Ile (I)	2	3.7%
Leu (L)	1	1.9%
Lys (K)	3	5.6%
Met (M)	1	1.9%
Phe (F)	1	1.9%
Pro (P)	2	3.7%
Ser (S)	4	7.4%
Thr (T)	10	18.5%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	0	0.0%
Val (V)	9	16.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 4**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 3**

**Atomic composition:**

Carbon	C	223
Hydrogen	H	375
Nitrogen	N	59
Oxygen	O	79
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>223</sub>H<sub>375</sub>N<sub>59</sub>O<sub>79</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 738

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 0

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.000, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 0

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.000, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 7.16

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 86.67

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.480

## tail tubular protein A

10	20	30	40	50	60
MRSYEMNIET	AEELSAVNDI	LASIGEPPVS	TLEGDANADV	ANARRVLNKI	NRQIQSRGWT
70	80	90	100	110	120
FNIEEGVTLL	PDAFSGMIPF	SSDYLSVMAT	SGQTQYINRG	GYLYDRSAKT	DRFPSGVQVN
130	140	150	160	170	180
LIRLREFDEM	PECFRNYIVT	KASRQFNNRF	FGAPEVDGVL	QEEEEQEA WRA	CFEYELDYG N
190					
YNMLDGD AFT	SGLLNR				

**Number of amino acids:** 196

**Molecular weight:** 22233.69

**Theoretical pI:** 4.48

**Amino acid composition:**

Ala (A)	15	7.7%
Arg (R)	15	7.7%
Asn (N)	15	7.7%
Asp (D)	12	6.1%
Cys (C)	2	1.0%
Gln (Q)	8	4.1%
Glu (E)	18	9.2%
Gly (G)	14	7.1%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	10	5.1%
Leu (L)	15	7.7%
Lys (K)	3	1.5%
Met (M)	6	3.1%
Phe (F)	11	5.6%
Pro (P)	7	3.6%
Ser (S)	14	7.1%
Thr (T)	9	4.6%
Trp (W)	2	1.0%
Tyr (Y)	9	4.6%
Val (V)	11	5.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 30****Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 18****Atomic composition:**

Carbon	C	975
Hydrogen	H	1495
Nitrogen	N	269
Oxygen	O	312
Sulfur	S	8

**Formula:** C<sub>975</sub>H<sub>1495</sub>N<sub>269</sub>O<sub>312</sub>S<sub>8</sub>**Total number of atoms:** 3059**Extinction coefficients:**Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 24535

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.104, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 24410

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.098, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

&gt;20 hours (yeast, in vivo).

&gt;10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 58.58

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 73.67**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.460**tail tubular protein B**

10	20	30	40	50	60
MALISQSIKN	LKGGISQQPD	ILRFAEQGSV	QINGWSSESE	GLQKRPPMIH	LKTLGPAGYV
70	80	90	100	110	120
GAQPYVHLIN	RDEFEQYFVV	FTGEDIKVFD	LDGKEYQVRG	DRSYVRTANP	REDLRMVTVA
130	140	150	160	170	180
DYTFVTNRKV	VVQSDQSVN	LPGFKDQGDA	LINVRGGQYG	RRLSIEFNGA	ERAAIQLPDG

190	200	210	220	230	240
SQPAHVNEVD	GQAIAEKLA	QLRNNLGNPN	NEQNPKNKWF	NVGPFGFIHIL	APNNDNVWGL
250	260	270	280	290	300
QTKDGYADQL	INPVTHYTQS	FQKLPINAPD	GYIVKIVGDT	SKTADQYYVR	FDLNRKVVWE
310	320	330	340	350	360
TIGWNTRTHL	HYHTMPWALV	RASDGNFDFK	VLEWGARTVG	DDTNPYPSPF	TGQTINDIFF
370	380	390	400	410	420
FRNRLGFLSG	ENIILSRTSK	YFNFFPASVS	NYSDDDPIDV	AVSHNRVSTL	KYAVPFSEEL
430	440	450	460	470	480
LLWSDQAQFV	LTASGILSSR	SVELNLTTQF	DVQDRARPHG	VGRNVYFASP	RASFTSINRY
490	500	510	520	530	540
YAVQDVSSVK	NAEDMTAHVP	NYIPNGVFSI	SGTTAENFAA	ILTSGAPNRV	YIYKFLYIDE
550	560	570	580	590	600
EIRQQSWSHW	DFGDNVTVFA	AQVINSTMTV	LMSNEHAVWM	GRLHFTKNSI	DIPGEPYRLY
610	620	630	640	650	660
IDAKRKYTIP	AGTYNDDTYQ	TSISLAAIYG	MNFTKGKVS	VFPDGKIIIEV	EPPINGWSSD
670	680	690	700	710	720
PVLRLDGNQE	GQVVYIGFNI	PFTYTFSKFL	IKKTAEDGST	ATEDIGRLQL	RRAWVNYEDS
730	740	750	760	770	780
GAFTIRVNNL	SREFIYTMAG	ARLGSNDLRV	GRSNIGTGQY	RFPVVGNAQT	NIVTIESDAS
790	800				
TPLNIIGCGW EGNYLRRSSG I					

Number of amino acids: 801

Molecular weight: 89820.58

Theoretical pI: 6.11

**Amino acid composition:**

Ala (A)	52	6.5%
Arg (R)	47	5.9%
Asn (N)	59	7.4%
Asp (D)	49	6.1%
Cys (C)	1	0.1%
Gln (Q)	38	4.7%
Glu (E)	34	4.2%
Gly (G)	63	7.9%
His (H)	14	1.7%
Ile (I)	54	6.7%
Leu (L)	51	6.4%
Lys (K)	29	3.6%
Met (M)	10	1.2%
Phe (F)	42	5.2%
Pro (P)	37	4.6%
Ser (S)	58	7.2%
Thr (T)	50	6.2%
Trp (W)	14	1.7%
Tyr (Y)	36	4.5%
Val (V)	63	7.9%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 83

Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 76

**Atomic composition:**

Carbon	C	4027
Hydrogen	H	6160
Nitrogen	N	1110
Oxygen	O	1209
Sulfur	S	11

Formula: C<sub>4027</sub>H<sub>6160</sub>N<sub>1110</sub>O<sub>1209</sub>S<sub>11</sub>

Total number of atoms: 12517

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 130640

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.454, assuming all pairs of Cys residues form cystines  
Ext. coefficient 130640  
Abs 0.1% (=1 g/l) 1.454, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).  
The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).  
>20 hours (yeast, in vivo).  
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 35.54  
This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 80.42

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.363

## hypothetical protein-26

10 20 30 40 50 60  
MYITKCLQDH ADNFQPSIED ILEAEALGVE PKVIPDENTV VMLSDNAVLA IGGNQGDRVW  
70 80 90 100 110 120  
FLTSKYVPLF TLKERLEFRR LIIEYRDMML SQYESIWNFV WVGNKSHIRF LKTIGAVFHN  
130  
EFTADGQFQL FTISRR

**Number of amino acids:** 136

**Molecular weight:** 15848.19

**Theoretical pI:** 5.33

**Amino acid composition:**

Ala (A)	7	5.1%
Arg (R)	8	5.9%
Asn (N)	7	5.1%
Asp (D)	8	5.9%
Cys (C)	1	0.7%
Gln (Q)	6	4.4%
Glu (E)	10	7.4%
Gly (G)	7	5.1%
His (H)	3	2.2%
Ile (I)	11	8.1%
Leu (L)	13	9.6%
Lys (K)	6	4.4%
Met (M)	4	2.9%
Phe (F)	10	7.4%
Pro (P)	4	2.9%
Ser (S)	7	5.1%
Thr (T)	7	5.1%
Trp (W)	3	2.2%
Tyr (Y)	4	2.9%
Val (V)	10	7.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 18

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 14

**Atomic composition:**

Carbon	C	722
Hydrogen	H	1110
Nitrogen	N	188
Oxygen	O	204
Sulfur	S	5

**Formula:** C<sub>722</sub>H<sub>1110</sub>N<sub>188</sub>O<sub>204</sub>S<sub>5</sub>

**Total number of atoms:** 2229

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of  $M^{-1} \text{ cm}^{-1}$ , at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 22460

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.417, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 22460

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.417, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 38.99

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 95.29

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.099

**internal virion protein B**

```

      10      20      30      40      50      60
MCWMAAIPIA MMGAQALSSQ NSADKARVAQ TEAGRRQAME MVKEMNIQNA NASLEQRDAL
      70      80      90     100     110     120
EAASSELTSR NMQKVQAMGT IRAAIGEGML EGESMKRIKR IEEGNYIREA NSVTENYRRD
      130     140     150     160     170     180
YASIFAQQLG RTQSTASQVD AIYKSEAKGK SGLMRVLDPL SIMGQEASQ YAAGGFDKKG
      190
GNQAAPISAA KGTKTGR

```

**Number of amino acids:** 197

**Molecular weight:** 21220.04

**Theoretical pI:** 9.38

**Amino acid composition:**

Ala (A)	32	16.2%
Arg (R)	14	7.1%
Asn (N)	9	4.6%
Asp (D)	6	3.0%
Cys (C)	1	0.5%
Gln (Q)	15	7.6%
Glu (E)	15	7.6%
Gly (G)	17	8.6%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	12	6.1%
Leu (L)	9	4.6%
Lys (K)	12	6.1%
Met (M)	13	6.6%
Phe (F)	2	1.0%
Pro (P)	3	1.5%
Ser (S)	17	8.6%
Thr (T)	8	4.1%
Trp (W)	1	0.5%
Tyr (Y)	5	2.5%
Val (V)	6	3.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 21

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 26

**Atomic composition:**

Carbon	C	892
Hydrogen	H	1476

Nitrogen N 276  
 Oxygen O 294  
 Sulfur S 14

**Formula:** C<sub>892</sub>H<sub>1476</sub>N<sub>276</sub>O<sub>294</sub>S<sub>14</sub>

**Total number of atoms:** 2952

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 12950

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.610, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 12950

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.610, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 38.99

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 66.65

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.516

## internal virion protein C

10	20	30	40	50	60
MATPGMERLR	GVKGM DYRAA	TIQAEQPRAS	LLDSIGRFAK	AGADMYMAKD	ERDKQRADER
70	80	90	100	110	120
SNEIIRKLTP	EQR RQAIQNG	TLLYQDDPYA	MQALKFKTGR	NAAF LVDDEV	QQAIKEGRFR
130	140	150	160	170	180
TREEME QYRH	SRLQEHSKSF	AEQFGINEMD	EEYQKGFNAN	ITERNIALYG	AHDTFLSDQA
190	200	210	220	230	240
QKGAILNSKV	ELNGVLSDPD	LLSRPESGEF	FQNYIDNSLV	TGMTDNQAQQ	VISSSLNDVL
250	260	270	280	290	300
QRPGGA A FLQ	NIENRKVTLN	GATTTYRELM	GDEQWQAMMI	KAQHTQFQNN	AKLTEKFRLD
310	320	330	340	350	360
INSALNQADT	GKGWETLQGI	KAELDKIQPG	EEMTPEREWL	ISAQE QMRTR	FKQEQAETAK
370	380	390	400	410	420
LMDKQQKTLN	KSLVIDKQFQ	KRLNGEYVST	NYKDMPTNEN	TGEFTHSDMV	NYANQKLA EI
430	440	450	460	470	480
EAMDLTPEQK	DKLKL DYLRA	DSKEGAFRAA	FGEMITDAGN	EWQA A VINGK	MPESTPAMDN
490	500	510	520	530	540
LRRIRNTDPD	LIASLYPDKA	ELFLTMDMLD	NQGIDTQVLI	DADKARAQKT	KEMQFEDDRA
550	560	570	580	590	600
WAAMMNDSTN	PQIKYMPSSV	QGYARKIYDS	VKYRTGNPDM	ATEQVAKFLS	DSTTT FSSSD
610	620	630	640	650	660
VEGDTYGVLP	KNILTVSDDP	KSWEQGNIL	DEAIKRITEA	NPWITNKQLT	VYQQGD AIYL
670	680	690	700	710	720
MDTTGQVRTR	FDQELLKREY	QRTAQAQAEA	AREKALKEAN	KRAPISRVPQ	AREEARKRVQ
730					

EKRKKT PKYI YGRKED

**Number of amino acids:** 736

**Molecular weight:** 84071.23

**Theoretical pI:** 5.53

**Amino acid composition:**

Ala (A)	70	9.5%
Arg (R)	49	6.7%
Asn (N)	40	5.4%
Asp (D)	55	7.5%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	59	8.0%
Glu (E)	60	8.2%

Gly (G)	38	5.2%
His (H)	5	0.7%
Ile (I)	36	4.9%
Leu (L)	53	7.2%
Lys (K)	56	7.6%
Met (M)	29	3.9%
Phe (F)	23	3.1%
Pro (P)	24	3.3%
Ser (S)	35	4.8%
Thr (T)	49	6.7%
Trp (W)	7	1.0%
Tyr (Y)	24	3.3%
Val (V)	24	3.3%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 115

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 105

**Atomic composition:**

Carbon	C	3641
Hydrogen	H	5803
Nitrogen	N	1055
Oxygen	O	1174
Sulfur	S	29

**Formula:** C<sub>3641</sub>H<sub>5803</sub>N<sub>1055</sub>O<sub>1174</sub>S<sub>29</sub>

**Total number of atoms:** 11702

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 74260

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.883

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 33.43

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 66.13

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.880

## internal virion protein D

10	20	30	40	50	60
MSYDKNKPSE	FDGLFQKAAD	KHGVSYDLLR	KLAFNESSFN	PKAKSPTGPK	GLMQFTKGTA
70	80	90	100	110	120
TALGLKVTD	DDDDRYNP	AVDAAARHLS	DLIRKYDGDE	LKAALAYNQG	EGRNGAPQM
130	140	150	160	170	180
AYDKGDWASI	SEEGRNYMRN	LMDVANSRPR	GDLEAFGGIT	PKAKGIPSGD	AFAGIGKKQT
190	200	210	220	230	240
VGTDLPESTG	FKVEGKEQKA	PNVPYAKDFW	EKTGTTLDEF	NARSTFFGIG	DATSAELHNS
250	260	270	280	290	300
VLGVAFRAAR	SDDGFDLFKD	TITPTRWNIH	TWTPEELERI	RKEVKNPAYI	NVVTGGSPEN
310	320	330	340	350	360
LDALIKMAND	NYEMDARSAD	AGVGAKLTAG	IVGAGVDPLS	YVPLVGVAGK	GLKVVNKAFV
370	380	390	400	410	420
VGTSAGLAI	ASEGIRTSIA	GGEAHYADAA	LGGLMFGAGM	SAISDAIAAG	IRRSRGTEVV
430	440	450	460	470	480
NDFAPMAHRL	EARETALNSG	GEDLTRMPSE	NRVFDREHAG	VEYSPLETEP	GAVVLPQGGI

490	500	510	520	530	540
LPDNTPLNPQ	TLSEFEAVNP	ERAARGISLG	GFTEIGLKTL	RSENPTVRSI	ASDLVRSPTG
550	560	570	580	590	600
MESGSNGKFG	ATASDIKERL	HANNQRTYNQ	LYDAVRTAMK	DPEFSTGGAT	MSRKEIRQEI
610	620	630	640	650	660
YKRAALAIER	PELQANLTKG	ERNVMNILKQ	HFDLKRKREIME	NPSIFGNTKA	VSIFPGSRHK
670	680	690	700	710	720
GTYPVNVYDR	AIKIEMVKRY	GNDGLQRAIA	ESWLTSYRAR	PEVKARVDEY	LMELNGLKSV
730	740	750	760	770	780
QEVTPPEMVQK	HAMDKAYGIS	HTDQFSASSV	IEDNIEGLVG	IENNNFLEAR	NMFDSDMAVT
790	800	810	820	830	840
LPDGNTFSVN	DLRTYDMAEI	LPAYDRRVDG	DVAIMGSGSK	TTKDLKDEIM	ALDKQSEGNG
850	860	870	880	890	900
TLKGEVEALK	DTVKILTGRA	RRNPEGAWGT	ALRSVNDLTF	FAKNAYMGAQ	NVTEIAGMLA
910	920	930	940	950	960
KGNVSAVTHG	IPMINDWVNR	GKPLRASEIK	EIHGMVFGKE	LDQLIRPGRE	DHVRRLREST
970	980	990	1000	1010	1020
DTSAAVANVV	GTIRFGTQEL	AARSPWTMLL	NGTSNYILDA	ARQGVLDGVA	GAALAGKASK
1030	1040	1050	1060	1070	1080
FGKANYLKSA	SISPEQWSGI	KQLFRDYATR	GEDGKFTIRD	KQAFANDPRS	MDLWRLADKV
1090	1100	1110	1120	1130	1140
ADETILRPHK	VSSQDAKAFG	AWVKMVMQFK	NFVIKSLNSR	FVRSFYEATK	NNRALDQALT
1150	1160	1170	1180	1190	1200
HIISLGLAGG	YYIGQAHLKA	ASLQEHKRKE	YLKNALDPKM	IAHASISRSS	HLGSPLSIYD
1210	1220	1230	1240	1250	1260
MFAGMAGSDT	YKYTRSTVLP	KESEKRDPNK	AVTGRQVAST	IAGAVGEQVP	GLGFVGSVGA
1270	1280	1290	1300	1310	1320
TAINAASLLS	SPNKATALEF	RTGLFNSTRE	LIPNDPLSQQ	LIMKIYEANG	IRIKETPKKQ

**Number of amino acids:** 1320

**Molecular weight:** 143612.11

**Theoretical pI:** 8.41

**Amino acid composition:**

Ala (A)	145	11.0%
Arg (R)	80	6.1%
Asn (N)	69	5.2%
Asp (D)	81	6.1%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	38	2.9%
Glu (E)	83	6.3%
Gly (G)	120	9.1%
His (H)	21	1.6%
Ile (I)	67	5.1%
Leu (L)	101	7.7%
Lys (K)	88	6.7%
Met (M)	37	2.8%
Phe (F)	47	3.6%
Pro (P)	54	4.1%
Ser (S)	90	6.8%
Thr (T)	77	5.8%
Trp (W)	11	0.8%
Tyr (Y)	36	2.7%
Val (V)	75	5.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 164

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 168

**Atomic composition:**

Carbon	C	6298
Hydrogen	H	10034
Nitrogen	N	1808
Oxygen	O	1959



Sulfur S 37  
**Formula:** C<sub>6298</sub>H<sub>10034</sub>N<sub>1808</sub>O<sub>1959</sub>S<sub>37</sub>  
**Total number of atoms:** 20136

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 114140

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.795

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 37.14

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 77.10

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.434

## tail fiber protein

10	20	30	40	50	60
MNISQVQTLH	VAEEARDLTA	DTIGVNNDGN	LDARGRRIVN	VADAQDVGDA	VNLGQIKRWN
70	80	90	100	110	120
DSALNSANRA	KQEADRATAR	ANDANNSANA	SASSASSSAG	SAELAKRWAT	SDTVVESDLE
130	140	150	160	170	180
SSRTYAIHSM	SYRNEAKDSA	DRAAVSETNA	KASEGSAANS	AAAAKVSETN	AKASEERAIT
190	200	210	220	230	240
EASKLGNMND	FAAAIESVTG	NDVKMKGAVS	SPGNITGGGL	VSTGAASIQK	GALVGEDLIV
250	260	270	280	290	300
GRDITAKQDM	YSQRNIAVAG	VTYAQGGIEQ	TLATNIYNKL	YRLHINSNPQ	HVGQRQGLHI
310	320	330	340	350	360
GWNEGGNGES	NFITNRGAGS	GGFVFRVNA	ENSVETGRVD	ITGGGVLYAN	HLQVRSGARI
370	380	390	400	410	420
EGNNNIVGQN	LYAGMGSTML	EGNGNLSGGI	WAQWGNLWSG	LHNNSLFAKP	PSGVQLFTAR
430	440	450	460	470	480
GGDYLEGRVD	GKSVGFRWFQ	SDRRLKEDIR	VVRSADDMLN	IIRSYIPVSY	KYKDASYTDN
490	500	510	520	530	540
RGRTNTIEGK	RSRAGFITQD	LIRLWPEAVD	VMSDGMQSPD	PNQIIGGLML	LVKNLDRVQ
ELESKLMTD					

**Number of amino acids:** 549

**Molecular weight:** 58513.57

**Theoretical pI:** 5.92

**Amino acid composition:**

Ala (A)	65	11.8%
Arg (R)	36	6.6%
Asn (N)	47	8.6%
Asp (D)	34	6.2%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	22	4.0%
Glu (E)	28	5.1%
Gly (G)	58	10.6%
His (H)	7	1.3%
Ile (I)	30	5.5%
Leu (L)	35	6.4%
Lys (K)	21	3.8%
Met (M)	12	2.2%
Phe (F)	9	1.6%
Pro (P)	8	1.5%
Ser (S)	51	9.3%
Thr (T)	28	5.1%
Trp (W)	8	1.5%

Tyr (Y)	13	2.4%
Val (V)	37	6.7%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 62**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 57**

**Atomic composition:**

Carbon	C	2495
Hydrogen	H	3999
Nitrogen	N	769
Oxygen	O	835
Sulfur	S	12

**Formula:** C<sub>2495</sub>H<sub>3999</sub>N<sub>769</sub>O<sub>835</sub>S<sub>12</sub>

**Total number of atoms:** 8110

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 63370

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.083

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

imated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 42.39

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 77.56

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.468

## lysis protein

10 20 30 40 50 60  
 MLSFDFNNEV VKAAPIVGTG VADGAARLEW GLSLNEWFYV AAIAYTVVQI GAKVVDKMID  
 WKRANKE

**Number of amino acids:** 67

**Molecular weight:** 7406.59

**Theoretical pI:** 6.08

**Amino acid composition:**

Ala (A)	10	14.9%
Arg (R)	2	3.0%
Asn (N)	4	6.0%
Asp (D)	4	6.0%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	1	1.5%
Glu (E)	3	4.5%
Gly (G)	5	7.5%
His (H)	0	0.0%
Ile (I)	4	6.0%
Leu (L)	4	6.0%
Lys (K)	5	7.5%
Met (M)	2	3.0%
Phe (F)	4	6.0%
Pro (P)	1	1.5%
Ser (S)	2	3.0%
Thr (T)	2	3.0%
Trp (W)	3	4.5%
Tyr (Y)	2	3.0%

Val (V)	9	13.4%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 7**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 7**

**Atomic composition:**

Carbon	C	343
Hydrogen	H	526
Nitrogen	N	86
Oxygen	O	93
Sulfur	S	2

**Formula:** C<sub>343</sub>H<sub>526</sub>N<sub>86</sub>O<sub>93</sub>S<sub>2</sub>

**Total number of atoms:** 1050

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 19480

Abs 0.1% (=1 g/l) 2.630

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 12.44

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 100.45

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** 0.322

## hypothetical protein-27

10 20 30 40 50 60  
 MSDKTLIKLL EMLDTEMAQR MLADLQSEER RTPQLYNAIG KLLDRHKFQI SKLTPDENIL  
 70 80  
 GGLAAGLEDY NKVVGPNGLT DDETITLQ

**Number of amino acids:** 88

**Molecular weight:** 9888.31

**Theoretical pI:** 4.70

**Amino acid composition:**

Ala (A)	5	5.7%
Arg (R)	4	4.5%
Asn (N)	4	4.5%
Asp (D)	8	9.1%
Cys (C)	0	0.0%
Gln (Q)	5	5.7%
Glu (E)	7	8.0%
Gly (G)	6	6.8%
His (H)	1	1.1%
Ile (I)	5	5.7%
Leu (L)	15	17.0%
Lys (K)	6	6.8%
Met (M)	4	4.5%
Phe (F)	1	1.1%
Pro (P)	3	3.4%
Ser (S)	3	3.4%
Thr (T)	7	8.0%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	2	2.3%
Val (V)	2	2.3%

Pyl (O) 0 0.0%  
 Sec (U) 0 0.0%  
 (B) 0 0.0%  
 (Z) 0 0.0%  
 (X) 0 0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 15**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 10**

**Atomic composition:**

Carbon C 430  
 Hydrogen H 711  
 Nitrogen N 117  
 Oxygen O 140  
 Sulfur S 4

**Formula:** C<sub>430</sub>H<sub>711</sub>N<sub>117</sub>O<sub>140</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 1402

**Extinction coefficients:**

This protein does not contain any Trp residues. Experience shows that this could result in more than 10% error in the computed extinction coefficient.

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 2980

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.301

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 49.99

This classifies the protein as unstable.

**Aliphatic index:** 100.91

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.436

## hypothetical protein-28

10 20 30 40 50 60  
 MGGWHLGSTH ERANWKEVIQ NEYIAKTKAT AATQAEVSRV SREYQEEIAA IEGSTDRMLN  
 70 80 90 100 110 120  
 DLRSNNKRLS VRIKTLTGLP EDNGRCEFNG RAE LHESDAK RIIGITQAAD AHVRALQRTI  
 130  
 KEMQNERHPS KP

**Number of amino acids:** 132

**Molecular weight:** 14935.71

**Theoretical pI:** 8.82

**Amino acid composition:**

Ala (A) 14 10.6%  
 Arg (R) 13 9.8%  
 Asn (N) 8 6.1%  
 Asp (D) 5 3.8%  
 Cys (C) 1 0.8%  
 Gln (Q) 6 4.5%  
 Glu (E) 14 10.6%  
 Gly (G) 8 6.1%  
 His (H) 5 3.8%  
 Ile (I) 9 6.8%  
 Leu (L) 8 6.1%  
 Lys (K) 8 6.1%  
 Met (M) 3 2.3%  
 Phe (F) 1 0.8%  
 Pro (P) 3 2.3%

Ser (S)	8	6.1%
Thr (T)	9	6.8%
Trp (W)	2	1.5%
Tyr (Y)	2	1.5%
Val (V)	5	3.8%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 19**

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 21**

**Atomic composition:**

Carbon	C	635
Hydrogen	H	1037
Nitrogen	N	205
Oxygen	O	204
Sulfur	S	4

**Formula:** C<sub>635</sub>H<sub>1037</sub>N<sub>205</sub>O<sub>204</sub>S<sub>4</sub>

**Total number of atoms:** 2085

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 13980

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.936, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 13980

Abs 0.1% (=1 g/l) 0.936, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 37.83

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 71.82

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.895

## DNA packaging protein

10	20	30	40	50	60
MSDTQANRNA	LIIAQLKGDF	VAFLEVLWKA	LALPPPTKCQ	IDMARCLANG	DNKKFILQAF
70	80	90	100	110	120
RGIGKSFITC	AFVWVTLWRD	PQLKILIVSA	SKERADANSI	FIKNIIDLPL	FLAELKPRPG
130	140	150	160	170	180
QRDSVISFDV	GPAKPDHSPS	VKSVGITGQL	TGSRADIIIA	DDVEIPSNSA	TQGAREKLWT
190	200	210	220	230	240
LVQEFFAALLK	PLPTSRSVIYL	GTPQTEMTLY	KELEDNRGYT	TIIWPALYPR	SREEDLYYGD
250	260	270	280	290	300
RLAPMLREEF	NDGFEMLQGQ	PTDPVRFDME	DLRERELEYG	KAGFTLQFML	NPNLSDAEKY
310	320	330	340	350	360
PLRLRDAIVC	GLDFEKAPMH	YQWLPNRQNR	NEELPNVGLK	GDDIHSYHSC	SQNTGQYQQR
370	380	390	400	410	420
ILVIDPSGRG	KDETGYAVLF	TLNGYIYLME	AGGFRDGYSD	KTLES LAKKA	KQWKVQTVVF
430	440	450	460	470	480
ESNFGDGMFG	KVFSPVLLKH	HAAAMEEIRA	RGMKELRICD	TLEPVLSTHR	L VIRDEVIRE
490	500	510	520	530	540
DYQTARDADG	KHDVRYSLFY	QLTRMAREKG	AVAHDDRLDA	LALGVEFLRS	TMELDAVKVE
550	560	570	580		
AEVLEAFLEE	HMEHPIHSAG	HVVTAMVDGM	ELYWEDDDVN	SNRFIDW	

**Number of amino acids:** 587

**Molecular weight:** 66672.05

**Theoretical pI:** 5.32

**Amino acid composition:**

Ala (A)	47	8.0%
Arg (R)	38	6.5%
Asn (N)	20	3.4%
Asp (D)	45	7.7%
Cys (C)	6	1.0%
Gln (Q)	23	3.9%
Glu (E)	42	7.2%
Gly (G)	37	6.3%
His (H)	13	2.2%
Ile (I)	32	5.5%
Leu (L)	62	10.6%
Lys (K)	31	5.3%
Met (M)	17	2.9%
Phe (F)	27	4.6%
Pro (P)	28	4.8%
Ser (S)	29	4.9%
Thr (T)	27	4.6%
Trp (W)	9	1.5%
Tyr (Y)	19	3.2%
Val (V)	35	6.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

**Total number of negatively charged residues (Asp + Glu):** 87

**Total number of positively charged residues (Arg + Lys):** 69

**Atomic composition:**

Carbon	C	2982
Hydrogen	H	4656
Nitrogen	N	810
Oxygen	O	880
Sulfur	S	23

**Formula:** C<sub>2982</sub>H<sub>4656</sub>N<sub>810</sub>O<sub>880</sub>S<sub>23</sub>

**Total number of atoms:** 9351

**Extinction coefficients:**

Extinction coefficients are in units of M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup>, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 78185

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.173, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 77810

Abs 0.1% (=1 g/l) 1.167, assuming all Cys residues are reduced

**Estimated half-life:**

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

**Instability index:**

The instability index (II) is computed to be 31.42

This classifies the protein as stable.

**Aliphatic index:** 87.75

**Grand average of hydropathicity (GRAVY):** -0.322

При анализе протеома бактериофага Yersinia Ye3-f2 в приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных секвенирования

его нуклеиновой кислоты был выявлен 48 белок с молекулярными массами от 4,1 до 143 кДа. Качественный протеомный состав Yersinia phage представлен в таблицах 178-179 и рис. 349-351.

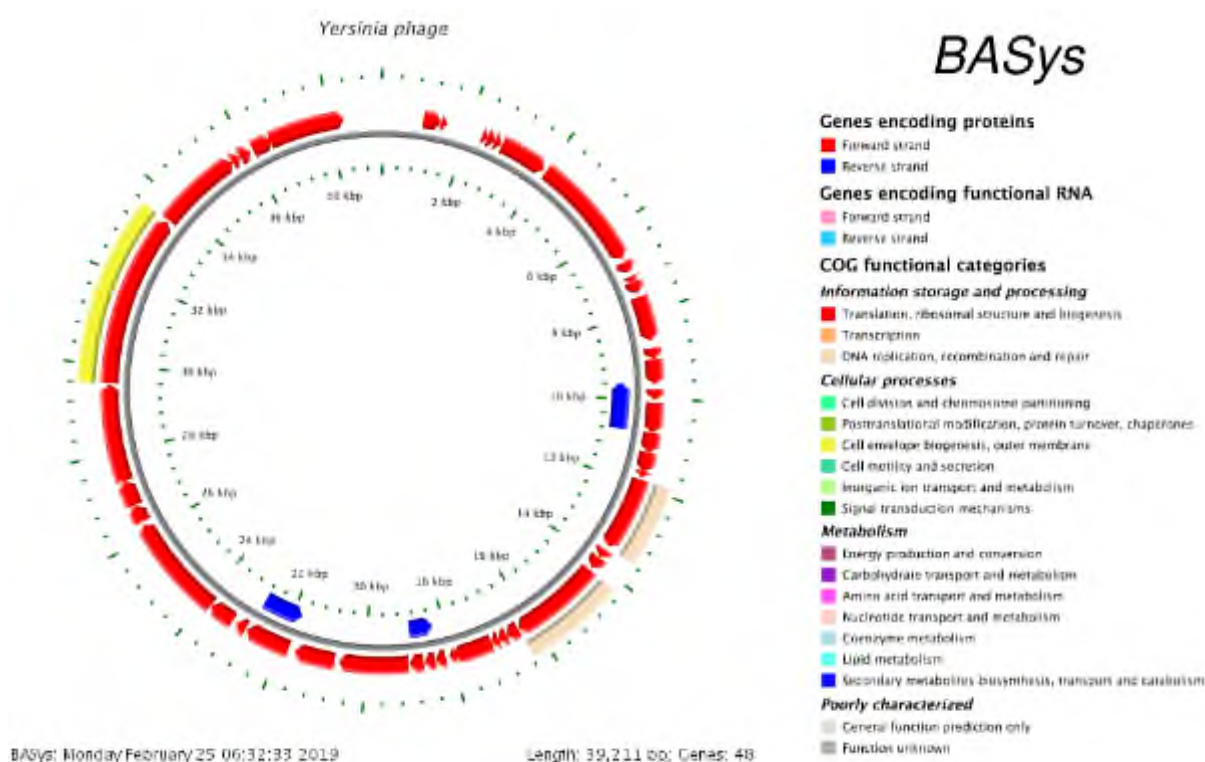


Рисунок 349 - Карта линейной ДНК бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 с расшифровкой кодирующих областей генома (по данным приложения BASys version 1.0.)

Таблица 178 - Локализация белков в геноме Yersinia phage Ye3-f2 (по данным приложения BASys version 1.0.)

Protein Function	Start	End	Size, bp	Strand
Hypothetical Protein BASYS00001	945	1358	413	+
Hypothetical Protein BASYS00002	1358	1507	149	+
Hypothetical Protein BASYS00003	2358	2474	116	+
Hypothetical Protein BASYS00004	2471	2668	197	+
Hypothetical Protein BASYS00005	2655	2825	170	+
Hypothetical Protein BASYS00006	2840	3949	1109	+
DNA-Directed RNA Polymerase	4020	6674	2654	+
Hypothetical Protein BASYS00008	6761	7033	272	+

Hypothetical Protein BASYS00009	7126	7266	140	+
Hypothetical Protein BASYS00010	7257	7541	284	+
DNA Ligase	7621	8652	1031	+
Hypothetical Protein BASYS00012	8825	9082	257	+
Hypothetical Protein BASYS00013	9082	9654	572	+
Hypothetical Protein BASYS00014	9775	10011	236	+
Hypothetical Protein BASYS00015	10064	10762	698	+
Hypothetical Protein BASYS00016	10774	9587	1187	-
Endonuclease I	10762	11223	461	+
Uncharacterized protein HI_1494 [H]	11216	11671	455	+
Hypothetical Protein BASYS00019	11676	11783	107	+
DNA Primase/Helicase	11852	13552	1700	+
Hypothetical Protein BASYS00021	13651	13863	212	+
Hypothetical Protein BASYS00022	13876	14160	284	+
DNA polymerase I, thermostable [H]	14228	16342	2114	+
Hypothetical Protein BASYS00024	16359	16658	299	+
Hypothetical Protein BASYS00025	16658	16867	209	+
Hypothetical Protein BASYS00026	16858	17046	188	+
Phage Exonuclease	17043	17957	914	+
Hypothetical Protein BASYS00028	17936	18049	113	+
Hypothetical Protein BASYS00029	18143	18388	245	+
Hypothetical Protein BASYS00030	18393	18644	251	+
Hypothetical Protein BASYS00031	18657	18992	335	+
Hypothetical Protein BASYS00032	18905	18300	605	-
Head--Tail Joining Protein	19003	20610	1607	+
Capsid Assembly Protein	20712	21644	932	+
Minor Capsid Protein	21801	22844	1043	+



Hypothetical Protein BASYS00036	22787	21753	1034	-
TPR Repeat-Containing Cell Adhesion Protein	22883	23116	233	+
Tail Tubular Protein A	23228	23818	590	+
Tail Tubular Protein B	23834	26239	2405	+
Hypothetical Protein BASYS00040	26312	26722	410	+
Hypothetical Protein BASYS00041	26725	27318	593	+
Hypothetical Protein BASYS00042	27321	29564	2243	+
Putative murein lytic transglycosylase yjbJ [H]	29583	33545	3962	+
Phage Tail Fiber Protein	33593	35560	1967	+
Hypothetical Protein BASYS00045	35572	35775	203	+
Hypothetical Protein BASYS00046	35779	36045	266	+
Hypothetical Protein BASYS00047	36119	36586	467	+
Hypothetical Protein Aasi	36561	38324	1763	+

Таблица 179 - Протеомный состав бактериофага Ye3-f2, активного в отношении *Yersinia* (по данным приложения BASys version 1.0.)

Protein Function	Molecular Weight [Daltons]	pI
Hypothetical Protein BASYS00001	15790	3,55
Hypothetical Protein BASYS00002	5603	4,19
Hypothetical Protein BASYS00003	4333	4,42
Hypothetical Protein BASYS00004	7680	11,05
Hypothetical Protein BASYS00005	6547	11,94
Hypothetical Protein BASYS00006	42516	8,04

DNA-Directed RNA Polymerase	98789	7,51
Hypothetical Protein BASYS00008	10343	9,9
Hypothetical Protein BASYS00009	5833	11,31
Hypothetical Protein BASYS00010	10886	7,73
DNA Ligase	39035	4,99
Hypothetical Protein BASYS00012	9894	11,75
Hypothetical Protein BASYS00013	21309	8,96
Hypothetical Protein BASYS00014	8817	4,39
Hypothetical Protein BASYS00015	25980	4,51
Hypothetical Protein BASYS00016	44305	9,48
Endonuclease I	17641	10,05
Uncharacterized protein HI_1494 [H]	16944	8,86
Hypothetical Protein BASYS00019	4160	8,68
DNA Primase/Helicase	62837	4,81
Hypothetical Protein BASYS00021	7732	10,75
Hypothetical Protein BASYS00022	10750	10,61
DNA polymerase I, thermostable [H]	79848	6,87
Hypothetical Protein BASYS00024	11167	8,22
Hypothetical Protein BASYS00025	7260	10,25
Hypothetical Protein BASYS00026	7113	3,83
Phage Exonuclease	34816	4,63
Hypothetical Protein BASYS00028	4195	10,11
Hypothetical Protein BASYS00029	9368	6,24
Hypothetical Protein BASYS00030	8879	9,8
Hypothetical Protein BASYS00031	11560	10,68
Hypothetical Protein BASYS00032	23152	8,61
Head--Tail Joining Protein	58650	4,27

Capsid Assembly Protein	33769	4,01
Minor Capsid Protein	36866	6,73
Hypothetical Protein BASYS00036	38163	12
TPR Repeat-Containing Cell Adhesion Protein	7424	4,33
Tail Tubular Protein A	22234	4,21
Tail Tubular Protein B	89821	6,53
Hypothetical Protein BASYS00040	15848	5,2
Hypothetical Protein BASYS00041	21220	9,86
Hypothetical Protein BASYS00042	85188	5,42
Putative murein lytic transglycosylase yjbJ [H]	143614	8,92
Phage Tail Fiber Protein	70515	6,75
Hypothetical Protein BASYS00045	7407	6,67
Hypothetical Protein BASYS00046	9888	4,45
Hypothetical Protein BASYS00047	17423	9,98
Hypothetical Protein Aasi	66673	5,17

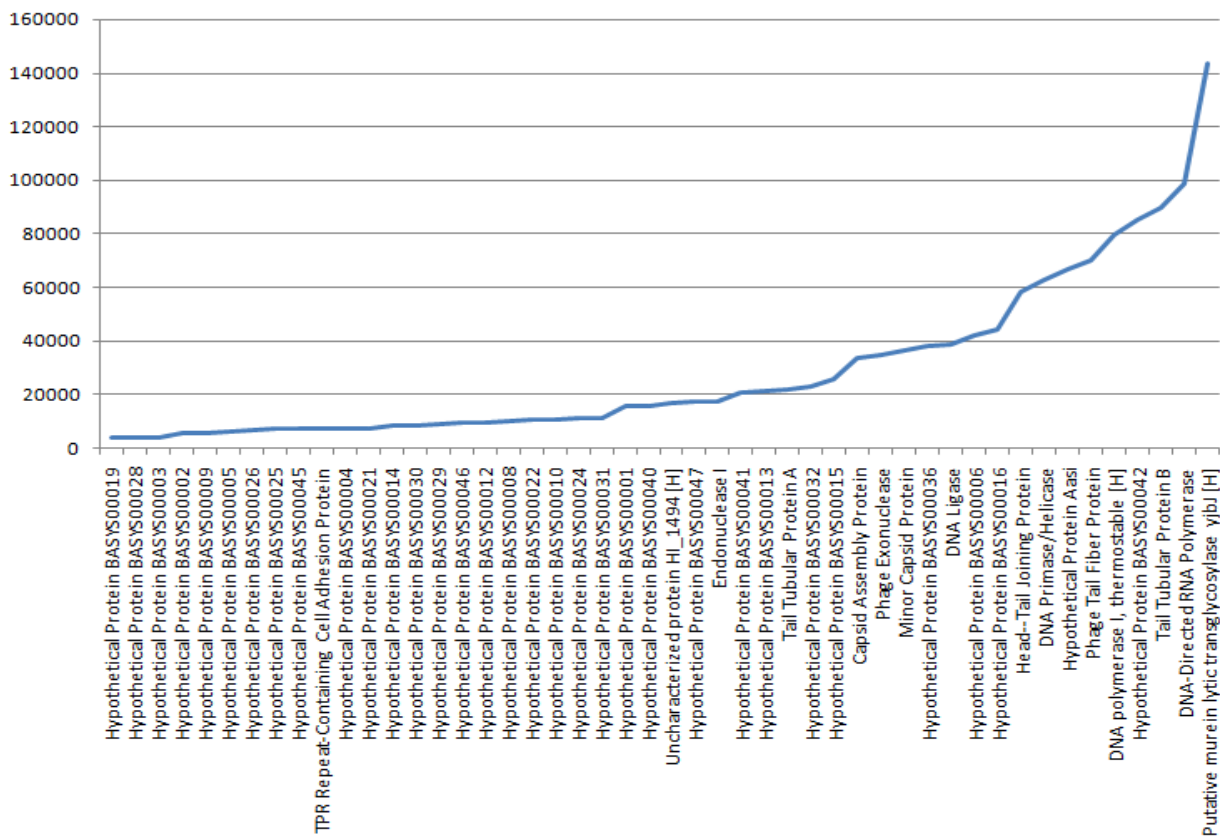


Рисунок 350 - График распределения белкового состава *Yersinia* phage Ye3-f2 по молекулярной массе (по данным приложения BASys version 1.0.)

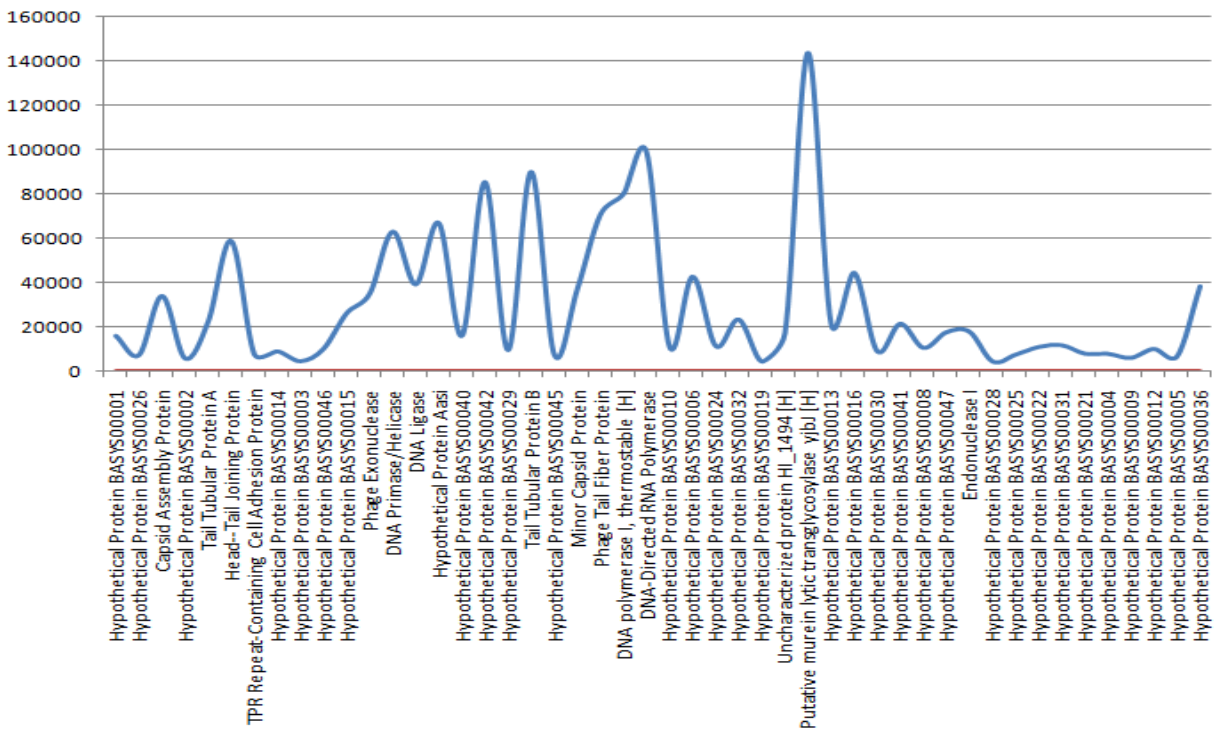


Рисунок 351 - График распределения белкового состава *Yersinia* phage Ye3-f2 по молекулярной массе в зависимости от pI (по данным приложения BASys version 1.0.)

**BASYS00001**

Таблица 180 - Данные о протеине BASYS00001 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:14:37 GMT
Entry ID	BASYS00001.1
Accession No.	BASYS00001
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	945-1358 (Clockwise)
Centisome Position	2.41
Gene Name	BASYS00001
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aatagcctcggctcgacgaaactgtagcctaaagttcttaacaatctggataatagctc ttgagtgcacgaatagcggataactcaagggtatcgcaag
Gene Sequence	gtgccctttatgatatccactaacactacacacaatgaggtaacacaaatggctatgtct aacatgacttacagcaacgttttcgccacgcttacgaaatgctgaacgaaaacattcgt tatgatgatatccgtgacactgacggtcttggatgactccatgaggcagccgatagc gccgttccgactattacagtacattttcagtgtaatggcaagtgatggcattgaccct gagttcgaagattccggtcttatgccggacaccaaggacgtgacctgtattctgcaagca cgcatctatgagcaactcacgattgacctttgggaaaaagctgaggacttactcaacgaa taccttgaggaaatcgaagaggaggaagaggaagtccaagaggacgaagagtaa

GC Content [Percent]	46.38
Preceding Gene	BASYS00048
Following Gene	BASYS00002
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00001; BASYS00002
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00001
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_137_residues  MPFMISTNTTHNEVTQMAMSNMTYSNVFAHAYEMLNENIRYD-  DIRDTDGLGDALHEAADS  AVPHYYSDFSVMASDGIDPEFEDSGLMPDTKDVTTCILQARIYEQLTIDLWE-  KAEDLLNE  YLEEIEEEEEVEEDEE</p> <p>&gt;Mature_136_residues  PFMISTNTTHNEVTQMAMSNMTYSNVFAHAYEMLNENIRYD-  DIRDTDGLGDALHEAADSA  VPHYYSDFSVMASDGIDPEFEDSGLMPDTKDVTTCILQARIYEQLTIDLWE-  KAEDLLNEY  LEEIEEEEEVEEDEE</p>
No. of Amino Acids	Translated: 137 ; Mature: 136
Cys/Met Content	0.7 %Cys (Translated) 5.8 %Met (Translated) 6.6 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 5.1 %Met (Mature)

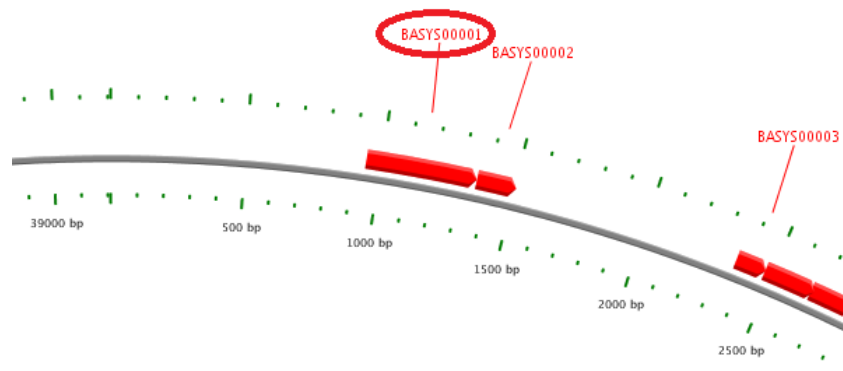
	5.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 15790 ; Mature: 15659
Theoretical pI	Translated: 3.55 ; Mature: 3.55
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination	10.0



Priority	
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 352 - Локализация BASYS00001 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

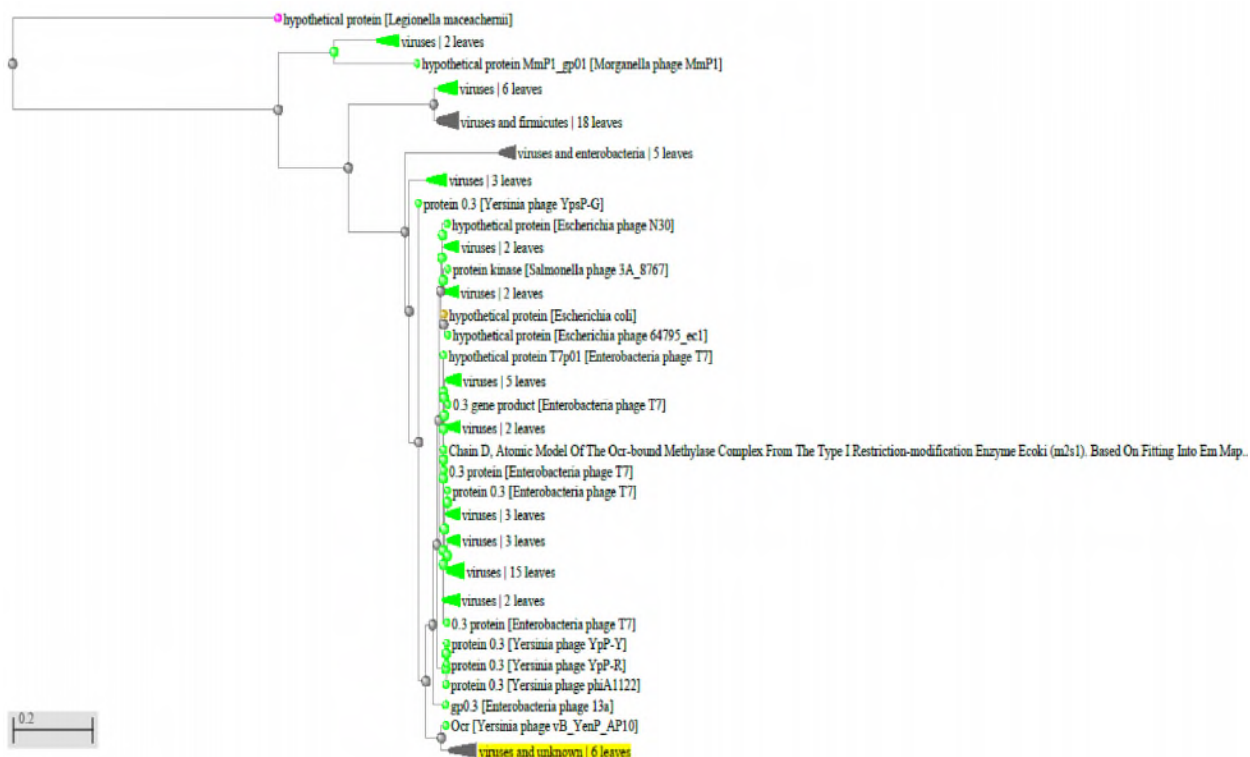


Рисунок 353 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00001 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

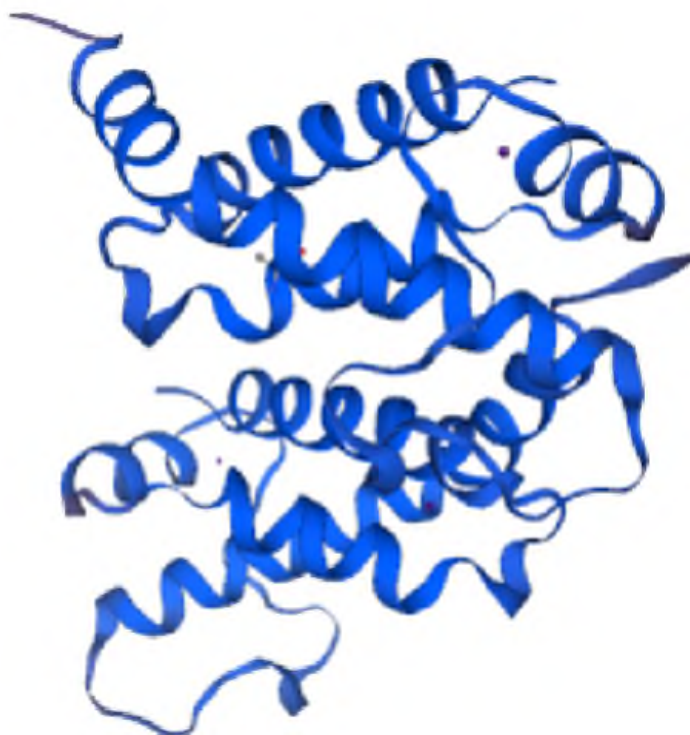


Рисунок 354 - Конформационная структура BASYS00001 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2* (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00002**

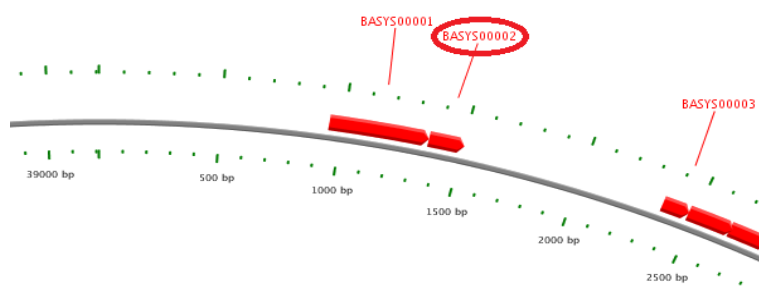
Таблица 180 - Данные о протеине BASYS00002 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:15:8 GMT
Entry ID	BASYS00002.1
Accession No.	BASYS00002
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	1358-1507 (Clockwise)
Centisome Position	3.46
Gene Name	BASYS00002
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aactcacgattgaccttgggaaaaagctgaggacttactcaacgaataccttgaggaaa tcgaagaggaggaagaggaagtcgaagaggacgaagagta
Gene Sequence	atggctaccacgcaatatggctgaccgctcaaactgtactgttctacagcgatatggg cgctgtggcttcgattggctcgctcgcaatgggtacaacttaaggaactgtacgaacacaac aaggcaatcgcttagaggacgctgagtg
GC Content [Percent]	49.33
Preceding Gene	BASYS00001

Following Gene	BASYS00003
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00001; BASYS00002
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00002
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_49_residues MATTQYGLTAQTVLFYS DMVRCGFDW SLAMVQLKELYEHNKAI ALE- DAE >Mature_48_residues ATTQYGLTAQTVLFYS DMVRCGFDW SLAMVQLKELYEHNKAI ALEDAE
No. of Amino Acids	Translated: 49 ; Mature: 48
Cys/Met Content	2.0 %Cys (Translated) 6.1 %Met (Translated) 8.2 %Cys+Met (Translated) 2.1 %Cys (Mature) 4.2 %Met (Mature) 6.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 5603 ; Mature: 5472
Theoretical pI	Translated: 4.19 ; Mature: 4.19
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available

Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available

Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 355 - Локализация BASYS00002 в геноме бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

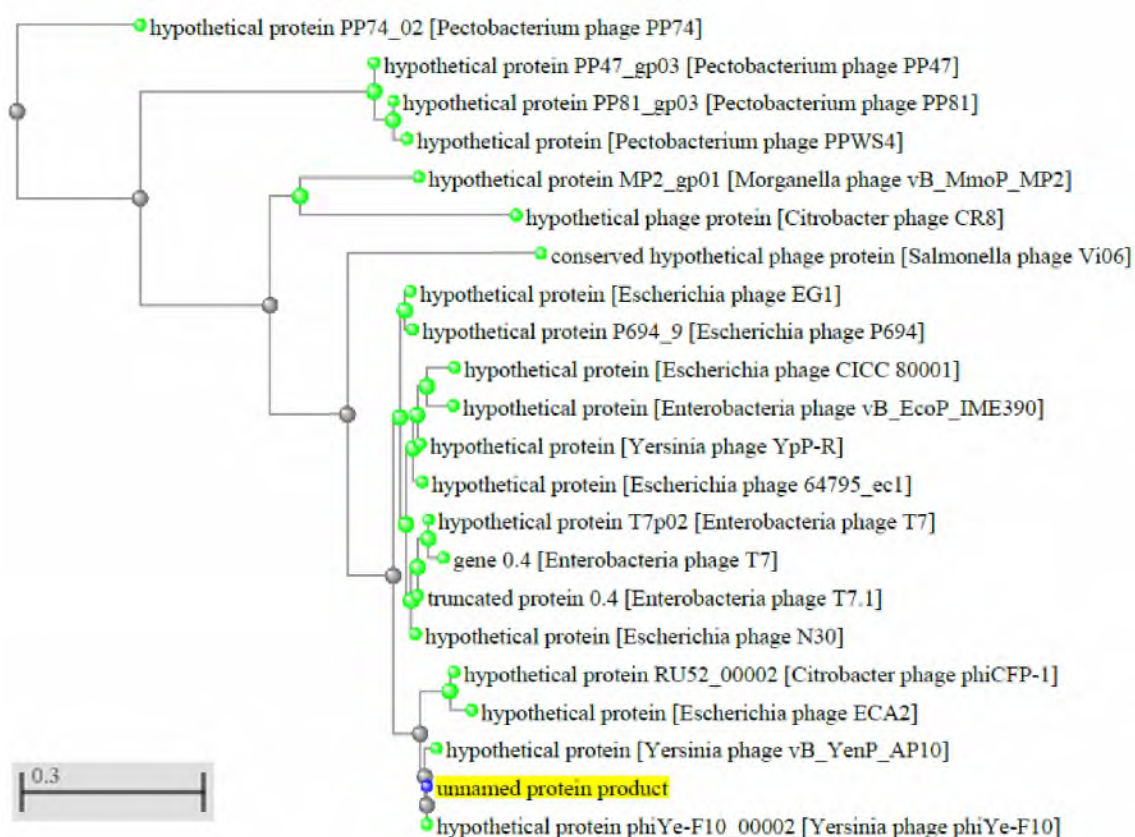


Рисунок 356 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00002 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2



Рисунок 357 - Конформационная структура BASYS00002 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00003**

Таблица 181 - Данные о протеине BASYS00003 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:15:20 GMT
Entry ID	BASYS00003.1
Accession No.	BASYS00003
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	2358-2474 (Clockwise)
Centisome Position	6.01



Gene Name	BASYS00003
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gcaacatgtgcgggctggaatgattgataacgcgattgcaatcactgggcaacagactt caagtctatcaagtgttaaactcaaggctcgtccatacga
Gene Sequence	gtggcctttatgattaacattacaggagagcatgatatgttcgagaagggtgtgaactgg tctatcgggccgattatcgtcttaatcattatgaacaactcagggtatttctcatga
GC Content [Percent]	40.17
Preceding Gene	BASYS00002
Following Gene	BASYS00004
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00003; BASYS00004; BASYS00005; BASYS00006
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00003
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_38_residues MAFMINITGEHDMFEKVVNWSIGPIIVLIIMNNSGYFS >Mature_37_residues AFMINITGEHDMFEKVVNWSIGPIIVLIIMNNSGYFS
No. of Amino Acids	Translated: 38 ; Mature: 37
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 10.5 %Met (Translated) 10.5 %Cys+Met (Translated)

	0.0 %Cys (Mature) 8.1 %Met (Mature) 8.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 4333 ; Mature: 4202
Theoretical pI	Translated: 4.42 ; Mature: 4.42
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0xba98df4)-
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	7.0
TargetDB Status	Not Available

Availability	Not Available
References	Not Available

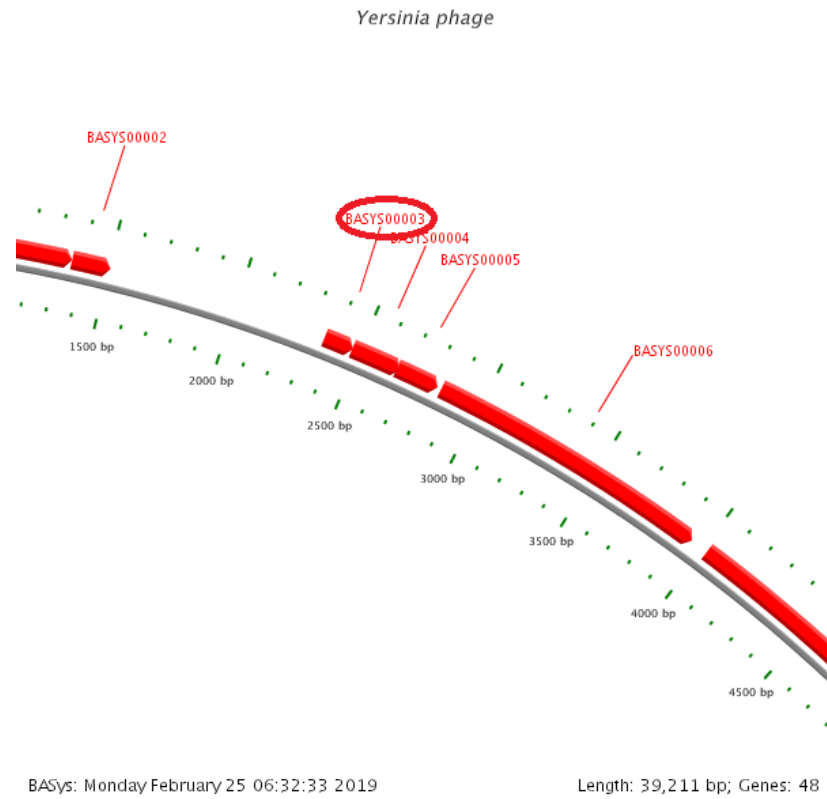


Рисунок 358 - Локализация BASYS00003 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

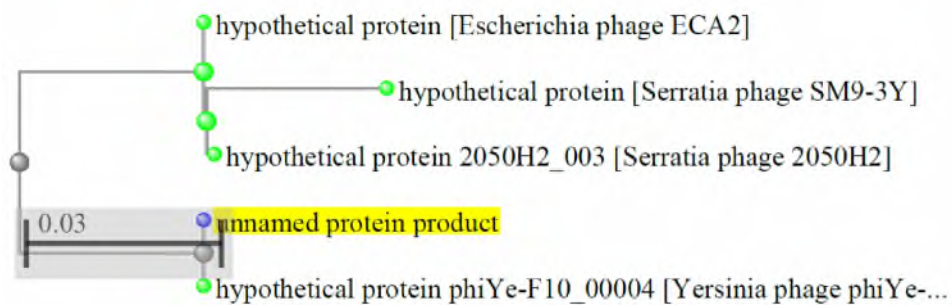


Рисунок 359 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00003 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

**BASYS00004**

Таблица 182 - Данные о протеине BASYS00004 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:15:31 GMT
Entry ID	BASYS00004.1
Accession No.	BASYS00004
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	2471-2668 (Clockwise)
Centisome Position	6.30
Gene Name	BASYS00004
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttaacattacaggagagcatgatatgttcgagaaggttgtgaactggctatcgggccga ttatcgtcttaatcattatgaacaactcagggtatttctc
Gene Sequence	atgatggcagcactaatcgactggctctatctgtgcatcgctatgtactttatgcgagac ttcaagcgcggtctggtaatacacaaggcaacgctgagttactttaagtggggattcatc ccacggtttacgggtcgtgaacgcaacggacgctttaaggccaacaaggtaggagtattc tacattgctacgcactaa
GC Content [Percent]	47.47
Preceding Gene	BASYS00003
Following Gene	BASYS00005

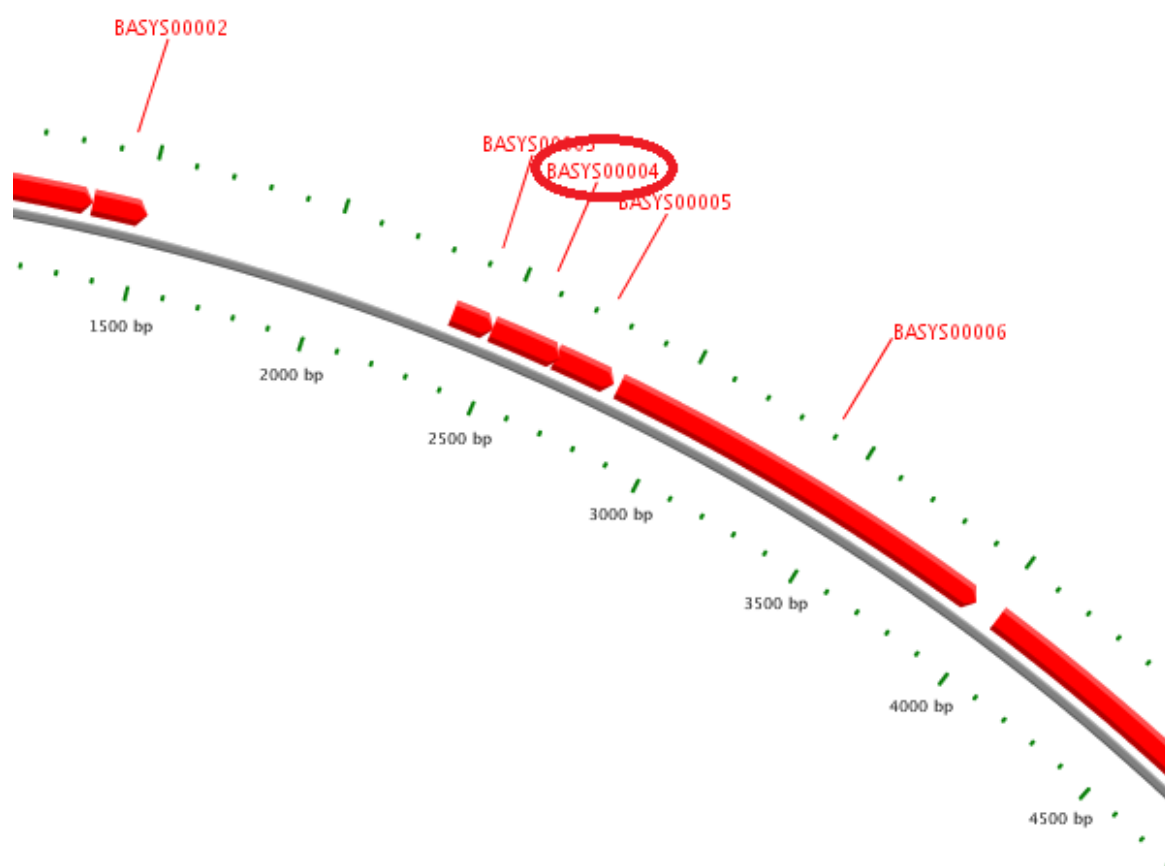
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00003; BASYS00004; BASYS00005; BASYS00006
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00004
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_65_residues MMAALIALVYLCIAMYFMRDFKRGLVIHKATLSYFKWGFIPRFT- VRERNGRFKANKVGVF YIATH >Mature_65_residues MMAALIALVYLCIAMYFMRDFKRGLVIHKATLSYFKWGFIPRFT- VRERNGRFKANKVGVF YIATH
No. of Amino Acids	Translated: 65 ; Mature: 65
Cys/Met Content	1.5 %Cys (Translated) 6.2 %Met (Translated) 7.7 %Cys+Met (Translated) 1.5 %Cys (Mature) 6.2 %Met (Mature) 7.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7680 ; Mature: 7680
Theoretical pI	Translated: 11.05 ; Mature: 11.05
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available

EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 360 - Локализация BASYS00004 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

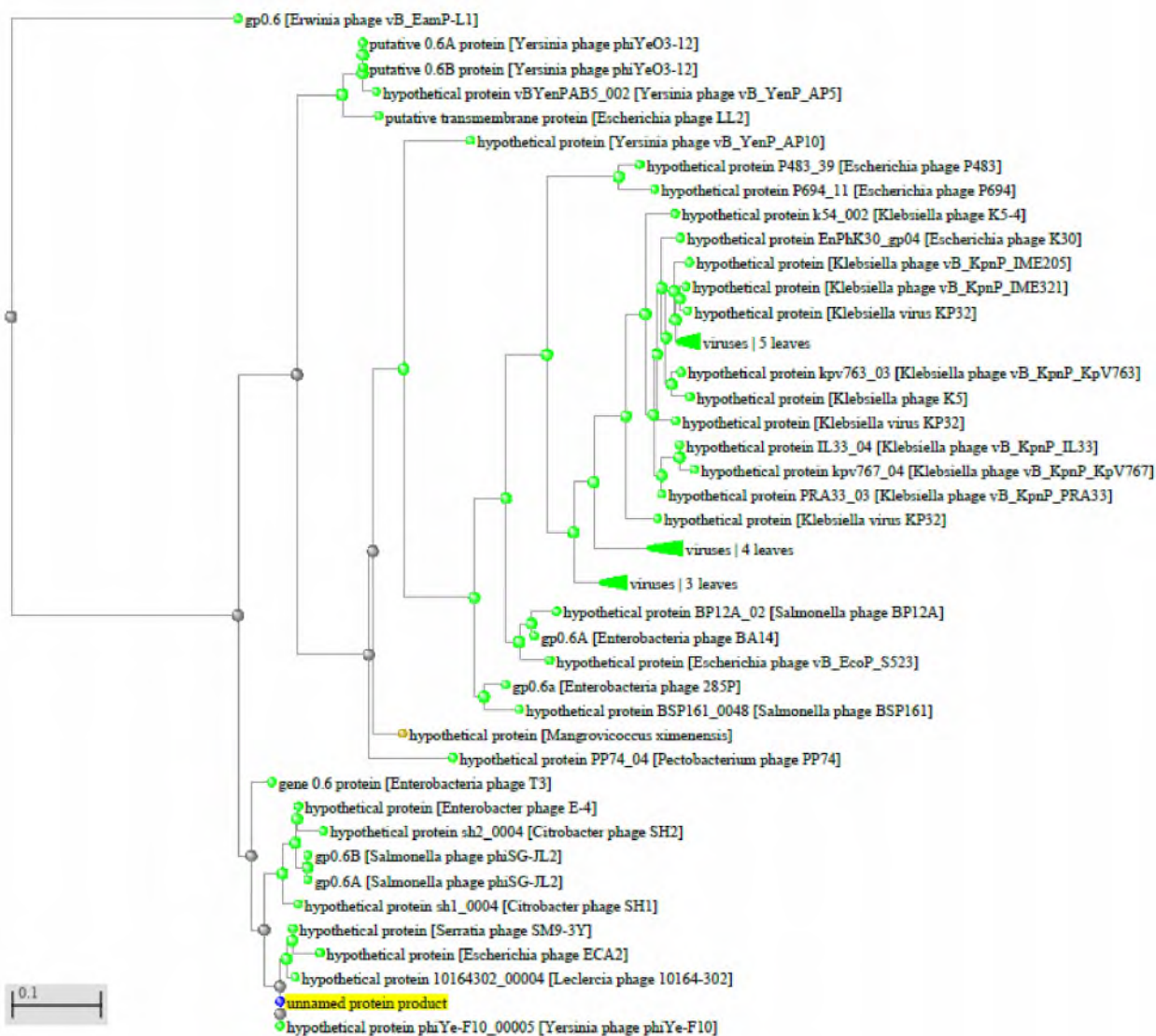


Рисунок 361 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00004 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

**BASYS00005**

Таблица 183 - Данные о протеине BASYS00005 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:15:45 GMT
Entry ID	BASYS00005.1
Accession No.	BASYS00005

SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	2655-2825 (Clockwise)
Centisome Position	6.77
Gene Name	BASYS00005
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aaggcaacgctgagttactttaagtggggattcatcccacggtttacggttcgtgaacgc aacggacgctttaaggccaacaaggtaggagtattctaca
Gene Sequence	ttgctacgcactaactcaaagcacgtaaagattgcactgtatgcgatggcttatggtgca tcgaaacgcaaggtcaaacgcatcttaacgagacaccgcaagatgaccgcacgacaggct gcaagcgctgtcaaatgggctgaattactcttactcttcttacagataa
GC Content [Percent]	46.20
Preceding Gene	BASYS00004
Following Gene	BASYS00006
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00003; BASYS00004; BASYS00005; BASYS00006
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00005
Alternate Protein Names	Not Available

Sequence	>Translated_56_residues MLRTNSKHVKIALYAMAYGASKRKRKVLTRHRKMTARQAASAVKWAEF TLYSSYR >Mature_16_residues ASAVKWAEFTLYSSYR
No. of Amino Acids	Translated: 56 ; Mature: 16
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 5.4 %Met (Translated) 5.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 6547 ; Mature: 1879
Theoretical pI	Translated: 11.94 ; Mature: 9.14
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available

COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available

Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

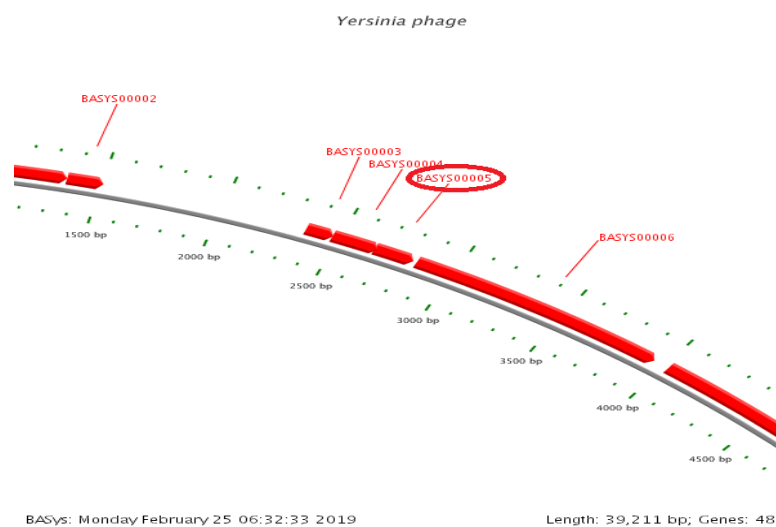


Рисунок 362 - Локализация BASYS00005 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

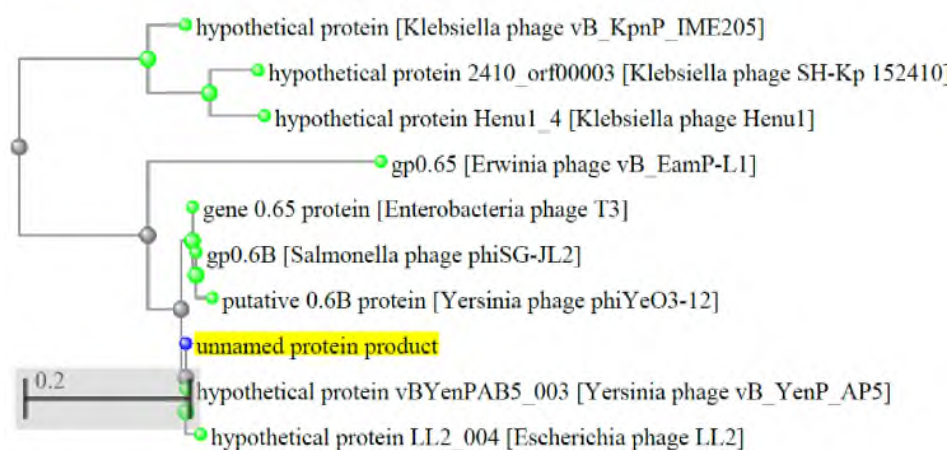


Рисунок 363 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00005 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2



Рисунок 364 - Конформационная структура BASYS00005 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00006

Таблица 184 - Данные о протеине BASYS00006 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:15:58 GMT
Entry ID	BASYS00006.1
Accession No.	BASYS00006

SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	2840-3949 (Clockwise)
Centisome Position	7.24
Gene Name	BASYS00006
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases taacgagacaccgcaagatgaccgcacgacaggctgcaagcgctgtcaaattgggctgaat ttactcttactcttcttacagataacaggacactgaacg
Gene Sequence	atgactttcaccgaagcacaagccgcactcgaagctatccgaaacctaccgattgagcgc ctgaacgaacgccagcccatgctgggtggctcttgccggctgctatcgatgaacgctgagact caagacggcgaaactgacgcaggccaagggcaattggggctggagtctatggactactgg cagacactggctgagcgtatgctgatggttggttcatcaagctgggcaacggctcattt agcgcagcctatgaacacgcactgctaccgggtaaggtcatcaaggtaggctttaagaaa gaggactcaggcgtgcctatgctgccttctgccgatgaatcaaggtcgtgagggcatc cctacgggtgtacgacattcagcgtcatacaggctgctacacgggtggcttggactatctg acaccgcttaacgattgggtgctacggtgaaagcgataagattcgcaccacttccacgct gcaagggaaatcattgaggaggattgcttcgataaccgccgaagagtaccgataagcgag ggcttcattgagacctgcaaggatatccgcaagttcttcttaggcatcgcatcattcgat tgtcacagcgggaacatgatgaaagaccagatgggacgcctgattatcacagaccggta tcattcagcgcagacgacaagttaaagccgggtgagttccactgtgaccggatgaactc atcgctgagattgaggcgtgagagcgcaggaagcgattgaccgctgtaaggcacgcaag gcacgccgtgaccctaacggaaccttcaggtagcacgtaaagcacgcatcaaattggcgc agaaaggcctctaagcgcgagaagcgcaacgctaaggtactcgctaggatgcatggac gccaatcagaatcgaggatgagcctagggcgcgtatggtgtggggcgataagcactgg cgcaacgcttggatgaccacaataacctaactttgcagaactggagcgcgcgctgct gcggaatgatgatgcacgacgaggtgctgattcagtggggaaaaccgttacacatagac



	gcataccttgacaagcgtctgcaaggctga
GC Content [Percent]	54.41
Preceding Gene	BASYS00005
Following Gene	BASYS00007
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00003; BASYS00004; BASYS00005; BASYS00006
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00006
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_369_residues</p> <p>MTFTEAQAALAIRNLP IERLNERQPMLVALAAAIVNAETQDGELT-QAKGNWGLESM DYW</p> <p>QTLAERM RDVGF IKLGN GHFSAAYEHALLPGKVIKVGFKKEDS-GAAYAAFCRMNQGREGI</p> <p>PTVYDIQRHTGCYTVVLDYLTPLNDWCYGESDKIRHHFHAAREIIEEDCFD-TAEEYPISE</p> <p>GFIETCKDIRKFFLGIASFDC HSGNMMKDQMGR LIITDPVSFSADDK LKP-GEFHCDPDEL</p> <p>IAEIEALRAQE AIDRCKARKARRDPNGTFQVARKARIKWRRKASKREKRNAK-VLARMRMD</p> <p>ANQNR RDEPRARMVWGD KHWRNAWMHHNNLNFAELER-RAAAAMMMHDEVRIQWGKPLHID</p> <p>AYLDKRLQG</p> <p>&gt;Mature_368_residues</p> <p>TFTEAQAALAIRNLP IERLNERQPMLVALAAAIVNAETQDGELTQAKGNW-GLESMDYWQ</p> <p>TLAERM RDVGF IKLGN GHFSAAYEHALLPGKVIKVGFKKEDS-</p>

	GAAYAAFCRMNQGREGIP TVYDIQRHTGCYTVVLDYLTPLNWCYGESDKIRHHFHAAREIIEEDCFD- TAEYPISEG FIETCKDIRKFFLGIASFDCCHSGNMMKDQMGRLIITDPVSFSADDKLP- GEFHCDPDELI AEIEALRAQEAI DRCKARKARRDPNGTFQVARKARIKWRRKASKREKRNAK- VLARMRMDA NQNRREPRARMVWGDKHWRNAWMHHNNLNFAELER- RAAAAMMMHDEVRIQWGKPLHIDA YLDKRLQG
No. of Amino Acids	Translated: 369 ; Mature: 368
Cys/Met Content	2.2 %Cys (Translated) 4.1 %Met (Translated) 6.2 %Cys+Met (Translated) 2.2 %Cys (Mature) 3.8 %Met (Mature) 6.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 42516 ; Mature: 42385
Theoretical pI	Translated: 8.04 ; Mature: 8.04
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available

PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity	Not Available

[micromol/min /mg]	
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

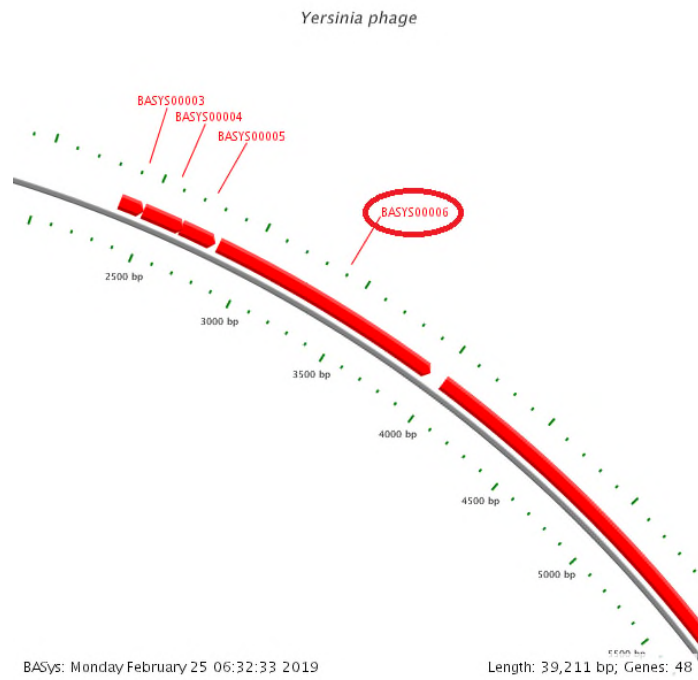


Рисунок 365 - Локализация BASYS00006 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

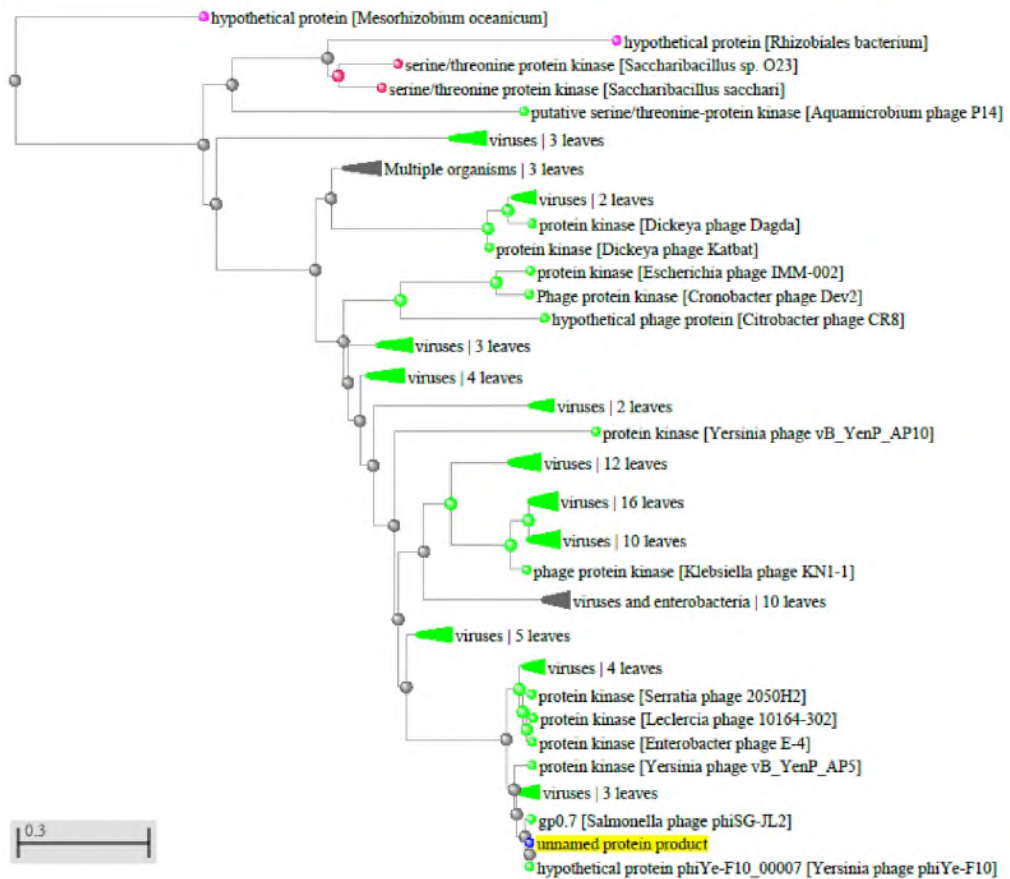


Рисунок 366 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00006 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

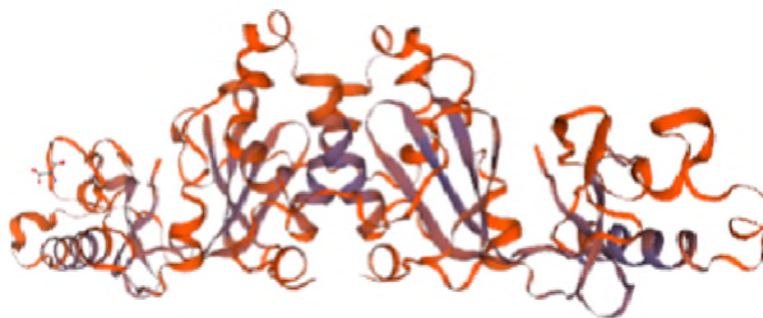


Рисунок 367 - Конформационная структура BASYS00006 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00007**

Таблица 185 - Данные о протеине BASYS00007 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:16:28 GMT
Entry ID	BASYS00007.1
Accession No.	BASYS00007
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	4020-6674 (Clockwise)
Centisome Position	10.25
Gene Name	BASYS00007

Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gcataccttgacaagcgtctgcaaggctgatagagtcttatcttacaggatcaatcgg tggcctgaataggtagcatttattcacaatgaggaagca
Gene Sequence	atgaacatcatcgaaaacatcgaaaagaatgacttctccgaaatcgaaactggctgctatc ccgttcaacacactggcagaccactacggaagcgcattggctcgtgaacaactggcttta gagcacgagtcttatgagctaggcgagcgcgcttctcaagatgcttgagcgtcaagcg aaagctggtgagattgagacaacgagccgctaagccattactcgctacgcttctcct aagttaaccgcacgcatcgttgagtggctcgaagagtacgctctaagaaggccgcaag cctgtagcctatgcaccactcaatcactcaagccggaggcgtccgctttatcacactc aaggtcatccttgcgtcactgaccagcacgaacatgacaaccattcaggccgctgctggt atgcttgggaaagccattgaggatgaggcacgtttcgggcaatccgtgacctcgaagcg aagcactcaagaagcacgttgaggaacagcttaacaagcggcagggcaagtctacaag aaagcctttatgcaggtggtagaggccgatatgattggtcgcgggctgctgggaggtgag gcgtggtctagctgggacaaggaaaccacgatgcacgtaggattcactgattgaaatg ctcattgagtccacgggtctggtggaattgcagcgtcacaacgcaggtaacgcaggctct gaccatgaggcactacaactggccaagagtacgtggacgtattagcgaagcgtgcaggc gctctggcgggtatctctccgatgttccaaccgtgtgtcgtaaccgccgaaaccttgggta tcaatcacaggtggcggctattgggcaacggtcgcagaccttggcgtcattcgcact cactctaagaaggactgatgcgctatgaggatgtttacatgccagaagttacaaggcg gtcaacatcgacagaacaccgcatggaaaatcaacaagaaagtcctcgcggtgtcaac gagattgtgaactggaagaactgcccggtcgcagacattccatctctggagcgaagag ttacctctaagccggacgacattgacaccaacgaggcagcactcaaggagtggaagaaa gccgctgctggtgtctaccgcttgataaggcacgagtgtctcgcgctatcagcttagag ttcatgctggagcaggccaacaagttcgcaagcaagaaagcaatctggtcccttacaac atggactggcgtggtcgtgtgtacgctgtgccgatgttcaaccgcaaggcaacgacatg accaagggtctcctaaccctcgctaaaggcaagccaatcggtaggaaggttttactgg ctgaaaatccacggtgcgaactgtgcgggagtcgataaggtgcctttcctgagcgcac gcgttcattgagaagcacgtagacgacattctggcttgcgctaaagaccaatcaataac acttggtagggccgagcaggattcaccttctgttcttagcgttctgcttcgagtatgca ggcgttgcgaccacggctctgagctacaattgctctctgccgctggcgttcgacgggtct tgctctggtatccagcacttctccgcatgctccgcatgaggtaggcggctcgtgcggtt aacctgctccaagcgaaccgtgcaggacatttacggcatcgttgacagaaagtaaac gagattctcaaacaggatgcaatcaacggcacacctaacgagatgattaccgttaccgat aaggacaccggggaatctctgagaagctcaagctgggaacctcaacgctggcgaacag

	<p>tggctggcgtatggtgtaaccgtagcgtactaaacggtcggatcatgacgctggcttac  ggtccaaggagttcggctttctcaacaggtactggacgacaccattcagcctgcgatt  gacagcggtaagggcttgatgttaccaccaacctaaccaagcggctggctatatggctaag  ctgatttgggacgcggtagcgtgaccgtagtcgcagcggttgaggcgatgaactggctc  aagtctgccgctaagctgctggctgctgaggtcaaggataagaagaccaaggagattctg  cgccaccgttgcgcggttactggactacgccggacggctcccggatggcaggaatac  cgcaagccactcagaagcgtctcgatatgattttcttagggcaattccgctgcaaccg  acgattaataacctcaaggattcaggcattgacgcacacaagcaggagtctggcatcgcg  cctaactttgttactcacaggacggtagtcacctccgcatgacagtcgtttatgctcac  gagaagtatggcattgagtccttgcgctcatccatgacagcttcgggactatcccggca  gacgctggtaagttgttcaaagctgtacgtgagacgatggttatcacctacgagaacaac  gatgtgctggcagacttctatgaccagttgcagaccagctacacgagaccaactggac  aagatgcctccgcttccgaagaaagggaaacctgaacctgaagacattctcaagtctgac  tttgcttgcataa</p>
GC Content [Percent]	53.60
Preceding Gene	BASYS00006
Following Gene	BASYS00008
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA-Directed RNA Polymerase
Alternate Protein Names	DNA-Dependent RNA Polymerase ; RNA-Polymerase ; DNA- Dependent RNA Polymerase Domain Protein
Sequence	<p>&gt;Translated_884_residues  MNIIEKNDKDFSEIELAAIPFNTLADHYGSALAREQLALEHESYELGERRFLK-  MLERQA  KAGEIADNAAKPLLATLLPKLTARIVEWLEEYASKKGRKPVAYAPLQSLK-  PEASAFITL  KVILASLTSTNMTTIQAAAGMLGKAIEDEARFGRIRDLEAKHFKKH-</p>



VEEQLNKRHGQVYK  
KAFMQVVEADMIGRGLLGGEAWSSWDKETT MHVGIRLIEMLIESTGL-  
VELQRHNAGNAGS  
DHEALQLAQEYVDVLAKRAGALAGISPMFQPCVPPKPWVSITGGGY-  
WANGRRPLALIRT  
HSKKGLMRYEDVYMPEVYKAVNIAQNTAWKINKKVLAVV-  
NEIVNWKNCPVADIPSLERQE  
LPPKPDDIDTNEAALKEWKAAAGVYRLDKARVSRRISLEFMLEQANK-  
FASKKAIWFPYN  
MDWRGRVYAVPMFNPQGNDMTKGLLTLAKGKPIGEEGFYWLKIHGAN-  
CAGVDKVPFPERI  
AFIEKHVDDILACAKDPINNTWWAEQDSPFCFLAFCFEYAGVAHHGL-  
SYNCSLPLAFDGS  
CSGIQHFSAMLRDEVGGRAVNLLPSETVQDIYGIVAQKVNEILKQ-  
DAINGTPNEMITVTD  
KDTGEISEKCLKGTSTLAQQWLAYGVTRSVTKRSVMTLAYG-  
SKEFGFRQQVLDDTIQPAI  
DSGKGLMFTQPNQAAGYMAKLIWDAVSVTVVAAVEAMNWLKSAAKL-  
LAAEVKDCKTKEIL  
RHRCVHWTTDPDGFVWQEYRKPLQKRLDMIFLGQFRLQPTINTLKDSGI-  
DAHKQESGIA  
PNFVHSQDGSHLRMTVVYAHEKYGIESFALIHDSFGTIPADAGKLFKA-  
VRETMVITYENN  
DVLADFYDQFADQLHETQLDKMPPLPKKGNLNLQDILKSDFafa  
>Mature\_884\_residues  
MNIIEKNDSEIELAAIPFNTLADHYGSALAREQLALEHESYELGERRFLK-  
MLERQA  
KAGEIADNAAKPLLATLLPKLTARIVEWLEEYASKKGRKPVAYAPLQSLK-  
PEASAFITL  
KVILASLTSTNMTTIQAAAGMLGKAIEDEARFGRIRDLEAKHFKKH-  
VEEQLNKRHGQVYK  
KAFMQVVEADMIGRGLLGGEAWSSWDKETT MHVGIRLIEMLIESTGL-  
VELQRHNAGNAGS  
DHEALQLAQEYVDVLAKRAGALAGISPMFQPCVPPKPWVSITGGGY-  
WANGRRPLALIRT  
HSKKGLMRYEDVYMPEVYKAVNIAQNTAWKINKKVLAVV-  
NEIVNWKNCPVADIPSLERQE

	<p>LPPKPDDIDTNEAALKEWKAAAGVYRLDKARVSRRLSEFMLEQANK-FASKKAIWFPYN</p> <p>MDWRGRVYAVPMFNPQGNDMTKGLLTLAKGKPIGEEGFYWLKIHGAN-CAGVDKVPFPERI</p> <p>AFIEKHVDDILACAKDPINNTWWAEQDSPFCFLAFCFEYAGVAHHGL-SYNCSLPLAFDGS</p> <p>CSGIQHFSAMLRDEVGGRAVNLLPSETVQDIYGIVAQKVNEILKQ-DAINGTPNEMITVTD</p> <p>KDTGEISEKLLKGTSTLAQQWLAYGVTRSVTKRSVMTLAYG-SKEFGFRQQVLDDTIQPAI</p> <p>DSGKGLMFTQPNQAAGYMAKLIWDAVSVTVVAAVEAMNWLKSAAKL-LAAEVKDKKTKEIL</p> <p>RHRCVHWTTDPDGFVWQEYRKPLQKRLDMIFLGQFRLQPTINTLKDSGI-DAHKQESGIA</p> <p>PNFVHSQDGSHLRMTVVYAHEKYGIESFALIHDSFGTIPADAGKLFKA-VRETMVITYENN</p> <p>DVLADFYDQFADQLHETQLDKMPPLPKKGNLNLQDILKSDFafa</p>
No. of Amino Acids	Translated: 884 ; Mature: 884
Cys/Met Content	<p>1.0 %Cys (Translated)</p> <p>2.8 %Met (Translated)</p> <p>3.8 %Cys+Met (Translated)</p> <p>1.0 %Cys (Mature)</p> <p>2.8 %Met (Mature)</p> <p>3.8 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 98789 ; Mature: 98789
Theoretical pI	Translated: 7.51 ; Mature: 7.51
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available																														
Transmembrane Regions	Not Available																														
Secondary Structure	Not Available																														
PROSITE Motif	<a href="#">PS00900</a> RNA_POL_PHAGE_1 ; <a href="#">PS00489</a> RNA_POL_PHAGE_2																														
Specific Function	Unknown																														
Metabolic Importance	Not Available																														
COG Function	Not Available																														
COG ID	Not Available																														
Gene Ontology	Not Available																														
Cell Location	Cytoplasmic																														
Similarity	Not Available																														
Homologues	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Organism</th> <th>Length</th> <th>E-Value</th> <th>% Ident</th> <th>Accession</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Homo sapiens</td> <td>788</td> <td>3e-69,</td> <td>27.66</td> <td><a href="#">GI110618253</a></td> </tr> <tr> <td>Caenorhabditis elegans</td> <td>601</td> <td>1e-52,</td> <td>26.96</td> <td><a href="#">GI193203364</a></td> </tr> <tr> <td>Caenorhabditis elegans</td> <td>613</td> <td>6e-52,</td> <td>27.08</td> <td><a href="#">GI193203366</a></td> </tr> <tr> <td>Saccharomyces cerevisiae</td> <td>806</td> <td>4e-75,</td> <td>29.90</td> <td><a href="#">GI6321072</a></td> </tr> <tr> <td>Drosophila melanogaster</td> <td>649</td> <td>2e-55,</td> <td>27.73</td> <td><a href="#">GI20129143</a></td> </tr> </tbody> </table>	Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession	Homo sapiens	788	3e-69,	27.66	<a href="#">GI110618253</a>	Caenorhabditis elegans	601	1e-52,	26.96	<a href="#">GI193203364</a>	Caenorhabditis elegans	613	6e-52,	27.08	<a href="#">GI193203366</a>	Saccharomyces cerevisiae	806	4e-75,	29.90	<a href="#">GI6321072</a>	Drosophila melanogaster	649	2e-55,	27.73	<a href="#">GI20129143</a>
	Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession																										
	Homo sapiens	788	3e-69,	27.66	<a href="#">GI110618253</a>																										
	Caenorhabditis elegans	601	1e-52,	26.96	<a href="#">GI193203364</a>																										
	Caenorhabditis elegans	613	6e-52,	27.08	<a href="#">GI193203366</a>																										
Saccharomyces cerevisiae	806	4e-75,	29.90	<a href="#">GI6321072</a>																											
Drosophila melanogaster	649	2e-55,	27.73	<a href="#">GI20129143</a>																											
Paralogues	Not Available																														
PDB Accession	Not Available																														

Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available

Availability	Not Available
References	Not Available

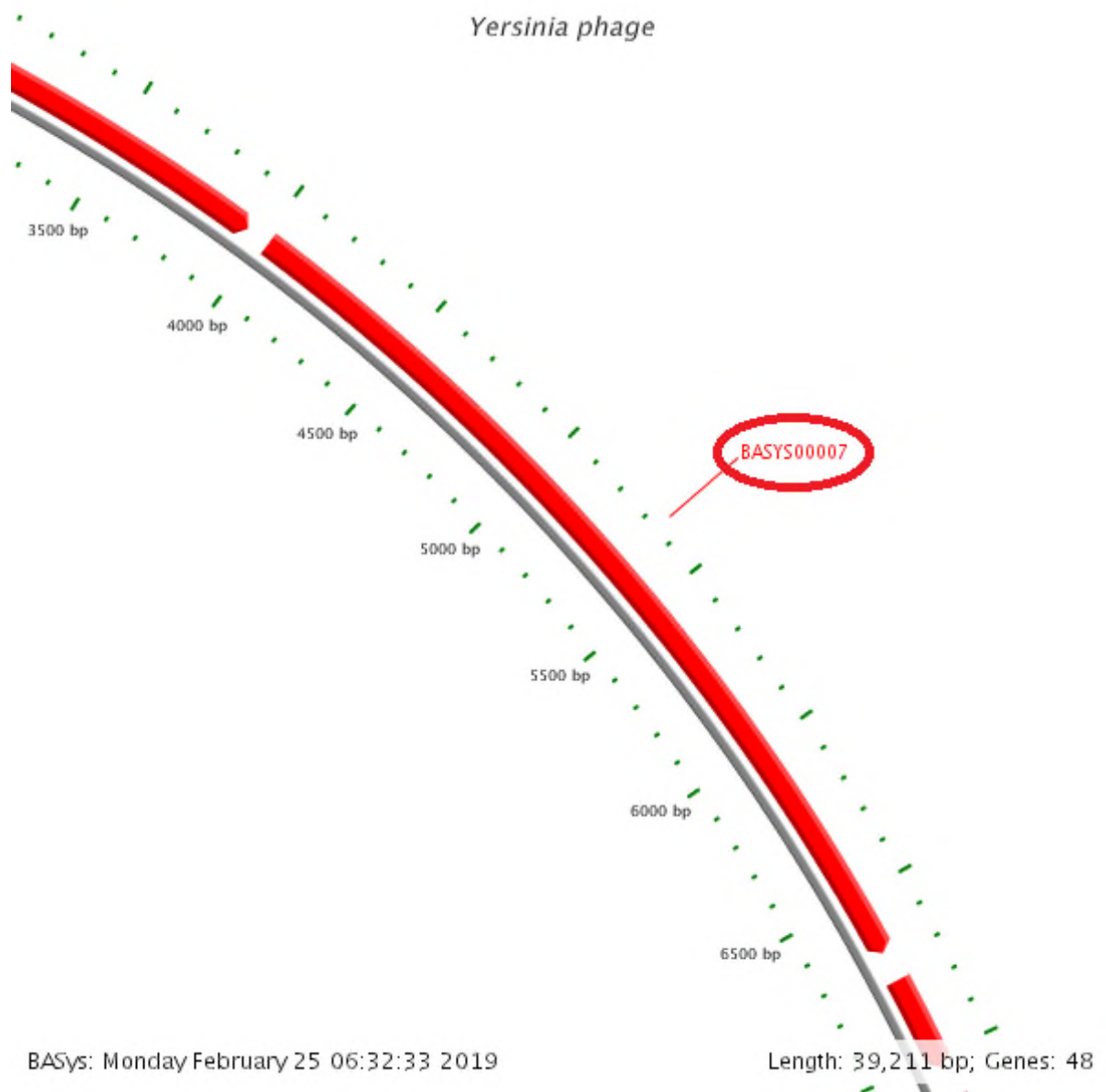


Рисунок 368 - Локализация BASYS00007 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

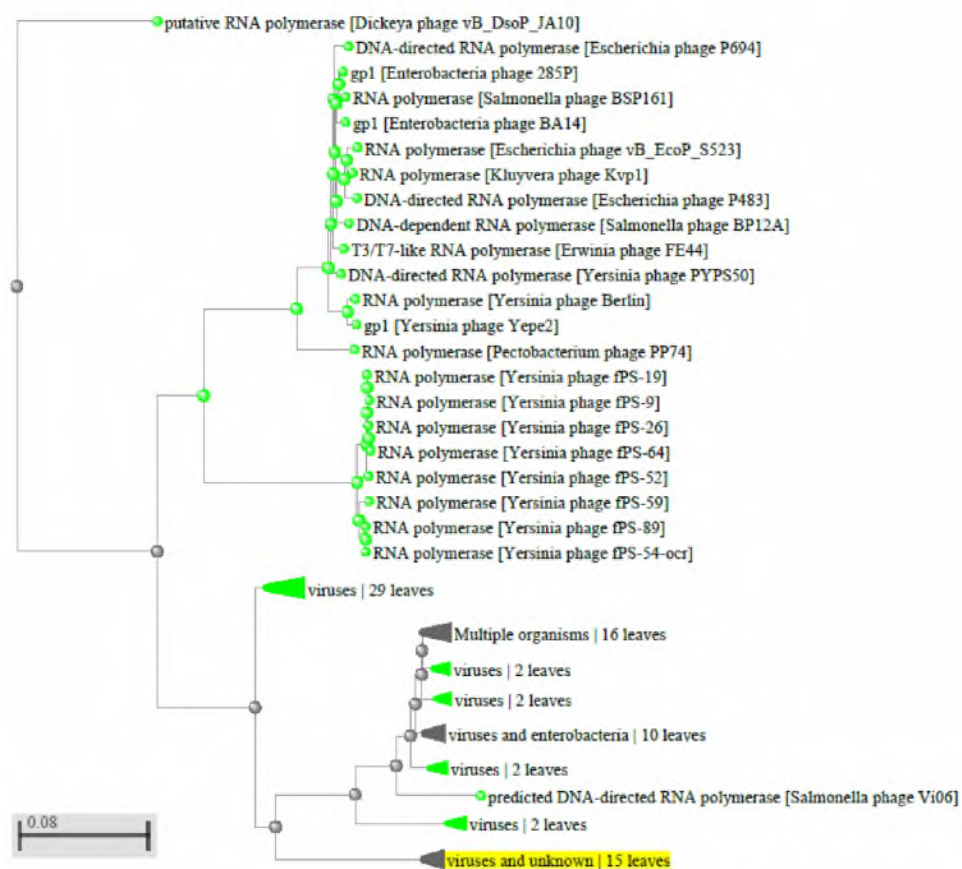


Рисунок 369 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00007 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2



Рисунок 370 - Конформационная структура BASYS00007 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00008**

Таблица 186 - Данные о протеине BASYS00008 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:17:24 GMT
Entry ID	BASYS00008.1
Accession No.	BASYS00008
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	6761-7033 (Clockwise)
Centisome Position	17.24
Gene Name	BASYS00008
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ttgcctttgcataacaagcacttagcattaaccctcactaacgggagactacttaaggtc tcccactttaagacactttaggtactaagagattaaatt
Gene Sequence	atgattaacattaaggcttctttaagaacatctttaagttaaaccgcttgacttccgtt aagttctacgcttggatgcccggtagtgatgacctccgcaagactgaatttaagtaggc ttagggccgtgcggttaaggtggtcaagaagttggaatgttactcaacgtcctccgggatg gtcatctccagaccactgaggacaacgaaacgaaatccttctactacccgaaaggttca acgtgtggtcgtatcgaacggacatacagttaa
GC Content [Percent]	45.05

Preceding Gene	BASYS00007
Following Gene	BASYS00009
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00008
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_90_residues MINIKAFFKNIFKLNRLTSVKFYAWMPGSDDLRLKTEFKLGLGPCGKVVK-KLECYSTSSGM VIFQTTEDNETKSFYYPKGSTCGRIERTYS >Mature_66_residues WMPGSDDLRLKTEFKLGLGPCGKVVKKLECYSTSSGMVIFQTTEDNETK-SFYYPKGSTCGR IERTYS
No. of Amino Acids	Translated: 90 ; Mature: 66
Cys/Met Content	3.3 %Cys (Translated) 3.3 %Met (Translated) 6.7 %Cys+Met (Translated) 4.5 %Cys (Mature) 3.0 %Met (Mature) 7.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10343 ; Mature: 7454
Theoretical pI	Translated: 9.90 ; Mature: 8.47



Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

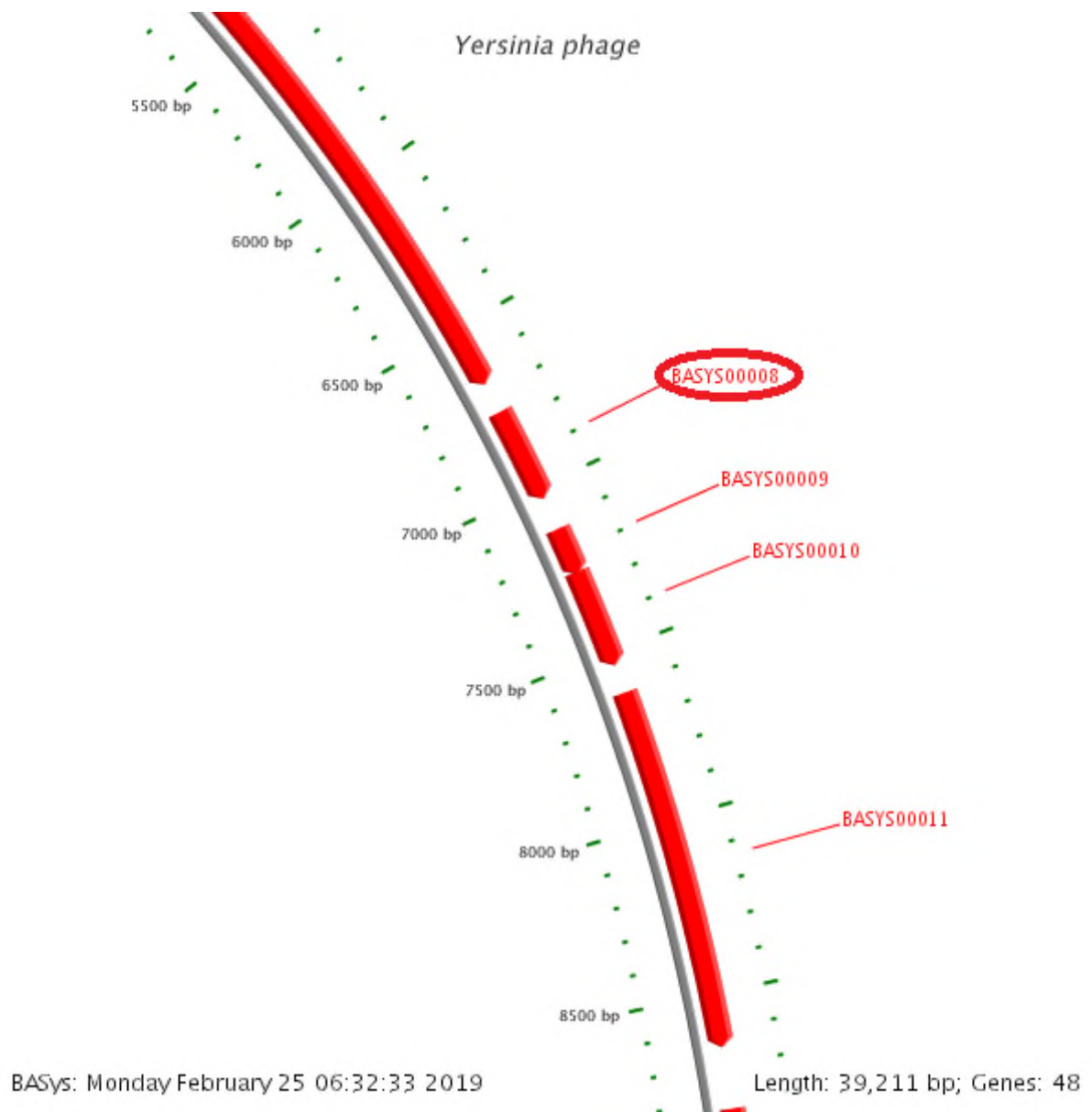


Рисунок 371 - Локализация BASYS00008 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

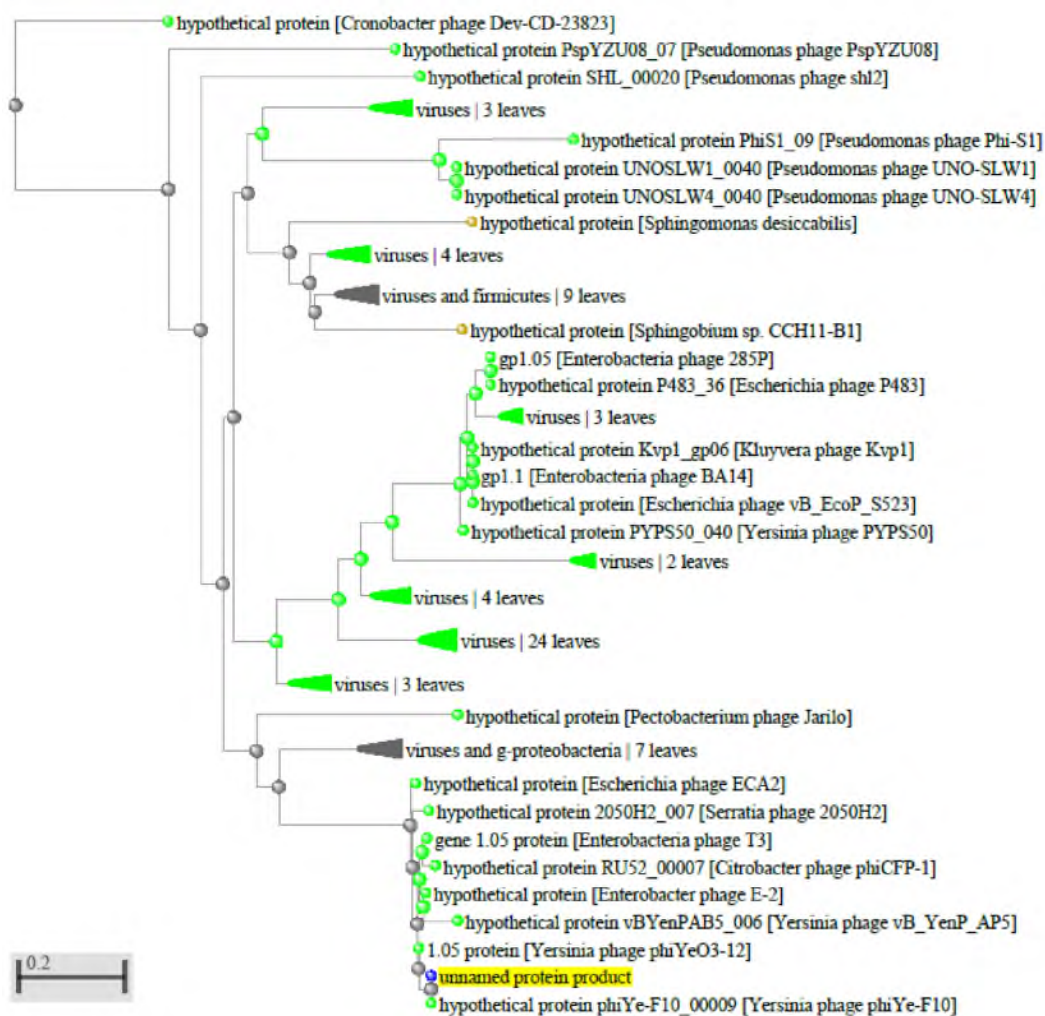


Рисунок 372 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00008 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2



Рисунок 373 - Конформационная структура BASYS00008 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00009**

Таблица 187 - Данные о протеине BASYS00009 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:17:38 GMT
Entry ID	BASYS00009.1
Accession No.	BASYS00009
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	7126-7266 (Clockwise)
Centisome Position	18.17
Gene Name	BASYS00009
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases acagttaaccctcactaacaggagagtagcctcaaggctcgaagcgggtggcctttg tgattaactttcaatacacatcaacatgaggttaagatact
Gene Sequence	atgcgtaccaactttgagaaatttaccgaagcgcgattcagtggtcaatgagcatggcgaa cagtggaagagagccgtgaccgcatgaagaaacgccacaagcagcagcgcggttaact- ca cagaaacgggagtggaactaa
GC Content [Percent]	51.06
Preceding Gene	BASYS00008

Following Gene	BASYS00010
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00009; BASYS00010
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00009
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_46_residues MRTNFEKFTKRDSVVNEHGGEQWQESRDRMKKRHKQQRGNSQ-KREWN >Mature_46_residues MRTNFEKFTKRDSVVNEHGGEQWQESRDRMKKRHKQQRGNSQ-KREWN
No. of Amino Acids	Translated: 46 ; Mature: 46
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 4.3 %Met (Translated) 4.3 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 4.3 %Met (Mature) 4.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 5833 ; Mature: 5833
Theoretical pI	Translated: 11.31 ; Mature: 11.31
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available

Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg ]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



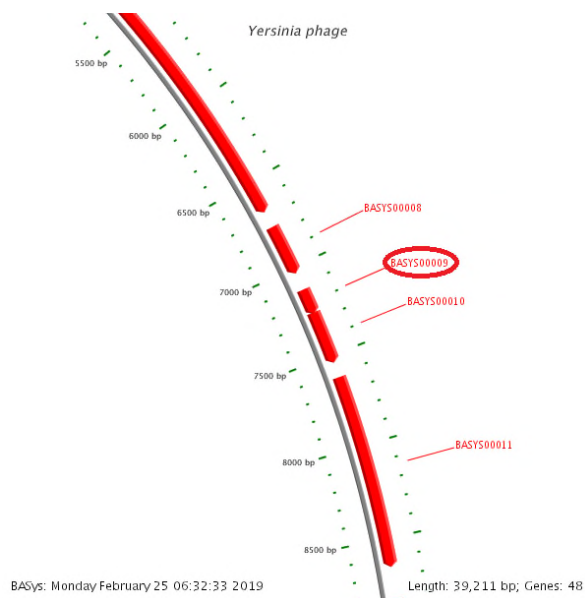


Рисунок 374 - Локализация BASYS00009 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

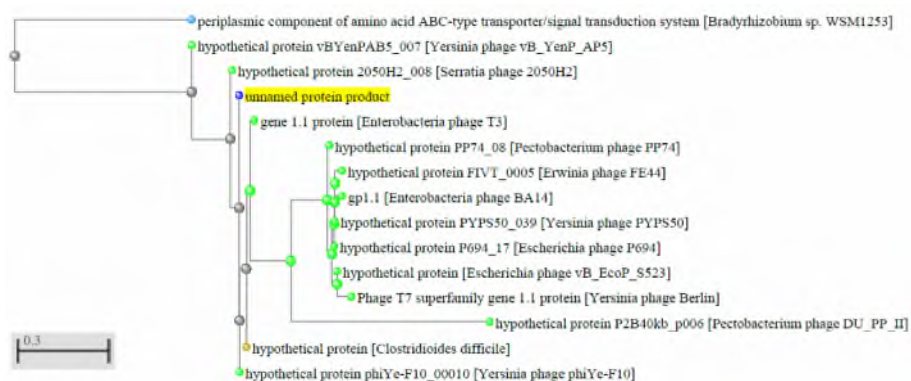


Рисунок 375 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00009 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2



Рисунок 376 - Конформационная структура BASYS00009 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00010**

Таблица 188 - Данные о протеине BASYS00010 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:17:51 GMT
Entry ID	BASYS00010.1
Accession No.	BASYS00010
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	7257-7541 (Clockwise)
Centisome Position	18.51
Gene Name	BASYS00010
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gcgattcagtggtcaatgagcatggcgaacagtggaagagagccgtgaccgcatgaaga aacgccacaagcagcagcgcggtaactcacagaaacggga
Gene Sequence	gtggaactaatgatgggacgtatctatagcggcaacctgaacgattacaaagatgcbgta gcbgcttacaggaagaccatgacgtgaccgtgaagatggagtcattcagctatgaaaac ccagcgaagatgtgcaggtcatccggtgaggttctccgctgttcacacgctcagggcat ccggtggcatccagaaccttcgagcacagcagcagtgatgtacaaatcaacgcbgact gcatggctccgtaaggttcacagcgaattgaaacactggaagtaa
GC Content	51.58

[Percent]	
Preceding Gene	BASYS00009
Following Gene	BASYS00011
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00009; BASYS00010
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00010
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_94_residues  MELMMGRIYSGNLNDYKDAVARLQEDHDVTVKMESFSYENPAKMCRSS-  GEVLRVFTRSGH  PVASRTFEHSDSDVQINAQTAWLRKVVHSELKHWK</p> <p>&gt;Mature_94_residues  MELMMGRIYSGNLNDYKDAVARLQEDHDVTVKMESFSYENPAKMCRSS-  GEVLRVFTRSGH  PVASRTFEHSDSDVQINAQTAWLRKVVHSELKHWK</p>
No. of Amino Acids	Translated: 94 ; Mature: 94
Cys/Met Content	1.1 %Cys (Translated) 5.3 %Met (Translated) 6.4 %Cys+Met (Translated) 1.1 %Cys (Mature) 5.3 %Met (Mature) 6.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10886 ; Mature: 10886

Theoretical pI	Translated: 7.73 ; Mature: 7.73
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available

Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available

References

Not Available

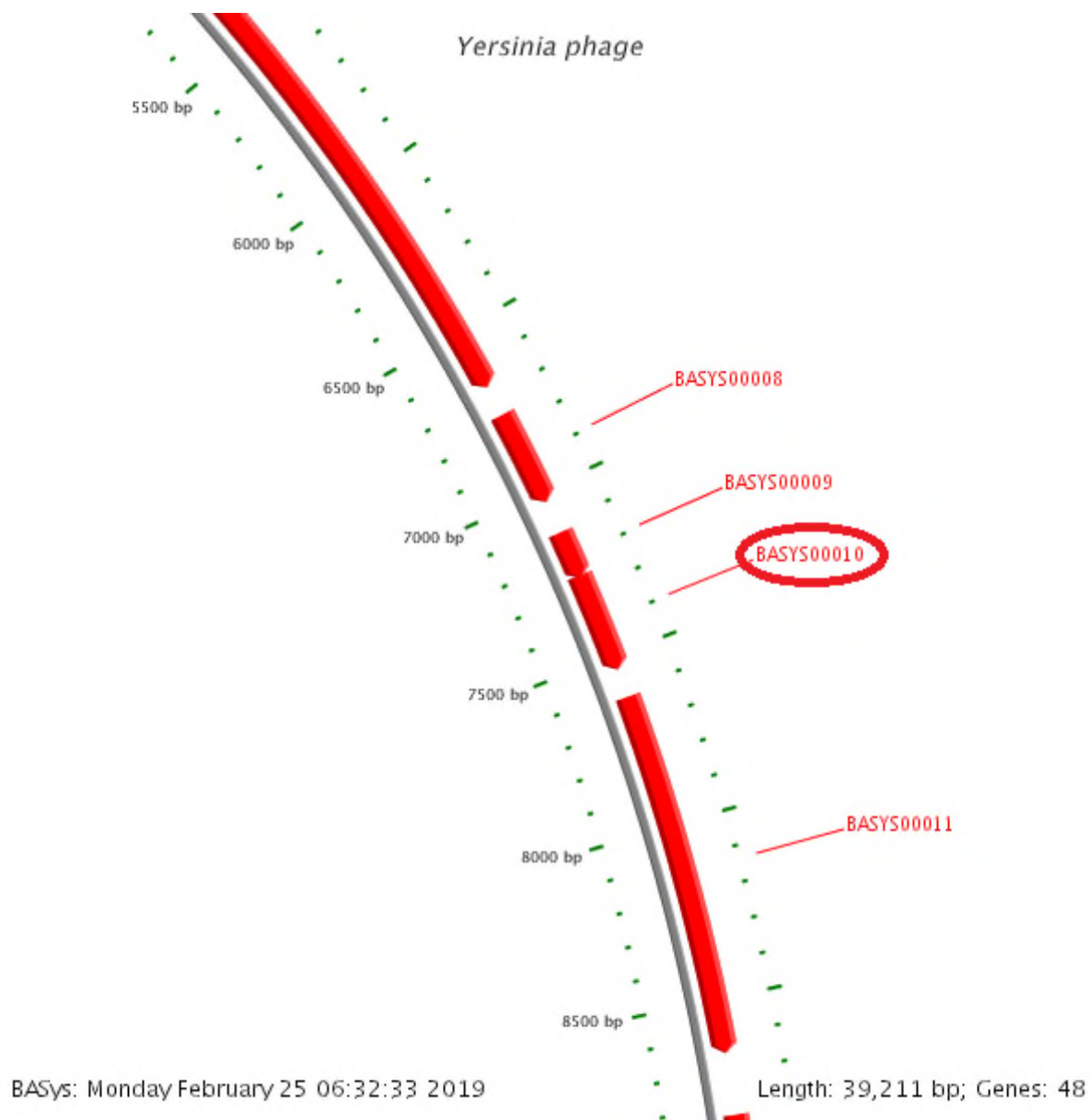


Рисунок 377 - Локализация BASYS00010 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

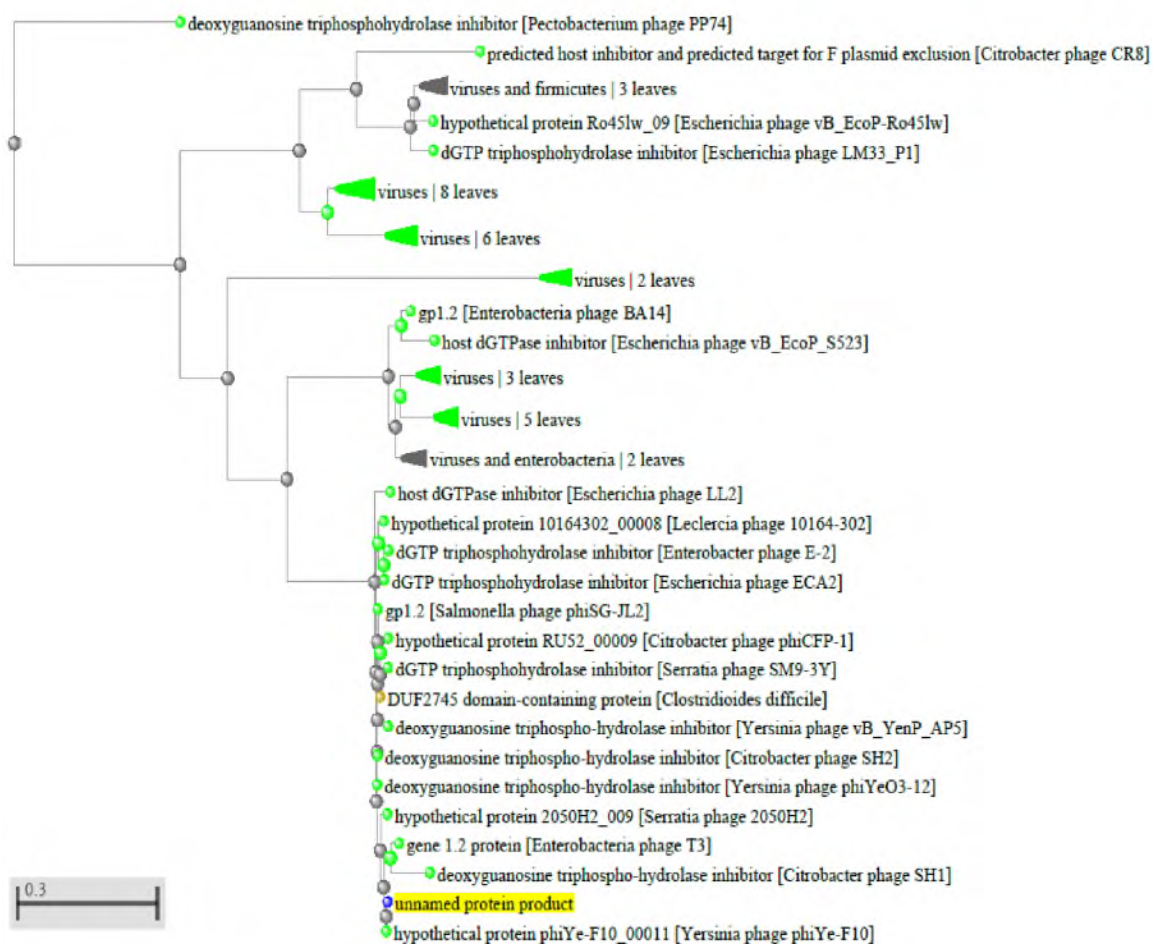


Рисунок 378 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00010 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

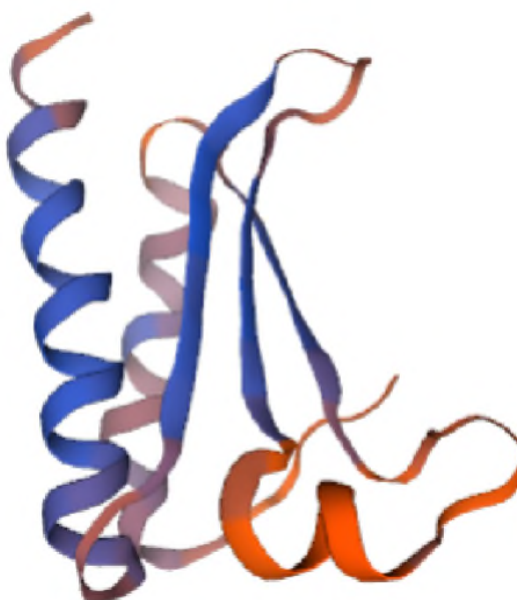


Рисунок 379 - Конформационная структура BASYS00010 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00011**Таблица 189 - Данные о протеине BASYS00011 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

Creation Date	2019/2/25 6:18:7 GMT
Entry ID	BASYS00011.1
Accession No.	BASYS00011
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	7621-8652 (Clockwise)
Centisome Position	19.44
Gene Name	BASYS00011
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gaattgaaacactggaagtaataaccctcactaacaggagaatcctcaaggtcactttaa cgagtggcctttgtgattcgaactgattaactttcaacca
Gene Sequence	atgaggaacaaccgatgaacatcttcaagaccaaccattcaaagctgtgtcattcgta gagtctgccgttaagaaagcgctggagacctccggctacctaatggctgatatacaatat gatggtgtgcgcggttaacattgtggttgacaacgtggctgaggccgcatggctgtcccgt gtgtccaagttcatcccggcgctggaacatctgaacggtttcgataagcgtggcagcaa ctactgaacgatgaccgctgcattttccggacggctcatgctggatggtgaactgatg gtcaaaggcgtagacttcaacacagggctggtgctgctgcgtaccaagtggtcaagaag aacaacttcatgtttgaccgtggtggtgttgagccgctgaaaggttcaaagtagccttt gagttagacccaagcgcctgagtgtgcgctgtatgaggtaatgccgattcacattgcg



	<p>gagtctggcgaggactacgatgtgcagaacctgctgatgccgtatcatgtggaagccatg  cgctctcttctggtgaatacttcccggaaatcgagtggttatcgctgagacctacgag  gtctacgatatggattcgctgagtgaactgtacgaggccaagcgtgccgaaggctcacgag  ggtctcattgtgaaagaccacaaggcatctacaagcgaggcaagaagtctggctggtgg  aagctcaagcctgagtgtgaagctgacggtatcatccagggtgtcaattggggaaccgaa  gggtagccaacgagggcaagtgataggctttagtgtgcttcttgagactggctggtta  gtagacgccaacaacatctctcgcgactgatggacgagttcacagccaacgttaaagcc  cacggtgaagacttctacaacgggtggcctgtcaggtcaactatatggaagagaccccg  gacggctcctgcgtcacctagcttcgagaagttccgaggcactgaggacaaccctcaa  gagaaaaatgtaa</p>
GC Content [Percent]	52.62
Preceding Gene	BASYS00010
Following Gene	BASYS00012
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA Ligase
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_343_residues  MRNNRMNIFKTNPFKAVSFVESAVKKALETSGYLMADIKYDGVRG-  NIVVDNVAEAAWLSR  VSKFIPALEHLNGFDKRWQQLNDDRCIFPDGFMLD-  GELMVKGVDNFNTGSGLLRKWLKK  NNFMFDRGGVEPLKGSKVAFELDPKRLSVRLYAVMPIHIAESGE-  DYDVQNLLMPYHVEAM  RSLLEVEYFPEIEWLIAETYEVDMDSLSELYEAKRAEGHEGLIVKDPQ-  GIYKRGKKSQWW  KLKPECEADGIIQGVNWTGTEGLANEGKVIQFSVLLETGRLVDANNISRALM-</p>

	<p>DEFTANVKA  HGEDFYNGWACQVNYMEETPDGSLRHPSFEKFRGTEDNPQEKM  &gt;Mature_343_residues  MRNNRMNIFKTNPFKAVSFVESAVKKALETSGYLMADIKYDGVRG-  NIVVDNVAEAAWLSR  VSKFIPALEHLNGFDKRWQQLNDDRCIFPDGFMLD-  GELMVKGVDNFNTGSGLLRTKWLKK  NNFMFDRGGVEPLKGSKVAFELDPKRLSVRLYAVMPIHIAESGE-  DYDVQNLLMPYHVEAM  RSLLEVEYFPEIEWLIAETYEVDMDLSSELYEAKRAEGHEGLIVKDPQ-  GIYKRGKKSGWW  KLKPECEADGIIQGVNWGTEGLANEGKVIGFSVLLETGRLVDANNISRALM-  DEFTANVKA  HGEDFYNGWACQVNYMEETPDGSLRHPSFEKFRGTEDNPQEKM</p>
No. of Amino Acids	Translated: 343 ; Mature: 343
Cys/Met Content	0.9 %Cys (Translated) 3.8 %Met (Translated) 4.7 %Cys+Met (Translated) 0.9 %Cys (Mature) 3.8 %Met (Mature) 4.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 39035 ; Mature: 39035
Theoretical pI	Translated: 4.99 ; Mature: 4.99
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane	Not Available

Regions	
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00697</a> DNA_LIGASE_A1 ; <a href="#">PS00333</a> DNA_LIGASE_A2 ; <a href="#">PS50160</a> DNA_LIGASE_A3
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

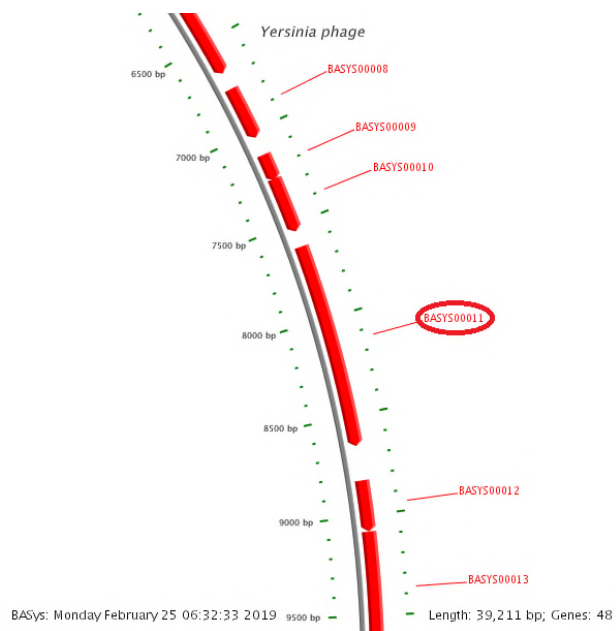


Рисунок 380 - Локализация BASYS00011 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

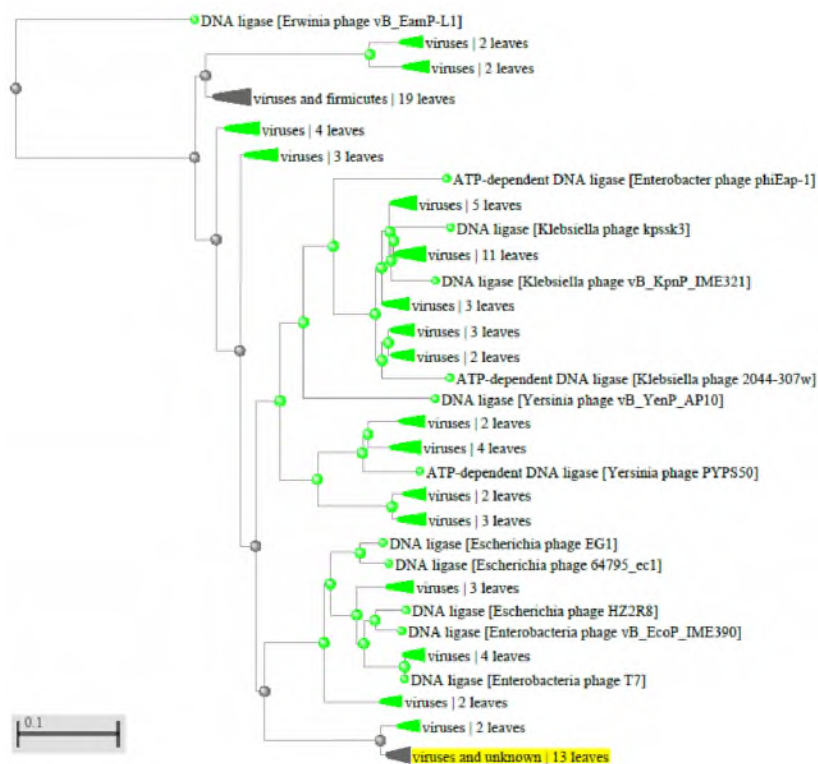


Рисунок 381 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00011 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

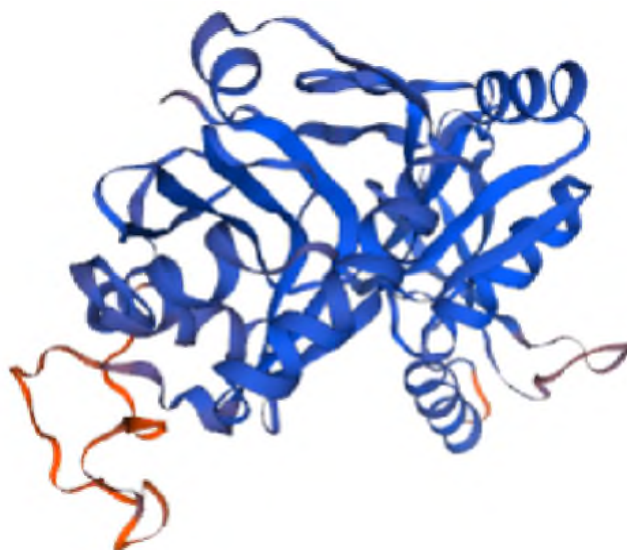


Рисунок 382 - Конформационная структура BASYS00011 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00012**

Таблица 190 - Данные о протеине BASYS00012 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:18:39 GMT
Entry ID	BASYS00012.1
Accession No.	BASYS00012
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	8825-9082 (Clockwise)
Centisome Position	22.51

Gene Name	BASYS00012
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gagacacaccatgtggcttatcctattcgctatcgtcgcaacgattagttaatggctgc cgacgacaacatttggcctgattgtaaggagacaacatc
Gene Sequence	atgcgtttacacttcaacacatcaaacggatatcttttcggttcgccggaagaccgctct acagcagtgccctctgagcgtaacgccaagctgccgctgattgggtcggcgttcactg tcgccgctgttcacctgcttatcactcgtggagagttcattaaggcgatgaataaagag cgcccgcacatctggaagccgtggcacttactggcctcgcatccgtctgttcgtaagtgg attaaggaggtgctgtaa
GC Content [Percent]	52.71
Preceding Gene	BASYS00011
Following Gene	BASYS00013
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00012; BASYS00013
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00012
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_85_residues MRLHFNTSNGIFSVRREDRSTAVASERNAKLPLIGSVVPLSPRVHLLITRGE- FIKAMNKE RPHLEAVVTYWPRIRLFVKWIKEVL >Mature_85_residues MRLHFNTSNGIFSVRREDRSTAVASERNAKLPLIGSVVPLSPRVHLLITRGE- FIKAMNKE

	RPHLEAVVTYWPRIRLFVKWIKEVL
No. of Amino Acids	Translated: 85 ; Mature: 85
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.4 %Met (Translated) 2.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.4 %Met (Mature) 2.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9894 ; Mature: 9894
Theoretical pI	Translated: 11.75 ; Mature: 11.75
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available



Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available

Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

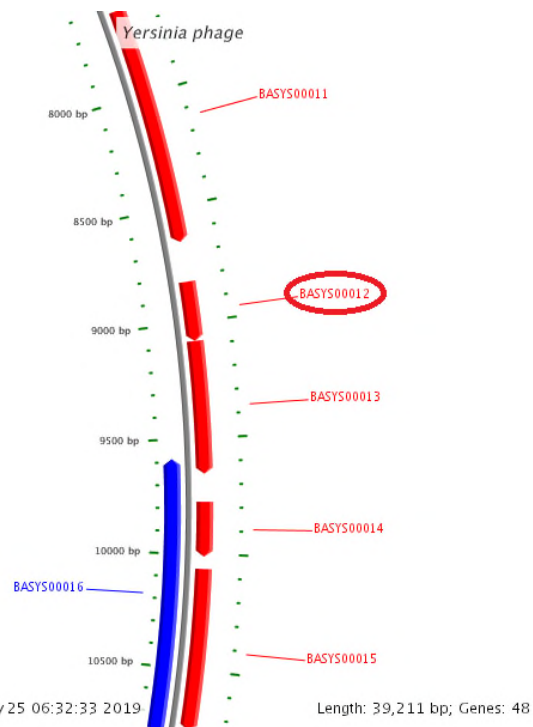


Рисунок 383 - Локализация BASYS00012 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

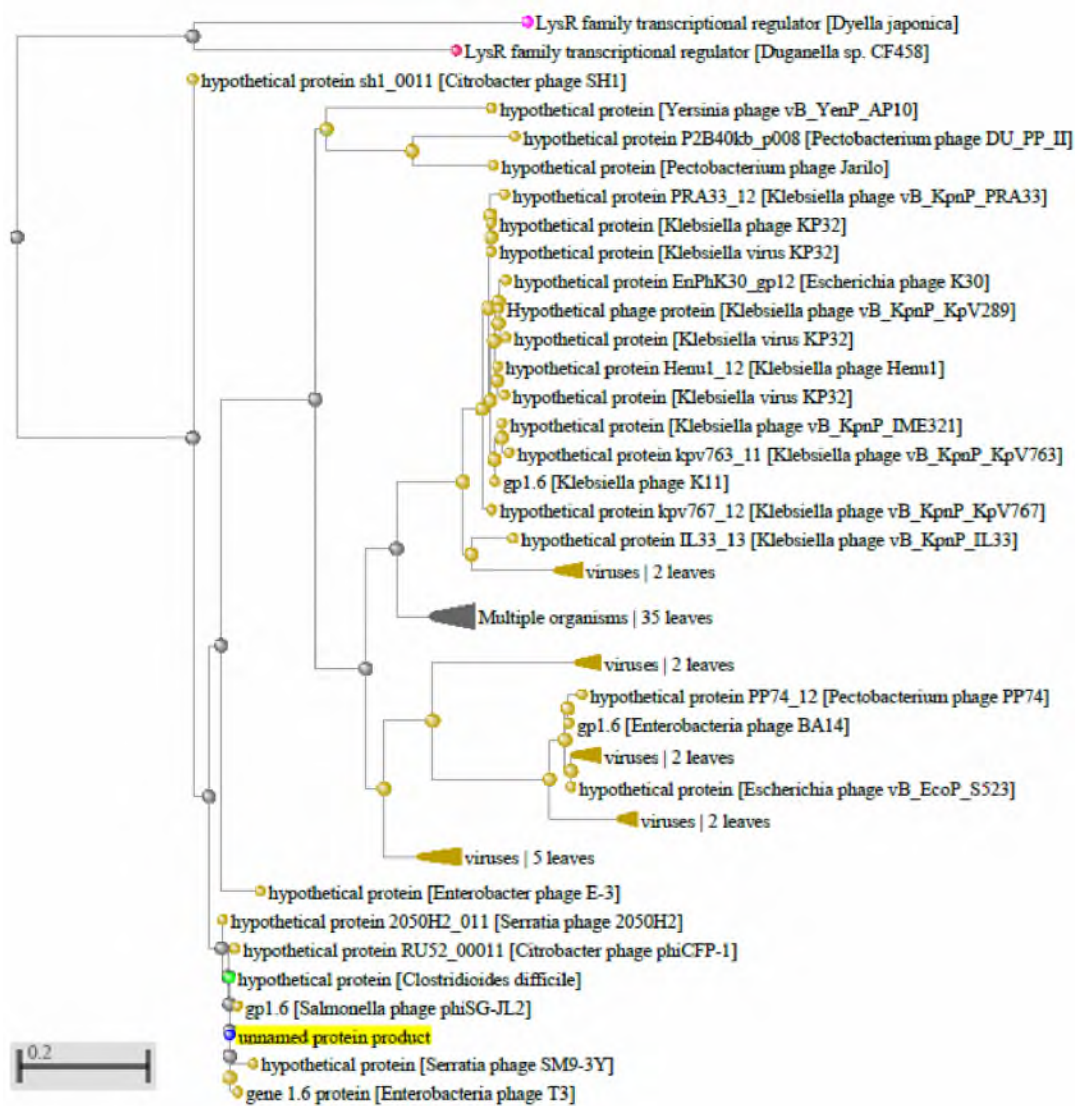


Рисунок 384 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00012 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2



Рисунок 385 - Конформационная структура BASYS00012 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00013**

Таблица 191 - Данные о протеине BASYS00013 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:18:54 GMT
Entry ID	BASYS00013.1
Accession No.	BASYS00013
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	9082-9654 (Clockwise)
Centisome Position	23.16
Gene Name	BASYS00013
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tcattaaggcgatgaataaagagcgcccgcatctggaagccgtggctcacttactggcctc gcatccgtctgttcgttaagtggattaaggaggtgctgta
Gene Sequence	atgctacaacatcattggaacaaccagacttagaggctcgcttcccggttaactctgct gttcgctattcgggcgataaccagttctcaagggtctgaccggaacagtcagggccac tctcacactggctcgagtgaaggttcgcttcggtgttcgtgaggcggaggtacaccctcc gtactaatcccgctaccgaaagtaggcccgaacgtggaagaaccgaagtcagcagtc tctgacgtgacccaccctaatatcagcctcacacatcgaactgtaagatttggatgga gctaatcgggtgtacctgtgagccaaacagcgacgacggtgtaagcagccaaggcactac cagctgttcgacaacgtggaagccattgaggttatcgcccggtcaatgacagtcgaggcg

	<p>ttccgtgggtactgcttagggaacatccttaagtatcgctgctgctggtaagaaatcc  gaactggcaactatggagaaagacctcaataaagctgcattctatcaggaactcttgac  aaacaccgggggctgtgttatgacgcttcgtga</p>
GC Content [Percent]	52.01
Preceding Gene	BASYS00012
Following Gene	BASYS00014
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00012; BASYS00013
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00013
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_190_residues  MLQHWWNKPDLEARFPVNSA-  VRYSGDNPVLKGLTGTVQGHSHTRVKVRFVREAEVHPS  VLIPLPKVGPVNEEPKSAVKSDVTHPNISLHTSNCKIWNGANRCT-  CEPNSDDGVKQPRHY  QLFDNVEAIEVIARSMTVEAFRGYCLGNILKYRLRAGKKSELATMEKDLN-  KAAFYQELFD  KHRGLCYDAS</p> <p>&gt;Mature_190_residues  MLQHWWNKPDLEARFPVNSA-  VRYSGDNPVLKGLTGTVQGHSHTRVKVRFVREAEVHPS  VLIPLPKVGPVNEEPKSAVKSDVTHPNISLHTSNCKIWNGANRCT-  CEPNSDDGVKQPRHY  QLFDNVEAIEVIARSMTVEAFRGYCLGNILKYRLRAGKKSELATMEKDLN-  KAAFYQELFD  KHRGLCYDAS</p>

No. of Amino Acids	Translated: 190 ; Mature: 190
Cys/Met Content	2.6 %Cys (Translated) 1.6 %Met (Translated) 4.2 %Cys+Met (Translated) 2.6 %Cys (Mature) 1.6 %Met (Mature) 4.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 21309 ; Mature: 21309
Theoretical pI	Translated: 8.96 ; Mature: 8.96
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available

COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available

General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

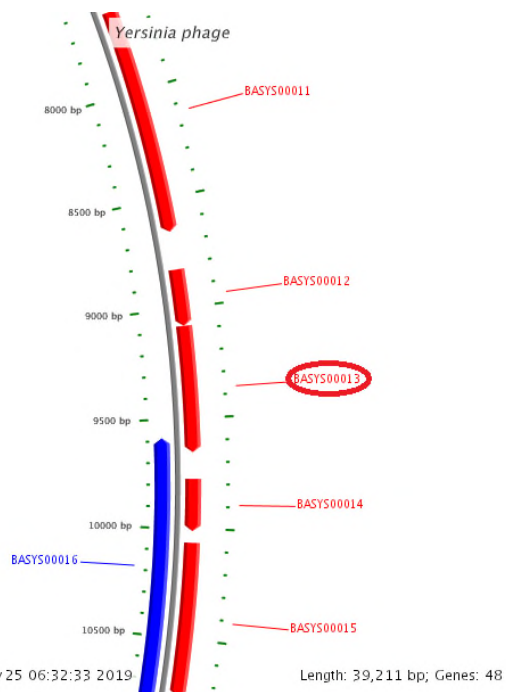


Рисунок 386 - Локализация BASYS00013 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*



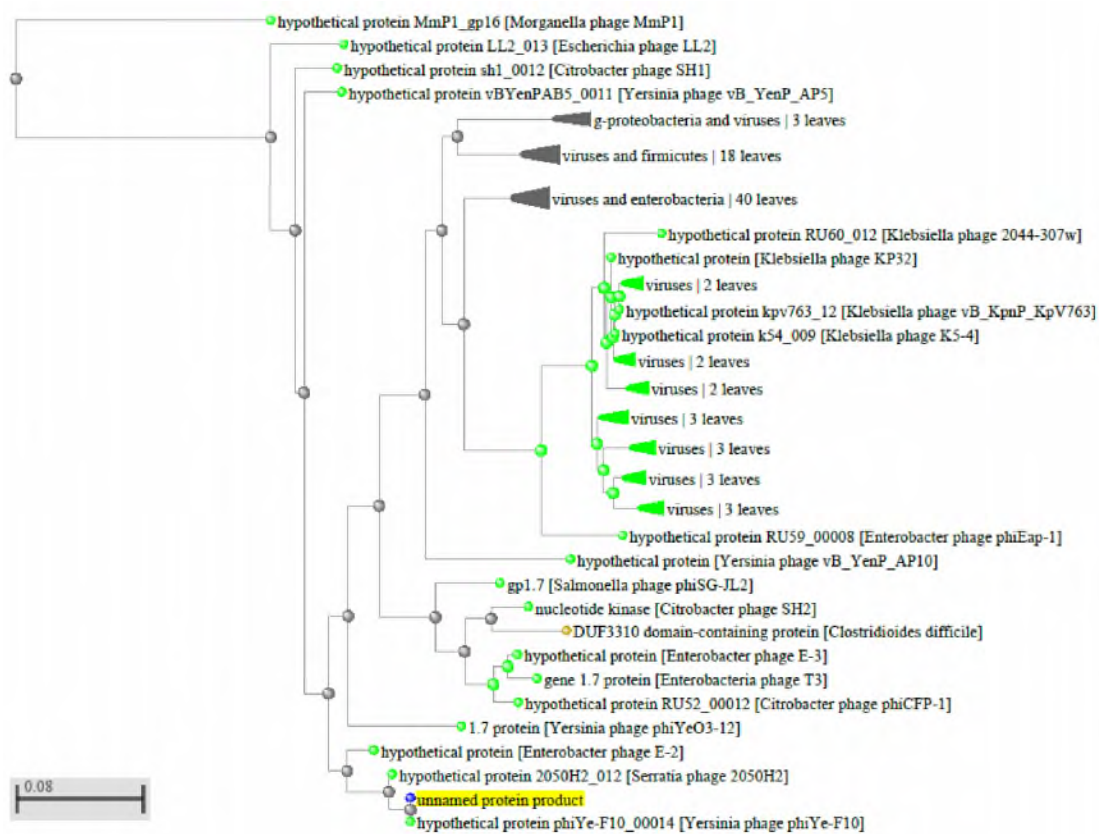


Рисунок 387 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00013 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2



Рисунок 388 - Конформационная структура BASYS00013 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00014**

Таблица 192 - Данные о протеине BASYS00014 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

Creation Date	2019/2/25 6:19:16 GMT
Entry ID	BASYS00014.1
Accession No.	BASYS00014
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	9775-10011 (Clockwise)
Centisome Position	24.93
Gene Name	BASYS00014
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ctaagtggaaccaagctattgaggctggtgacgaggccgagccaacgcctatcaacaat tgtacgcgctgtgggagcggcgctttaaggaggccaataa
Gene Sequence	atgagccagtgtaacaacgggtgccagtagcgaaggacgtagggatggagaacaactcc tgcgcaaatcgctgcatgtactcagaacagaaataccttctgacgatagaaggaaacacc gagtccttgaggttccggtattcgccgggtctctcgaagaggcaacgctacaggctgaa cattatgaggacgctgggttcgtagtgactcgcatccgtccagaagtgaaagcctaa
GC Content [Percent]	51.90
Preceding Gene	BASYS00013
Following Gene	BASYS00015

Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00014
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_78_residues  MSQCNNGCQYAKDVGMENNSCANRCMYSEQKYLLTIEGNTESFEVPPV-FARSLEEATLQAE  HYEDAGFVVTRIRPEVKA</p> <p>&gt;Mature_77_residues  SQCNNGCQYAKDVGMENNSCANRCMYSEQKYLLTIEGNTESFEVPPVFAR-SLEEATLQAEH  YEDAGFVVTRIRPEVKA</p>
No. of Amino Acids	Translated: 78 ; Mature: 77
Cys/Met Content	5.1 %Cys (Translated) 3.8 %Met (Translated) 9.0 %Cys+Met (Translated) 5.2 %Cys (Mature) 2.6 %Met (Mature) 7.8 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 8817 ; Mature: 8686
Theoretical pI	Translated: 4.39 ; Mature: 4.39
Pfam Domain/Function	Not Available

Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available

EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

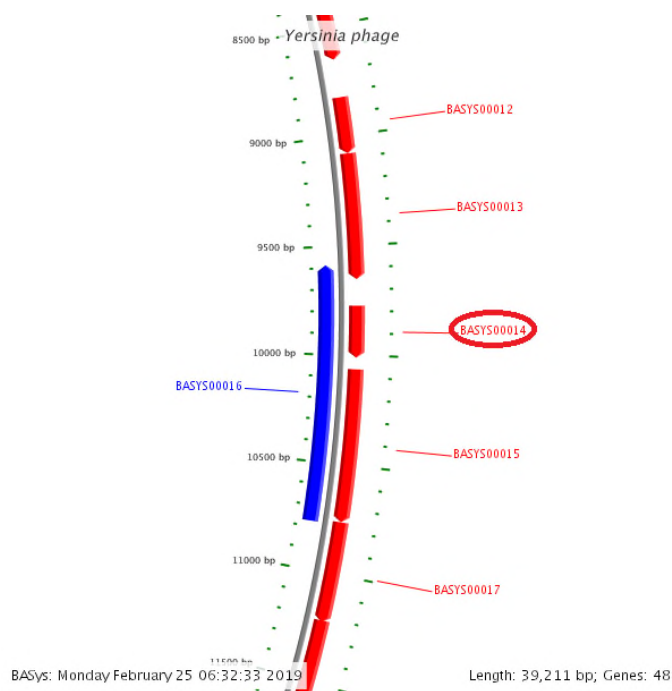


Рисунок 389 - Локализация BASYS00014 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

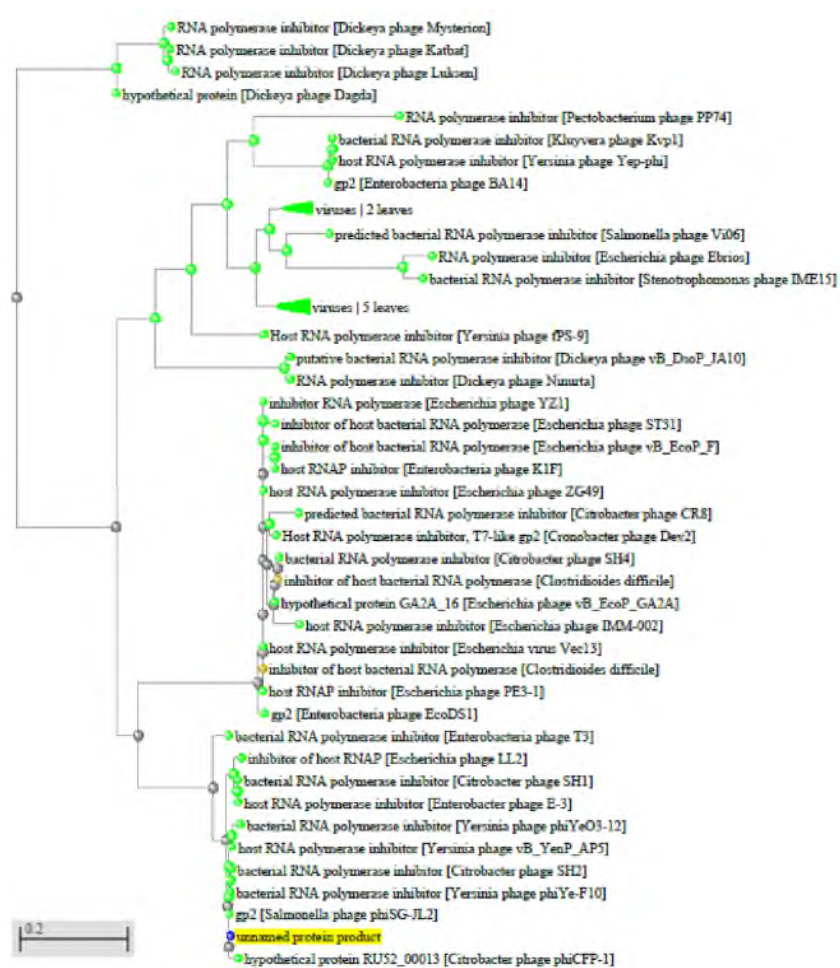


Рисунок 390 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00014 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

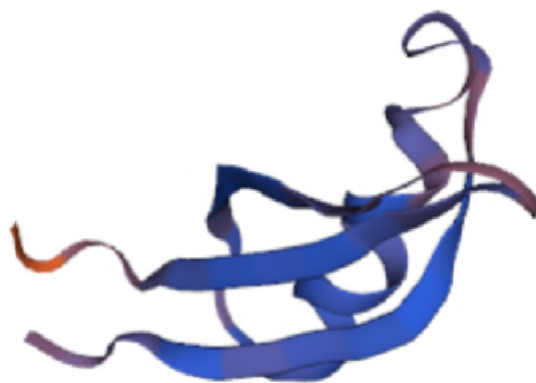


Рисунок 391 - Конформационная структура BASYS00014 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00015**

Таблица 193 - Данные о протеине BASYS00015 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2*

Creation Date	2019/2/25 6:19:31 GMT
Entry ID	BASYS00015.1
Accession No.	BASYS00015
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	10064-10762 (Clockwise)
Centisome Position	25.67
Gene Name	BASYS00015
Alternate Gene Names	Not Available

Upstream 100 Bases	>100_bases gacgctgggttcgtagtgactcgcacccgtccagaagtgaaagcctaattaccctcacta aaggaacaaccaaatacattaaccacaaaggagaaacatc
Gene Sequence	atggctggttcaagaagaaaatctacacctctggtcttggcactgctgagccttatgct tacctgagtaagccgattatggcaacgaagagcgtggcttcggcaaccctcgtggtgct tataaggtagacactgactctttcaataaagacccgcgctgtcaggcaatggtcgaatgaa atcgtgaagtgtcacgaagaggcttatgctgctgccgtggaagagttcgaagtaacccg ccgcaggtacagcgtggtaagaaaccactgaaaccttacgagggcgacatgccgttcttc gataacggtgacggcacgactacctcaagttcaaatgctatgctctttcaagataag aagaccaaagagaccaaacacatcaatctggtcgtggctgatagcaagggtagaagatt caggaagtgccgattatcgggtggcggctccaagctgaaagtgaatactctctggtgcct tacaagtggaacaccgctgtggcgcaagcgtcaagctgcaactggagtcctgatgctg gtcgaactggctaccttcgggtggcagtgaaagtgaagtgaggccgatgaagtcaagat ggtggttacctgcgagtgaatcccgctcagtcgagcaggagtggtcaggaagac gagcacgaagaaaccccgatgatgacgaggacttctaa
GC Content [Percent]	52.07
Preceding Gene	BASYS00014
Following Gene	BASYS00017
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00015; BASYS00017; BASYS00018; BASYS00019
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00015
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_232_residues MAGFKKKIYTSGLGTAEPYAYLSKPDYGN EERGFGNPR- GVYKVDLTLN KDPRCQAMVDE IVKCHEEAYAAVEEF EANPPQVQRGKKPLK-



	<p>PYEGDMPFFDNGDGTTFKFKCYASFQDK  KTKETKHINLVVVDKGGKKIQEVPIIGGGSKLKVKYSLVPYKWNTAV-  GASVKLQLESVML  VELATFGGGSEDEWADEVEDGGYTASESRQSRDEQEWQEDEHEETPDD-  DEDF  &gt;Mature_231_residues  AGFKKKIYTSGLGTAEPYAYLSKPDYGNNEERGFGNPR-  GVYKVDLTLNKPDCQAMVDEI  VKCHEEAYAAVEEFANPPQVQRGKKPLK-  PYEGDMPFFDNGDGTTFKFKCYASFQDKK  TKETKHINLVVVDKGGKKIQEVPIIGGGSKLKVKYSLVPYKWNTAV-  GASVKLQLESVMLV  ELATFGGGSEDEWADEVEDGGYTASESRQSRDEQEWQEDEHEETPDD-  DEDF</p>
No. of Amino Acids	Translated: 232 ; Mature: 231
Cys/Met Content	<p>1.3 %Cys (Translated)  1.7 %Met (Translated)  3.0 %Cys+Met (Translated)  1.3 %Cys (Mature)  1.3 %Met (Mature)  2.6 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 25980 ; Mature: 25849
Theoretical pI	Translated: 4.51 ; Mature: 4.51
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane	Not Available

Regions	
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available

Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

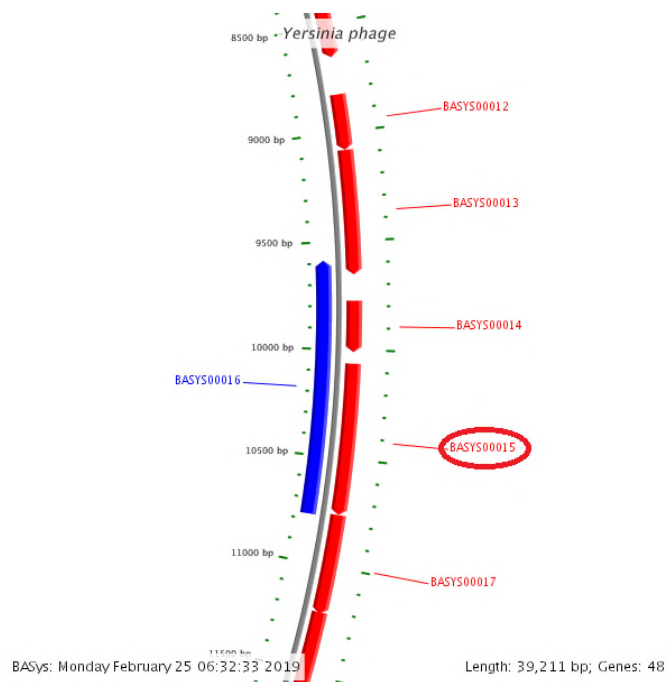


Рисунок 392 - Локализация BASYS00015 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

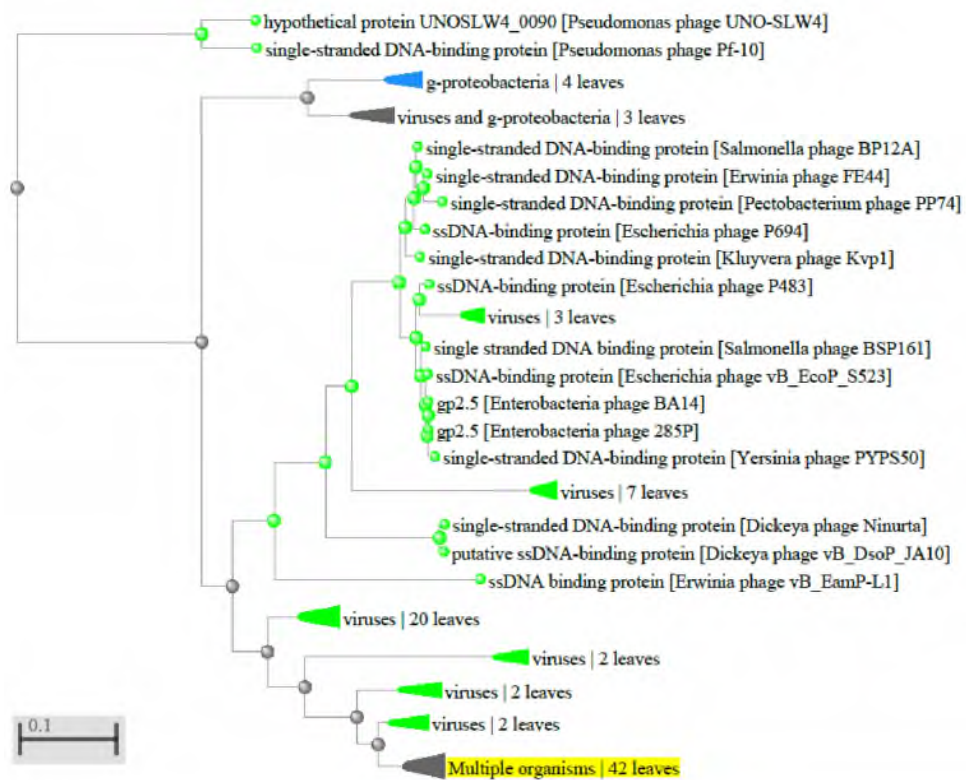


Рисунок 393 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00015 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

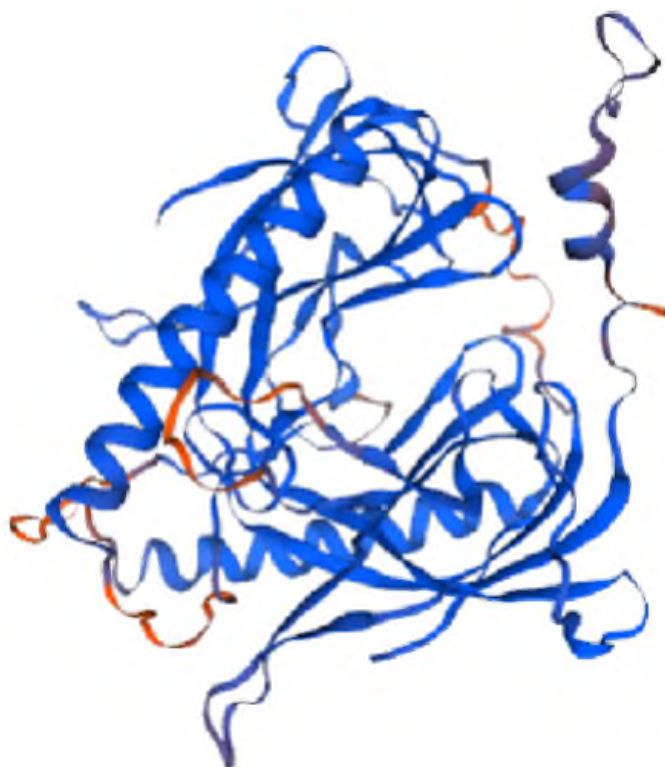


Рисунок 394 - Конформационная структура BASYS00015 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00016**

Таблица 194 - Данные о протеине BASYS00016 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:19:56 GMT
Entry ID	BASYS00016.1
Accession No.	BASYS00016
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available

Gene Position	10774-9587 (Counterclockwise)
Centisome Position	27.48
Gene Name	BASYS00016
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tcatagtcgaacttaattcccttactctcaagctgctttgagactttatcttctaggccg gagcggaaagccccgaccttgcgtacacctcgcgcagcgt
Gene Sequence	atgcccagccattagaagtcctcgtcatcatccggggtttcttcgtgctcgtcttctg ccactcctgctcatcgcgggactgacgggattcactcgcagtgtaaccaccatcttgcac ttcatcggcccactcatcttctcactgccaccaccgaaggtagccagttcgaccagcatcac ggactccagttgcagcttgacgcttgcgccacagcgggttccacttgtaaggcaccag agagtatttcacttcagcttgagccgccaccgataatcggcacttctgaatcttctt acccttgctatcgaccacgaccagattgatgtgtttggctcttcttggcttcttatctt gaaagacgcatagcattgaactgaaggtagtcgtgccgtcaccgttatcgaagaacgg catgtcgccctcgtaaggttcagtggttcttaccacgctgtacctgcggcgggttagc ttcgaactctccacggcagcagcataagcctcttcgtgacacttcacgattcatcgac cattgcctgacagcgcgggtcttattggaaagagtcaggtctacctatagacaccacg agggttgccgaagccacgctcttcgttgccataatccggcttactcaggtaagcataagg ctcagcagtgccaagaccagaggtgtagatcttcttgaaccagccatgatgtttct cctttgtggttaatgatttggtgttcccttagtgagggttaattaggcttctcacttctg gacggatgcgagtcactacgaaccagcgtcctcataatgttcagcctgtagcgttgctt cttcgagagaccggggaataaccggaacctcaaaggactcgggtttccttctatcgta gaaggtatttctgttctgagtacatgcagcgatttgcgcaggagtgttctccatcccta cgtccttcgctactggcaccggttactggtcatttattggcctcctaaagcg ccgctcccacagcgcgtacaattgttgataggcgttggtgctgcggcctcgtcaccagcctc aatagcttggttccacttagcggcacaccaatcgagcattcacgaagcgtcataacaca gccccgggtgtttgtcaaagagttcctgatagaatgcagctttattga
GC Content [Percent]	51.60

Preceding Gene	BASYS00017
Following Gene	BASYS00018
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00016
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_395_residues</p> <p>MRQPLEVLVIIRGFFVLVFLPLLLIAGLTGFTRSVTTIFDFIGPLIFTAT- TEGSQFDQHH</p> <p>GLQLQLDACAHSQVPLVRHQRVHFHQLGAATDNRHFLNLLTLAIDHD- QIDVFGLFGLLIL</p> <p>ERRIAFELEGSRAVTVIEERHVALVRFQWFLTTLYLRRVSFELFHGS- SISLVTLHDFID</p> <p>HCLTARVFIGKSQVYLIDTTRVAEATLFVAIIRLTQVSIRLSSAKTRGVDFL- LETSHDVS</p> <p>PLWLMIWLFPLVRVIRLSLLDGCESLRTQRPHNVQPVALPLRETGRI- PEPQRTRCFLLSS</p> <p>EGISVLSTCSDLRRSCPSLRPSRTGTRCYTGSFIGLLKAPLPQRVQL- LIGVGCGLVTSL</p> <p>NSLVPLSGTPIAAFTKRHNTAPGVCQRPDRMQLY</p> <p>&gt;Mature_369_residues</p> <p>GLTGFTRSVTTIFDFIGPLIFTATTEGSQFDQHHGLQLQLDA- CAHSGVPLVRHQRVHFHQL</p> <p>LGAATDNRHFLNLLTLAIDHDQIDVFGLFGLLILERRIAFELEGSRAV- TVIEERHVALVR</p> <p>FQWFLTTLYLRRVSFELFHGSSISLVTLHDFIDHCLTARVFIGKSQVY- LIDTTRVAEAT</p> <p>LFVAIIRLTQVSIRLSSAKTRGVDFLLETSHDVSPLWLMIWLFPLVR- VIRLSLLDGCESL</p> <p>RTQRPHNVQPVALPLRETGRIPEPQRTRCFLLSSE-</p>

	GISVLSTCSDLRRSCSPSLRPSRTG TRCYTGFIGLLKAPLPQRVQLLIGVGCGLVTSLNLSVPLSGT- PIAAFTKRHNTAPGVCQ RVPDRMQLY
No. of Amino Acids	Translated: 395 ; Mature: 369
Cys/Met Content	2.3 %Cys (Translated) 0.8 %Met (Translated) 3.0 %Cys+Met (Translated) 2.4 %Cys (Mature) 0.5 %Met (Mature) 3.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 44305 ; Mature: 41312
Theoretical pI	Translated: 9.48 ; Mature: 9.24
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0x9a3e318)-
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available



COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available

Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	6.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

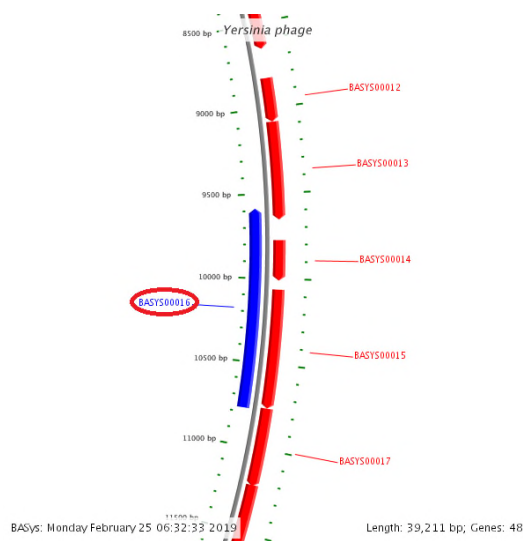


Рисунок 395 - Локализация BASYS00016 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

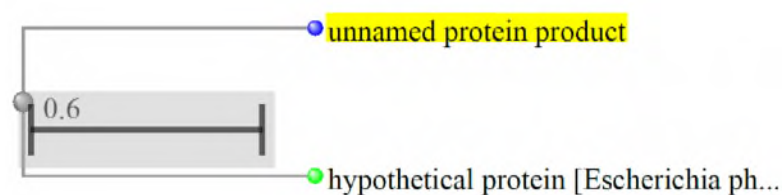


Рисунок 396 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00016 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2



Рисунок 397 - Конформационная структура BASYS00016 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00017**

Таблица 195 - Данные о протеине BASYS00017 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:20:23 GMT
Entry ID	BASYS00017.1
Accession No.	BASYS00017
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	10762-11223 (Clockwise)

Centisome Position	27.45
Gene Name	BASYS00017
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases atggtggttacactgcgagtgaatcccgtcagtcccgcgatgagcaggagtggcaggaag acgagcacgaagaaacccggatgatgacgaggacttcta
Gene Sequence	atggctggcgcatacgtgcgcgagggtgtacgcaaggtcggggctttccgctccggccta gaagataaagtctcaaagcagcttgagagtaagggaattaagttcgactatgaactttgg cgtatcccttacgtcatccctgcgagtgaccacttatacactccagacttctgctgcct aatggcatcttcattgagaccaaagggtgtgggattccgatgaccgcaagaaacacctt ttgattcgtgagcaacaccctgaactggatattcgttggcttctcaagcagccgctca aagctctacaaaggtagcccaacaagctacgccgagtggtgtgagaagcatggcattctg tttgctgacaagctaattccggtggagtggtcaaagaaccaagaaggaggttccgttc gataaatttaagactaagaaaggagtaaagaaaaatggctaa
GC Content [Percent]	48.92
Preceding Gene	BASYS00015
Following Gene	BASYS00016
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00015; BASYS00017; BASYS00018; BASYS00019
Protein Name	Endonuclease I
Alternate Protein Names	Phage Endodeoxyribonuclease I

Sequence	<p>&gt;Translated_153_residues  MAGAYAARGVRKVGAFRSGLEDKVSKQLESKGIKFDYELWRIPYV-  IPASDHLYTPDFLLP  NGIFIETKGLWDSDDRKKHLLIREQHPELDRLVFSSSRKLYKGSPT-  SYAEWCEKHGIL  FADKLIPVEWLKEPKKEVPFDKFKTKKGVKKNG</p> <p>&gt;Mature_152_residues  AGAYAARGVRKVGAFRSGLEDKVSKQLESKGIKFDYELWRIPYVIPASDH-  LYTPDFLLPN  GIFIETKGLWDSDDRKKHLLIREQHPELDRLVFSSSRKLYKGSPTS  SYAEW-  CEKHGILF  ADKLIPVEWLKEPKKEVPFDKFKTKKGVKKNG</p>
No. of Amino Acids	Translated: 153 ; Mature: 152
Cys/Met Content	0.7 %Cys (Translated) 0.7 %Met (Translated) 1.3 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 17641 ; Mature: 17509
Theoretical pI	Translated: 10.05 ; Mature: 10.05
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary	Not Available

Structure	
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/	Not Available

mg]	
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

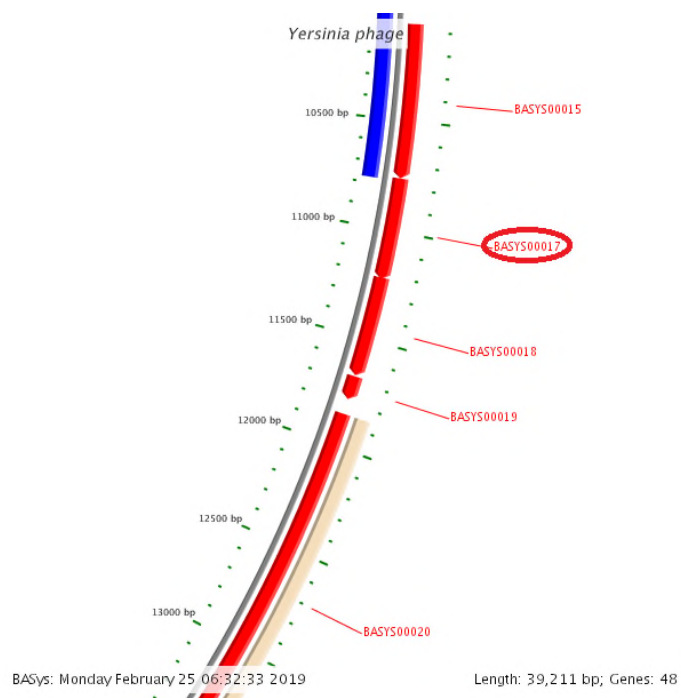


Рисунок 398 - Локализация BASYS00017 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

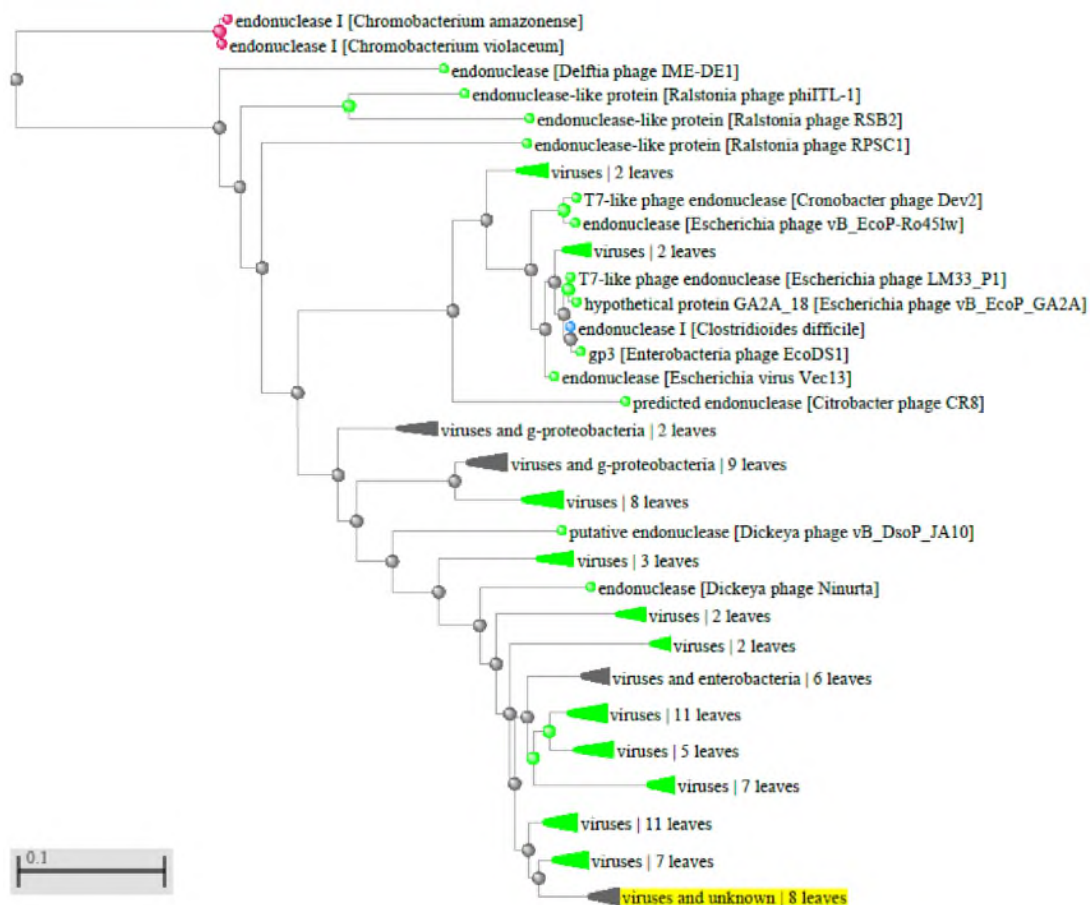


Рисунок 399 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00017 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26





Рисунок 400 - Конформационная структура BASYS00017 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00018**

Таблица 196 - Данные о протеине BASYS00018 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:20:43 GMT
Entry ID	BASYS00018.1
Accession No.	BASYS00018
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	- InterPro: <a href="#">IPR002502</a>

	- InterPro: <a href="#">IPR018247</a> - InterPro: <a href="#">IPR015510 [H]</a>
Gene Position	11216-11671 (Clockwise)
Centisome Position	28.60
Gene Name	BASYS00018
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases attctgtttgctgacaagctaattccggtggagtggtcaaagaaccaagaaggaggtt ccgttcgataaatttaagactaagaaaggagtaaagaaaa
Gene Sequence	atggctaaagttcaattcaaaccacgagaaaccacggaggcaatctttgtgcattgctca gcaaccaagccaagccagaacattggcgttcgtgagattcgtcagtggcacaaagagcag ggctggtagacgtaggatatcacttcatcatcaagcgtgatggcactgtggaagcaggc cgcgatgaactggctgtaggtcccacgtgaaaggtacaaccacaactccgtaggcgta tgctcgtgggtgggattgatgataaaggcaagttcgacgccaactttacacctgcgcaa atgcaagcgtgcgtagtctactggtcacgctgctggcgaagtatgagggttcagtcctt cgtgctcacatgacgttgacccaaagcctgcccgtcctcgacttgaagcgtggtgg gagaagaacgaactggttacatctgaccgagggtga
GC Content [Percent]	52.63
Preceding Gene	BASYS00016
Following Gene	BASYS00019
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00015; BASYS00017; BASYS00018; BASYS00019

Protein Name	Uncharacterized protein HI_1494 [H]
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_151_residues  MAKVQFKPRETTEAIFVHCSATKPSQNIGVREIRQWHKEQGWLDVGYH-FIIKRDGTVEAG  RDELAVGSHVKGYNHNSVGVCLVGGIDDKGKFDANFTPAQM-QALRSLLVTL LAKYEGSVL  RAHHDVAPKACPSFDLKRWWWEKNELVTS DRG</p> <p>&gt;Mature_150_residues  AKVQFKPRETTEAIFVHCSATKPSQNIGVREIRQWHKEQGWLDVGYH-FIIKRDGTVEAGR  DELAVGSHVKGYNHNSVGVCLVGGIDDKGKFDANFTPAQM-QALRSLLVTL LAKYEGSVLR  AHHDVAPKACPSFDLKRWWWEKNELVTS DRG</p>
No. of Amino Acids	Translated: 151 ; Mature: 150
Cys/Met Content	2.0 %Cys (Translated) 1.3 %Met (Translated) 3.3 %Cys+Met (Translated) 2.0 %Cys (Mature) 0.7 %Met (Mature) 2.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 16944 ; Mature: 16813
Theoretical pI	Translated: 8.86 ; Mature: 8.86
Pfam Domain/Function	<a href="#">PF01510</a> Amidase_2 [H]
Signals	Not Available

Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	To phage T3 and T7 N-acetylmuramoyl-L-alanine amidases [H]
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	<a href="#">7542800</a>

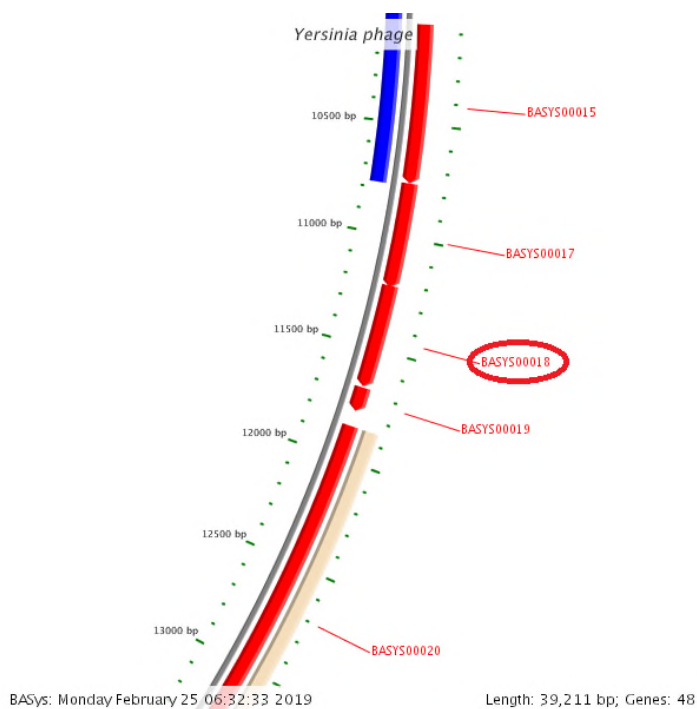


Рисунок 401 -Локализация BASYS00018 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

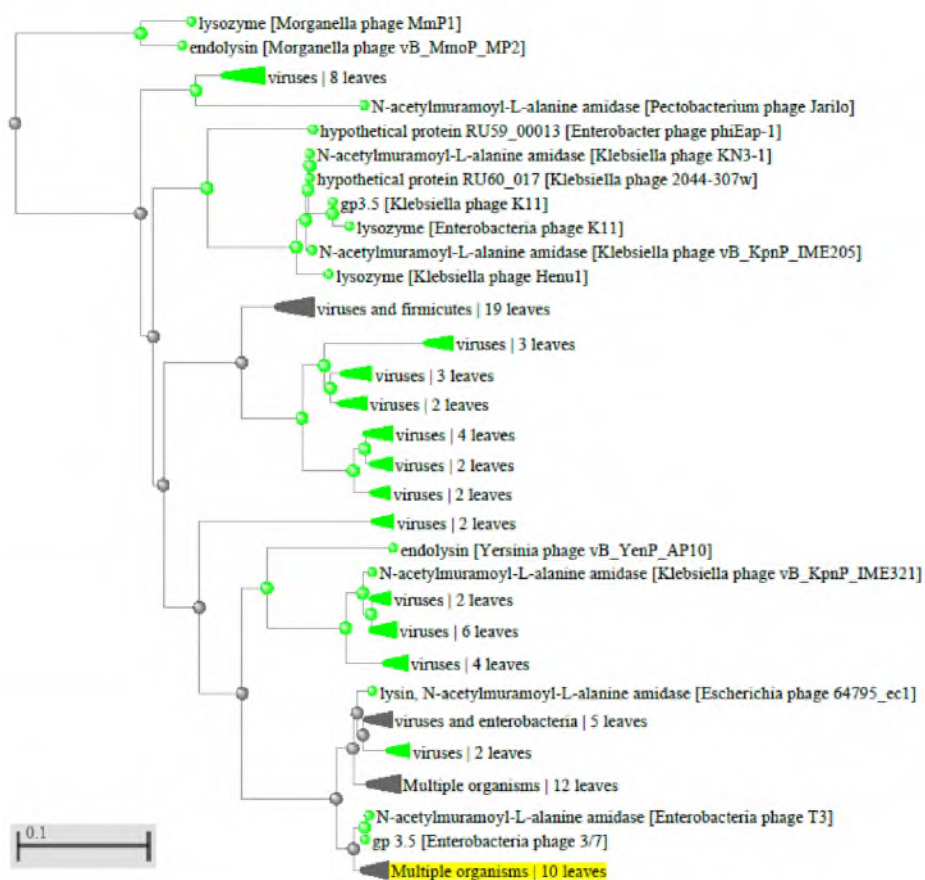


Рисунок 402 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00018 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-6f2

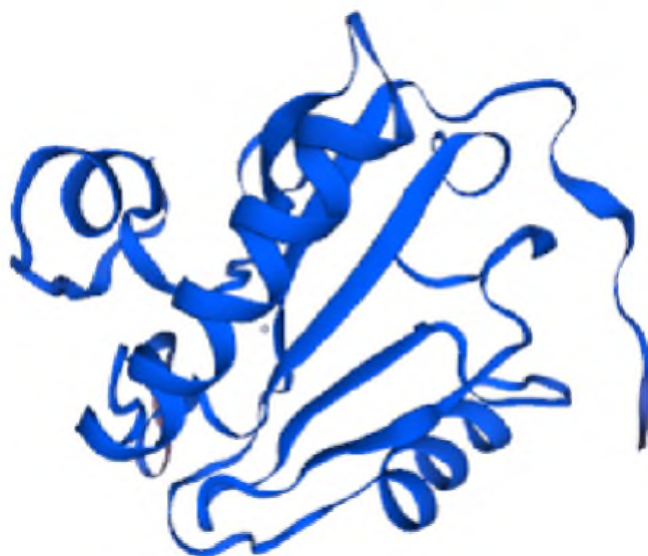


Рисунок 403 - Конформационная структура BASYS00018 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00019**

Таблица 197 - Данные о протеине BASYS00019 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:20:54 GMT
Entry ID	BASYS00019.1
Accession No.	BASYS00019
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	11676-11783 (Clockwise)
Centisome Position	29.78

Gene Name	BASYS00019
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgtgctcaccatgacgttgacccaaagcctgcccgtccttcgacttgaagcgctggtgg gagaagaacgaactggttacatctgaccgagggtgatacc
Gene Sequence	atgaggatgatttgattcgcttgataagccgttgaagagtcgtgtaccatcacgtaag tgtcagtgcaaagaccaatcaaggcggaggaacacacagaggaataa
GC Content [Percent]	45.37
Preceding Gene	BASYS00018
Following Gene	BASYS00020
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00015; BASYS00017; BASYS00018; BASYS00019
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00019
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_35_residues MRMICIRCDKPLKSRVPSRKQCKDPIKAEEHTEE >Mature_35_residues MRMICIRCDKPLKSRVPSRKQCKDPIKAEEHTEE
No. of Amino Acids	Translated: 35 ; Mature: 35
Cys/Met Content	11.4 %Cys (Translated) 5.7 %Met (Translated) 17.1 %Cys+Met (Translated)



	11.4 %Cys (Mature) 5.7 %Met (Mature) 17.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 4160 ; Mature: 4160
Theoretical pI	Translated: 8.68 ; Mature: 8.68
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available

Availability	Not Available
References	Not Available

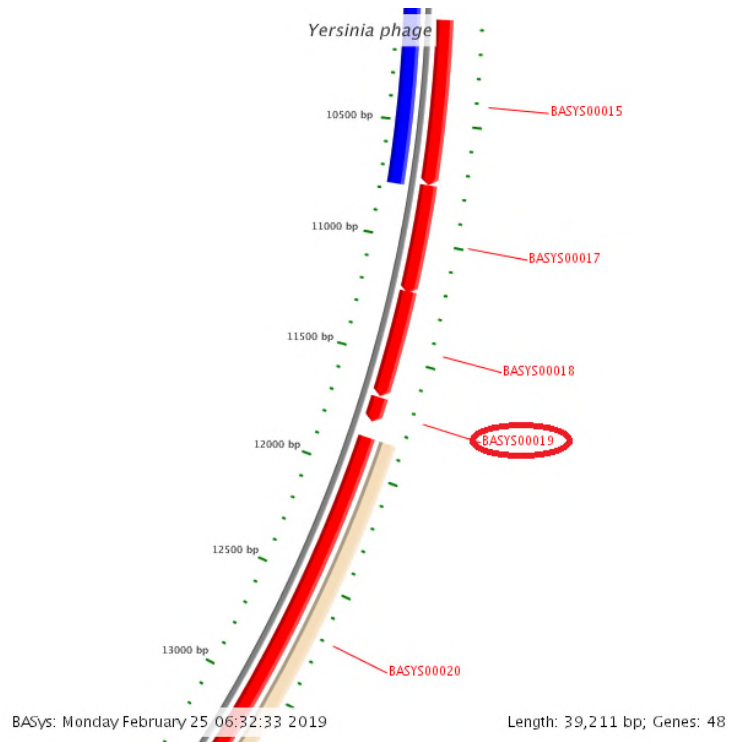


Рисунок 404 - Локализация BASYS00019 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

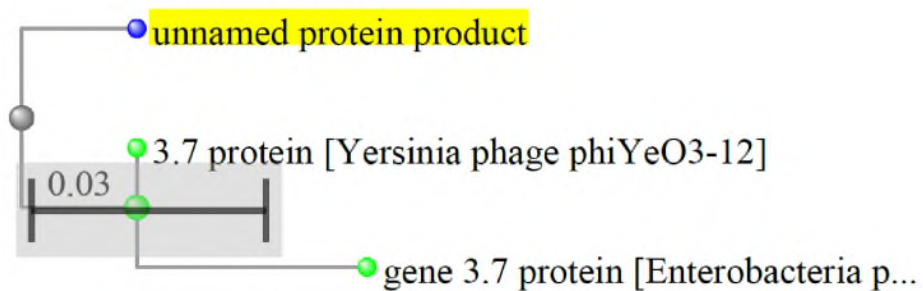


Рисунок 405 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00019 бактериофага *Yersinia phage Ye3-6f2*

**BASYS00020**

Таблица 198 - Данные о протеине BASYS00020 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:21:5 GMT
Entry ID	BASYS00020.1
Accession No.	BASYS00020
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	11852-13552 (Clockwise)
Centisome Position	30.23
Gene Name	BASYS00020
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases caatcaaggcggaggaacacacagaggaataattaacactcactaaagggatgacataac gttgtccctttgttcgactactgattaaggattgaccac
Gene Sequence	atggaacaagaaaacgacagtatattcctttaccatatcccgtgcgagaactgtgggtct tctgatgctaactcattgttctccgatggtcacacgtactgttacgcctgtgagaattgg acgccgggggatgaacagaaagctgagcagttatcagcgagaagacgtacaggaggcaga aagcctatgagttatgacgtatggaatttcggtgacagcaacggctgatactctgacctg actgcccgtggcatctcgaaggagacatgccaaaaggctggctactggctggcgaaagtg gacaaccgaatgtatcaggttgccgactaccgagaccagaacggctccatcgtgtcacag aaggtgcgcgataaggacaagaacttaagaccaccggaagccacaagagcgatgcgttg ttcttgaagcacctctggtctggcggttaagaaaattgtggtcactgagggcgaaattgat gcgctcactgtgatggaactccaagactgtaagtatccggctgtatcgttgggtcacggt gcctctgctgctaagaagacatgcccgctaactatgaatactttgaccagttcgagcag

	<p>attatcttgatgttcgatatggatgacgcaggccgtaaggcagtcgaagaggctgcacag  gttctccggctggtaaggttcgtgttgccgtgttaccgtgtaaggacccaacgagtg  cacatcatgggtgaagacaaagcaatcttgagcagatatggaacgcgaacccttgggtg  cctgacgggtgtgtctctcgttgtcactcaaagaccgcgtaaggaagctatgacctcc  gaggacgctgtaggtttattattcgatggctgtcaaggcctgaacgatagaacctgggt  gctcgtgggtggcgaagtctgtatggcacttccggttccggtatgggtaagtcaacgttc  gttcgtcaacaggcgtggctggggcaagcgaatgggtaaactggtggcctagcgatg  ctggaggaatccgttgaggataccattcaggacatgatgggcttgaacaataaggttcgt  ctgcgtcagtctgatgaagtcaagaaggctatcgagaggacggacgttctgatgaatgg  tatgatgaactatttgagacgatacgttccaccttatgactcctttgcgaggccgaa  gctgacaggttgtagcgaagctggcctacatgcgaacaggcttagggtgtgatgttata  gtgctcgaccacatatcaatcgtcgtgtctgcctctgaggaatcggatgagcgtaatag  attgaccgcctcatgactaagctaaaagggttcgctaagtcaactggtggtgtgctcgta  gtgattgtcactgaagaacccggagaagggaaccacatgaagaaggacgcgctgtt  tctattactgacctacgtggttagcgggtgccttgcgtcagttatctgatactatcatgcc  ttggagcgtaacagcaagtgatatgcctaacttgggttgggttcgctgcttaagtgt  cgtttactggcgactggaattgctggatacatggaatacaacagagaaaccgggtgg  cttgaaccgtctagctacactggcgaagaaggagaaggagatactggctggactgaacaa  gacggacaatcagacttctaa</p>
GC Content [Percent]	50.50
Preceding Gene	BASYS00019
Following Gene	BASYS00021
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	DNA Primase/Helicase
Alternate Protein Names	DNA Primase ; Phage Related Protein ; TOPRIM Domain Protein ; Replication Protein ; Phage Related Helicase
Sequence	>Translated_566_residues

MEQENDSIFLYHIPCENCGSSDANSLFSDGHTYCYACENWTPGDEQ-  
KAEQLSARRRTGGR  
KPMSYDVWNFGDSNGRYSDLTARGISKETCQKAGYWLAKVDNRMYPVA-  
DYRDQNGSIVSQ  
KVRDKDNFKTTGSHKSDALFLKHLWSSGGKIVVTEGEIDALTMELQDC-  
KYPVVS LGHG  
ASAAKKTCAANYEYFDQFEQIILMFDMD DAGRKAVEEAAQVLPAGKVR-  
VAVLPCKDANEC  
HIMGEDKAILEQIWNANPWVPDGVVSALS LKDRVKEAMTSE-  
DAVGLLFDGCQGLNDRTL G  
ARGGEVVMVTSGSGMGKSTFVRQQALAWGKRMGKRVGLAMLEESVED-  
TIQDMMGLN NKVR  
LRQSDEVKKAIAEDGRFDEWYDELFGDDTFHLYDSFAEAEADRLLA-  
KLAYMRTGLGCDVI  
VLDHISIVVSASEESDERKMIDRLMTKLKGF AKSTGVVLLVICH LKNPEKGP-  
HEE GRAV  
SITDLRGSGALRQLSDTI ALERNQQGDMPNLVLV RLLKCRFTGDTGIAGY-  
MEYNRETGW  
LEPSSYTGEEGEGDTGWTEQDGGQSD F  
>Mature\_566\_residues  
MEQENDSIFLYHIPCENCGSSDANSLFSDGHTYCYACENWTPGDEQ-  
KAEQLSARRRTGGR  
KPMSYDVWNFGDSNGRYSDLTARGISKETCQKAGYWLAKVDNRMYPVA-  
DYRDQNGSIVSQ  
KVRDKDNFKTTGSHKSDALFLKHLWSSGGKIVVTEGEIDALTMELQDC-  
KYPVVS LGHG  
ASAAKKTCAANYEYFDQFEQIILMFDMD DAGRKAVEEAAQVLPAGKVR-  
VAVLPCKDANEC  
HIMGEDKAILEQIWNANPWVPDGVVSALS LKDRVKEAMTSE-  
DAVGLLFDGCQGLNDRTL G  
ARGGEVVMVTSGSGMGKSTFVRQQALAWGKRMGKRVGLAMLEESVED-  
TIQDMMGLN NKVR  
LRQSDEVKKAIAEDGRFDEWYDELFGDDTFHLYDSFAEAEADRLLA-  
KLAYMRTGLGCDVI  
VLDHISIVVSASEESDERKMIDRLMTKLKGF AKSTGVVLLVICH LKNPEKGP-  
HEE GRAV  
SITDLRGSGALRQLSDTI ALERNQQGDMPNLVLV RLLKCRFTGDTGIAGY-

	MEYNRETGW LEPSSYTGEEGEGDTGWTEQDGQSDF
No. of Amino Acids	Translated: 566 ; Mature: 566
Cys/Met Content	2.3 %Cys (Translated) 3.4 %Met (Translated) 5.7 %Cys+Met (Translated) 2.3 %Cys (Mature) 3.4 %Met (Mature) 5.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 62837 ; Mature: 62837
Theoretical pI	Translated: 4.81 ; Mature: 4.81
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available

COG Function	Replication, recombination and repair (code L)
COG ID	<a href="#">COG0305</a> Replicative DNA helicase
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available



Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

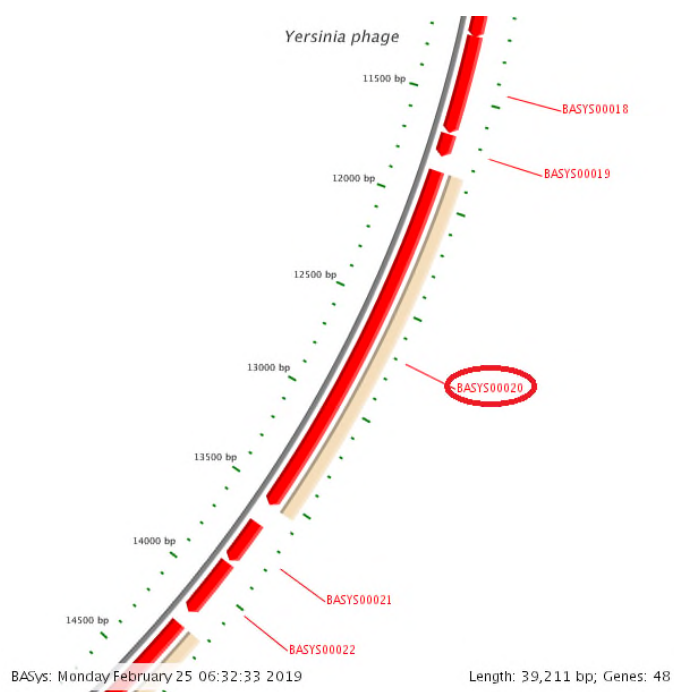


Рисунок 406 - Локализация BASYS00020 в геноме бактериофага Yersinia phage Ye3-f26

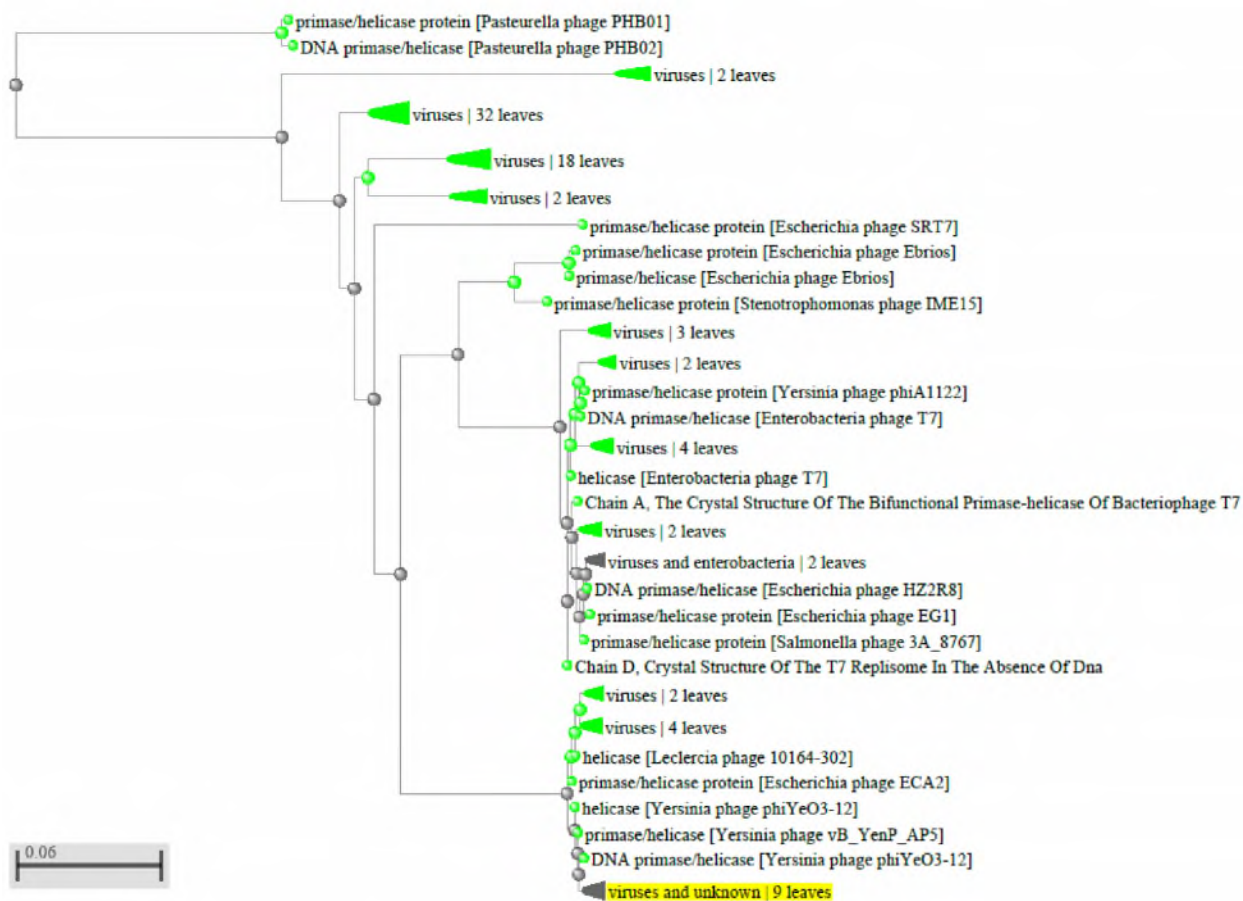


Рисунок 407 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00020 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2



Рисунок 408 - Конформационная структура BASYS00020 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогий <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00021**

Таблица 199 - Данные о протеине BASYS00021 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:21:48 GMT
Entry ID	BASYS00021.1
Accession No.	BASYS00021
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	13651-13863 (Clockwise)
Centisome Position	34.82
Gene Name	BASYS00021
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aagtaccagtgccactgcggtcatccagactgtgatggcggaatgtataattgattaacc ctcactaacgggaacaacctcaaaccataggagacacacc
Gene Sequence	atgtttaaattcattaacgctttaggtaagctggtagttaaactgtacttcatcgaagcc aagaagctggacaagaaggccaaagctgattcacagcgagccattgagttggcgaacag tccgcgagaaatccgatgcggtgttagtgatccacaagtcggcagcgattgcagcc aaagcacagtccatgagcaaattctttgagtaa
GC Content [Percent]	46.48

Preceding Gene	BASYS00020
Following Gene	BASYS00022
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00021; BASYS00022
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00021
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_70_residues MFKFINALGKLVVKLYFIEAKKLDKKAKADSQRRAIELAKQSREKSDAAVS-GIHKSAIAA KAQSMKFFE >Mature_70_residues MFKFINALGKLVVKLYFIEAKKLDKKAKADSQRRAIELAKQSREKSDAAVS-GIHKSAIAA KAQSMKFFE
No. of Amino Acids	Translated: 70 ; Mature: 70
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 2.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.9 %Met (Mature) 2.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7732 ; Mature: 7732
Theoretical pI	Translated: 10.75 ; Mature: 10.75

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available

Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

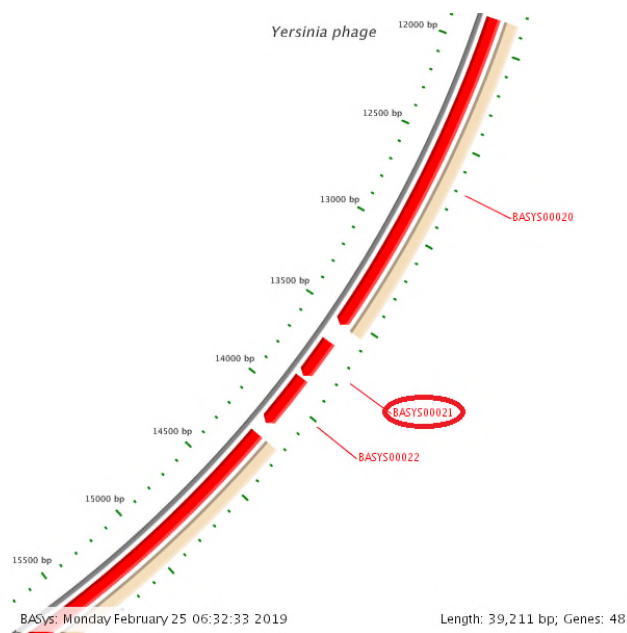


Рисунок 409 - Локализация BASYS00021 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

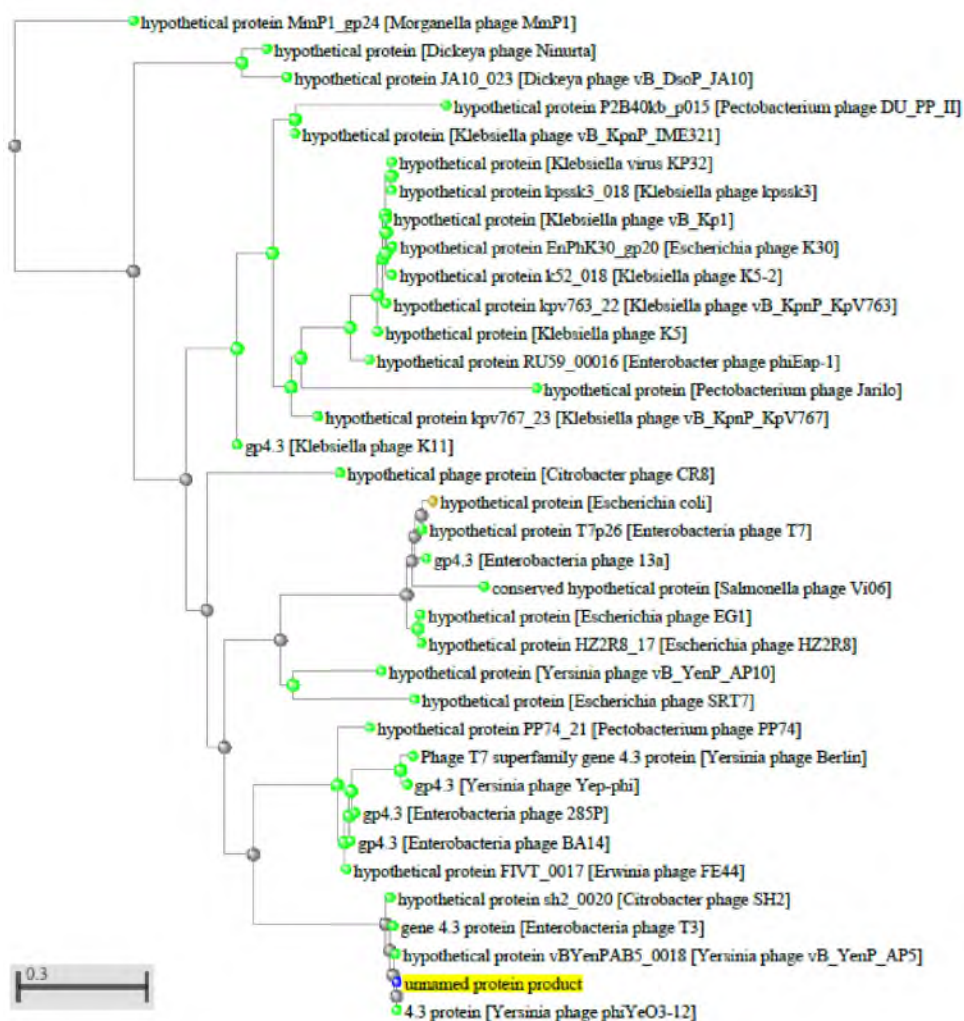


Рисунок 410 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00021 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

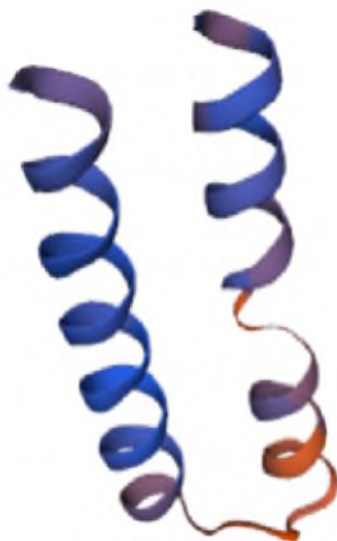


Рисунок 411 - Конформационная структура BASYS000021 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00022**

Таблица 200 - Данные о протеине BASYS00022 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:22:1 GMT
Entry ID	BASYS00022.1
Accession No.	BASYS00022
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	13876-14160 (Clockwise)
Centisome Position	35.39



Gene Name	BASYS00022
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgagaaatccgatgctggctgttagtggcatccacaagtcggcagcgattgcagccaaagc acagtccatgagcaaattctttgagtaaggagcgaacact
Gene Sequence	atgagcaagtcaatcaccacgcaaacacccatccgtctgccagacaccgccgaccagttc tcccgccgagtacacatcaatgtgctgggtgagaaggtaacgatggctctaccgctggaaa gaccacaagtctccgaaagcacacactcaacgaatgaccttggatgacaagcaggtcggg cgctgatgggtgccctgactatggctgctgacaaggtggcggtgacaaccgtgagcgt ctggtagagttcggcgctggtatgcaagagattatcgagaagtga
GC Content [Percent]	54.74
Preceding Gene	BASYS00021
Following Gene	polA
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00021; BASYS00022
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00022
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_94_residues MSKSITHANTIRLPDTADQFSRRVHINVRGEKVTMVYRWKDHKSP- KAHTQRMTLDDKQVG RLMGALTMAADKVVGDNRERLVEFGAGMQEIIK >Mature_93_residues SKSITHANTIRLPDTADQFSRRVHINVRGEKVTMVYRWKDHKSP- KAHTQRMTLDDKQVGR

	LMGALTMAADKVVGDNRERLVEFGAGMQEIEK
No. of Amino Acids	Translated: 94 ; Mature: 93
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 6.4 %Met (Translated) 6.4 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 5.4 %Met (Mature) 5.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 10750 ; Mature: 10618
Theoretical pI	Translated: 10.61 ; Mature: 10.61
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available

COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available

Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

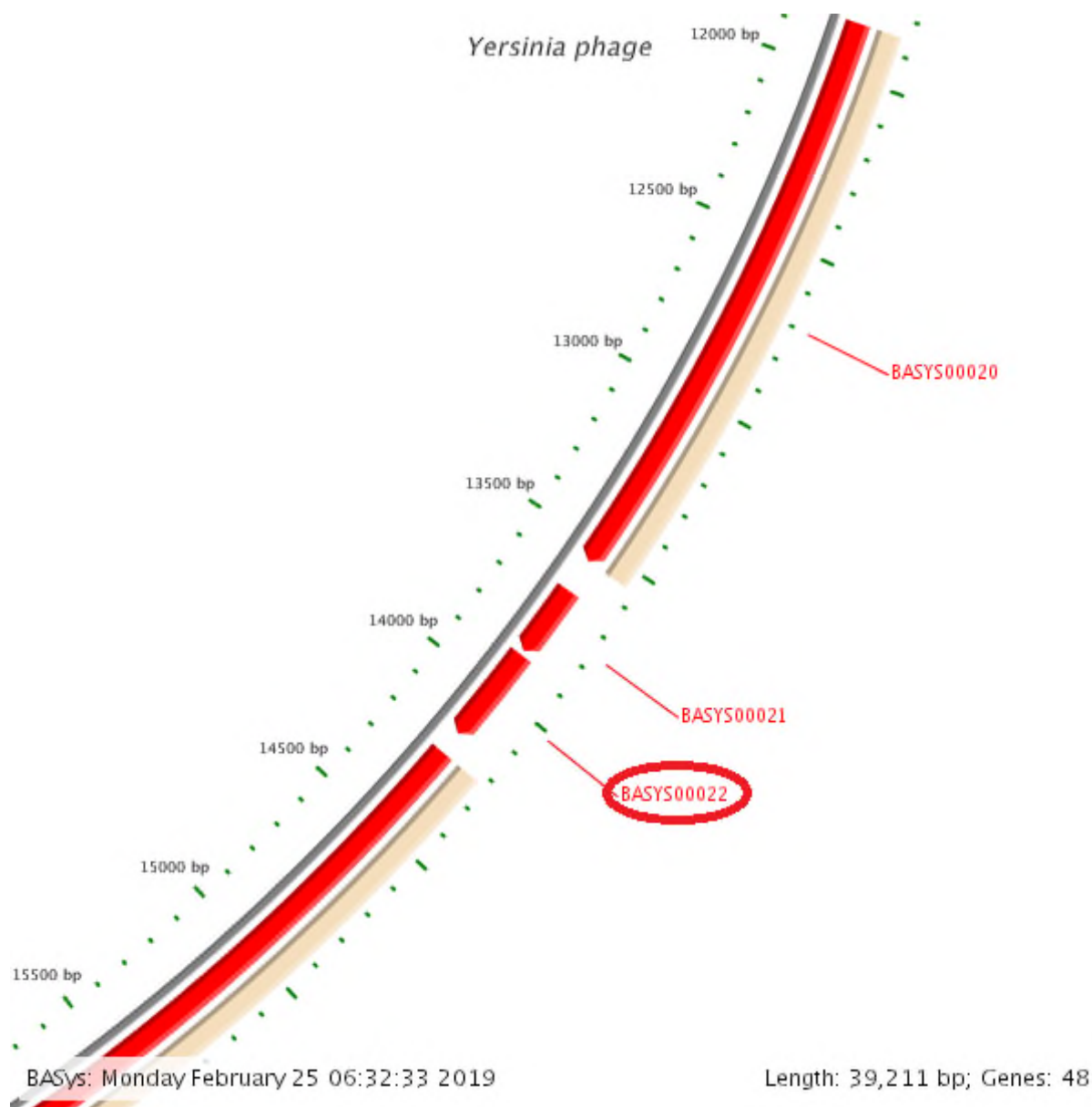


Рисунок 412 - Локализация BASYS00022 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

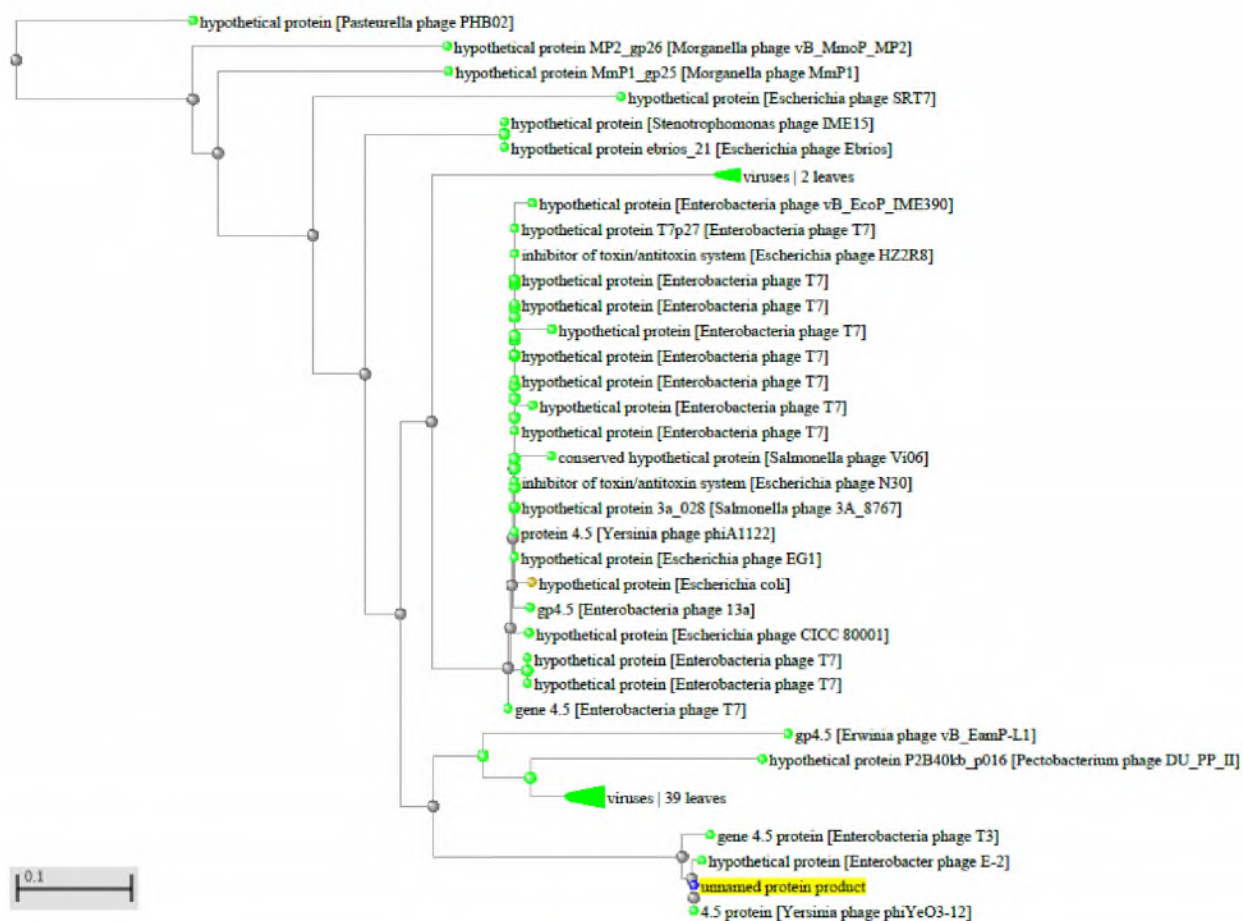


Рисунок 413 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00022 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-6f2

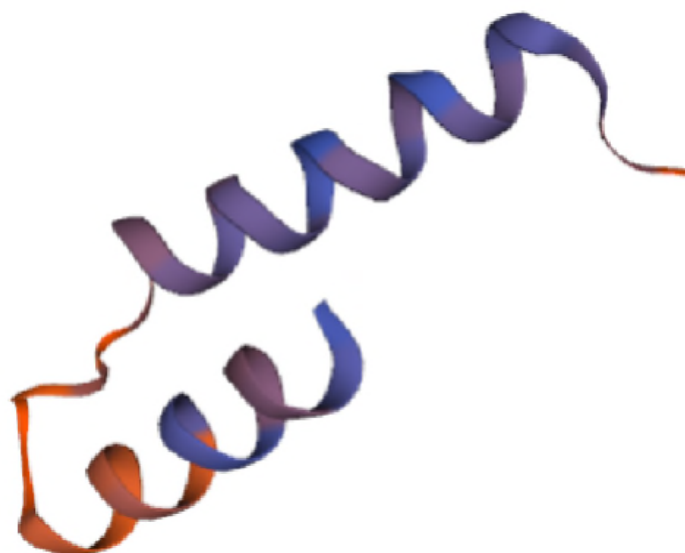


Рисунок 414 - Конформационная структура BASYS00022 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## polA [H]

Таблица 201 - Данные о протеине BASYS00023 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:22:18 GMT
Entry ID	BASYS00023.1
Accession No.	BASYS00023
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	<ul style="list-style-type: none"><li>- InterPro: <a href="#">IPR020046</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR020045</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR002421</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR020047</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR019760</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR001098</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR018320</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR002298</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR008918</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR003583</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR012337</a></li><li>- InterPro: <a href="#">IPR015361 [H]</a></li></ul>
Gene Position	14228-16342 (Clockwise)
Centisome Position	36.29
Gene Name	polA [H]
Alternate Gene Names	BASYS00023
Upstream 100	>100_bases

Bases	ggcgctggtatgcaagagattatcgagaagtgataaactcaaggtcgcccaagggtggcc tttatgattatcatttaatgagaaactataggagggcatt
Gene Sequence	atgctcgttaagcgacattgaggccaacaacctcttagagaaagtcaccaagtttactgt ggcgttatctatgactaccgcatgggtgagtatcatagttatcgccgggcgacttcggg gcgtatctggatgcgctggaagccgaggtgaagcgaggtgggcttattgtttccataac ggtcacaagtatgacgttccggcttagagaaactcgcaaagctgcaactcaatcgtgac ttcaagttaccccgtagaattgtattgacacattggactctcgcgttacttcatgcg aaccttaaagacacagacatggggcttctcgttccgggaaactaccggctcgtcgttc gggtctcacgctcttgaggcatggggttatcgttgggagatgaaaggtgaatacaag gacgacttcaaggctatgctggaagagcagggcgaagaatatgttaggggtgctgagtg gtttcgttcaacgagccgatgatggcgataacgttcaagacgttgtgtaactgtcaag ctcttagagaaattccttacagacctcactactccctgctggtatggacttcacgaag tacgatgctgatttattctggcgtgaagctggcgagtctgtgatatgaacatcgtgca gcgtggctgtagcgaagcaggagcgtaacggcttccgttcaacacacaggccattgag gaactttatgtagaactggcagcgaacgcgcagaacttctgcgaaagttaacagaaacg tttgctcgtggtatcaaccgaaagggtgtaaggaaacttcaagcaccacggacaggc aagccgctgccgagttatcctcgcgtggtctatccgaaacaggggtggcgtgataagaag cctcgtataaaggcacagcgcgaaggtcttgaaccttgcgacttggacacgagggttac atggagggtgctccgtatactccggctcagttcgttacgttcaagccaagtagccgtgac cacattcagaagaaactacaggaggccgatgggtcctgagaagttcaccgagaagggt gcgctgtggtggacgatgaggtcttgagcatgtacgagtggtgacacctgagaagcag gcgtgcattgacttgattaaagagtacctgatgattcagaagcgaatcggtcaggcggca gagggtgacaaagcgtggttacgttatgttcaagatgatggttaagattcatggagccgtt aacctaacggtgcagttactggtcgtgctactcatagtttccaaaccttgcaaaata cccgggttcttctccttacggggagcagtgctgtagtgcttttggtgccgaacatcat ttgatgggattactggtaagccgtgggtgcaagcgggatagacgccagtggttagag ttgcgtgtctggcacacttcatggctcgttcgacaacggagagatgccaatgagatt ctcaacggtgacattcacaccaagaaccagaacgctgcggaactccaacgcgcgacaac gccaagacattcatttacgggttctttacggagccggagatgagaagattggtcagatt gttggggccgggaaggagcgcgggaaggaaactcaagaagaattcttagagaacaccccc gcgattgcagcgtacgagaagctatccaacagtcctcgttaagtcttccgcttgatt ggtggtgagcagaaagtccagtggaaacgccgttggttaagggtctggatggtcgaag gttacgtcaggtctccacacgcagcgtcaacacattgttgagctctgctggtgctctg atgtgaagctgtggattatcaagaccgaagagatgctcattgagaaaggcttgaagcat ggctgggatggtgactttgcgtacatggcttgggttcatgatgagattcaggtggcctgc cgtaccgagcacatcgctcagattgttattgacaccgcgcaggaagctatgcgttgggtc ggagagcattgggcttccgttgcgtttagataccgaaggttaagatggggccaaattgg



	gccgtctgccactaa
GC Content [Percent]	51.49
Preceding Gene	BASYS00022
Following Gene	BASYS00024
Operon Status	Yes
Operon Components	polA; BASYS00024; BASYS00025; BASYS00026; BASYS00027
Protein Name	DNA polymerase I, thermostable [H]
Alternate Protein Names	Taq polymerase 1 [H]
Sequence	<p>&gt;Translated_704_residues</p> <p>MLVSDIEANNLLEKVTKFHCGVIYDYRDGEYHSYRPGDFGAYLDA- LEAEVKRGGLIVFHN GHKYDVPALEKLAKLQLNRDFKLPRENCIDTLVLSRLL- HANLKDTDMGLLRSGKLPGRRF GSHALEAWGYRLGEMKGEYKDDFKAMLEEQGEEYVEGAEWVSFNEPM- MAYNVQDVVVTVK LLEKFLTDLHYFPAGMDFTKYDADLFWREAGESVDIEHRAAWLLAK- QERNGFPFNTQAIE ELYVELAAKRAELLRKLTTETFGSWYQPKGKELFKHPRTGKPLPSYPRV- VYPKQGGVYKK PRNKAQREGLEPCDLTRDYMEGAPYTPVEFVTFKPSSRDHIQKKL- QEAGWVPEKFTEKG APVVDDEVLEHVRVDDPEKQACIDLIKEYLMIQKRIGQAAEGDKAWL- RYVQDDGKIHGAV NPNGAVTGRATHSFPNLAQIPGVRSPYGEQCRSAFGAEHHLDGITGKPWW- QAGIDASGLE LRCLAHFMARFDNGEYANEILNGDIHTKNQNAELPTRDNAKTFIYGFLY- GAGDEKIGQI</p>

	<p>VGAGKERGKELKKKFLENTPAIAALREAIQQSLVKSSAWIGGEQKVQWKRR- WIKGLDGRK</p> <p>VHVRSPHAALNTLLQSAGALICKLWIIKTEEMLIEKGLKHGWDGDFAY- MAVVHDEIQVAC</p> <p>RTEHIAQIVIDTAQEAMRWVGEHWAFRCRLDTEGKMGPNWAVCH &gt;Mature_704_residues</p> <p>MLVSDIEANNLLEKVTKFHCGVIYDYRDGEYHSYRPGDFGAYLDA- LEAEVKRGGGLIVFHN</p> <p>GHKYDVPALEKLAKLQLNRDFKLPRENCIDTLVLSRLL- HANLKDTDMGLLRSGKLPGRRF</p> <p>GSHALEAWGYRLGEMKGEYKDDFKAMLEEQGEEYVEGAEWVSFNEPM- MAYNVQDVVVTVK</p> <p>LLEKFLDLHYFPAGMDFTKYDADLFWREAGESVDIEHRAAWLLAK- QERNGFPFNTQAIE</p> <p>ELYVELAAKRAELLRKLTTETFGSWYQPKGGKELFKHPRTGKPLPSYPRV- VYPKQGGVYKK</p> <p>PRNKAQREGLEPCDLDRDYMEGAPYTPVEFVTFKSSRDHIQKKL- QEAGWVPEKFTEKG</p> <p>APVVDDEVLEHVRVDDPEKQACIDLIKEYLMIQKRIGQAAEGDKAWL- RYVQDDGKIHGAV</p> <p>NPNGAVTGRATHSFPNLAQIPGVRSPYGEQCRSAFGAEHHLDGITGKPWW- QAGIDASGLE</p> <p>LRCLAHFMARFDNGEYANEILNGDIHTKNQNAELPTRDNAKTFIYGFY- GAGDEKIGQI</p> <p>VGAGKERGKELKKKFLENTPAIAALREAIQQSLVKSSAWIGGEQKVQWKRR- WIKGLDGRK</p> <p>VHVRSPHAALNTLLQSAGALICKLWIIKTEEMLIEKGLKHGWDGDFAY- MAVVHDEIQVAC</p> <p>RTEHIAQIVIDTAQEAMRWVGEHWAFRCRLDTEGKMGPNWAVCH</p>
No. of Amino Acids	Translated: 704 ; Mature: 704
Cys/Met Content	<p>1.4 %Cys (Translated)</p> <p>2.0 %Met (Translated)</p> <p>3.4 %Cys+Met (Translated)</p> <p>1.4 %Cys (Mature)</p> <p>2.0 %Met (Mature)</p>

	3.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 79848 ; Mature: 79848
Theoretical pI	Translated: 6.87 ; Mature: 6.87
Pfam Domain/Function	<a href="#">PF01367</a> 5_3_exonuc ; <a href="#">PF02739</a> 5_3_exonuc_N ; <a href="#">PF00476</a> DNA_pol_A ; <a href="#">PF09281</a> Taq-exonuc [H]
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00447</a> DNA_POLYMERASE_A
Specific Function	In Addition To Polymerase Activity, This DNA Polymerase Exhibits 3' To 5' And 5' To 3' Exonuclease Activity. It Is Able To Utilize Nicked Circular Duplex DNA As A Template And Can Unwind The Parental DNA Strand From Its Template. [C]
Metabolic Importance	Essential [C]
COG Function	Replication, recombination and repair (code L)
COG ID	<a href="#">COG0749</a> DNA polymerase I - 3'-5' exonuclease and polymerase domains
Gene Ontology	>>> Function: binding Function: nucleic acid binding Function: binding

Function: nucleic acid binding

Function: DNA binding

||

>>>

Process: physiological processes

Process: cell growth and/or maintenance

Process: cell proliferation

Process: cell cycle

Process: DNA replication and chromosome cycle

Process: DNA replication

||

>>>

Process: mitotic cell cycle

Process: S phase of mitotic cell cycle

Process: DNA replication

||

>>>

Process: metabolism

Process: nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolism

Process: DNA metabolism

Process: DNA replication

||

>>>

Process: cellular process

Process: cell growth and/or maintenance

Process: cell proliferation

Process: cell cycle

Process: DNA replication and chromosome cycle

Process: DNA replication

||

>>>

Process: mitotic cell cycle

Process: S phase of mitotic cell cycle

Process: DNA replication

||

>>>

	Component: cell Component: intracellular [C]										
Cell Location	Cytoplasm [C]										
Similarity	Contains 1 5'-3' exonuclease domain [H]										
Homologues	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Organism</th> <th>Length</th> <th>E-Value</th> <th>% Ident</th> <th>Accession</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Escherichia coli</td> <td>282</td> <td>5e-12,</td> <td>26.95</td> <td><a href="#">GI1790294</a></td> </tr> </tbody> </table>	Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession	Escherichia coli	282	5e-12,	26.95	<a href="#">GI1790294</a>
Organism	Length	E-Value	% Ident	Accession							
Escherichia coli	282	5e-12,	26.95	<a href="#">GI1790294</a>							
Paralogues	Not Available										
PDB Accession	Not Available										
Resolution	Not Available										
Structure CLASS	Not Available										
Cofactors	Not Available										
Metal Ions	Not Available										
EC Number	EC =2.7.7.7 [H]										
Kcat Value [1/min]	Not Available										
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available										
Km Value [mM]	Not Available										
Substrates	Not Available										
Products	Not Available										
Specific Reaction	Not Available										

General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	<a href="#">2649500</a> ; <a href="#">7896728</a> ; <a href="#">7637814</a> ; <a href="#">7568114</a> ; <a href="#">8717047</a> ; <a href="#">9857206</a> ; <a href="#">9605316</a> ; <a href="#">10449720</a>

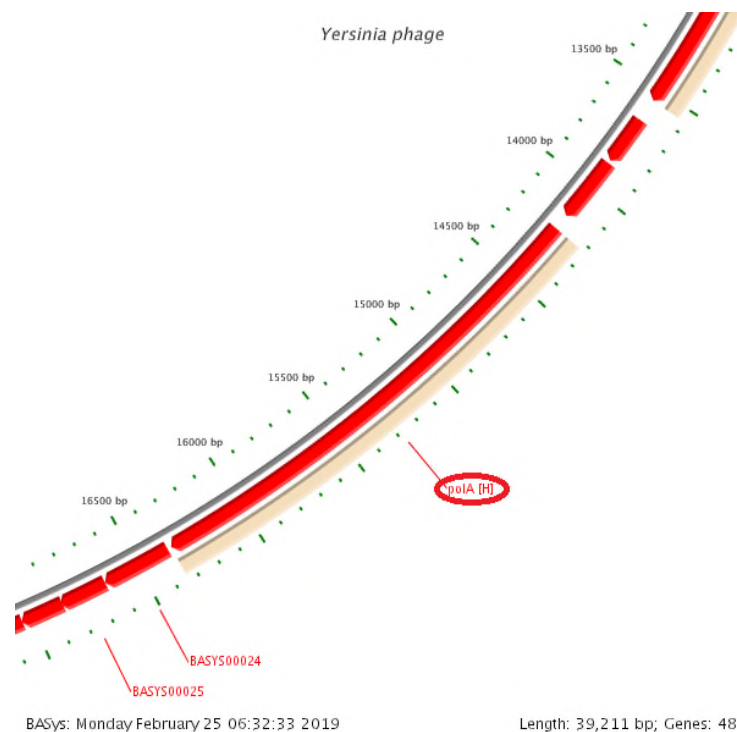


Рисунок 415 - Локализация BASYS00023 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

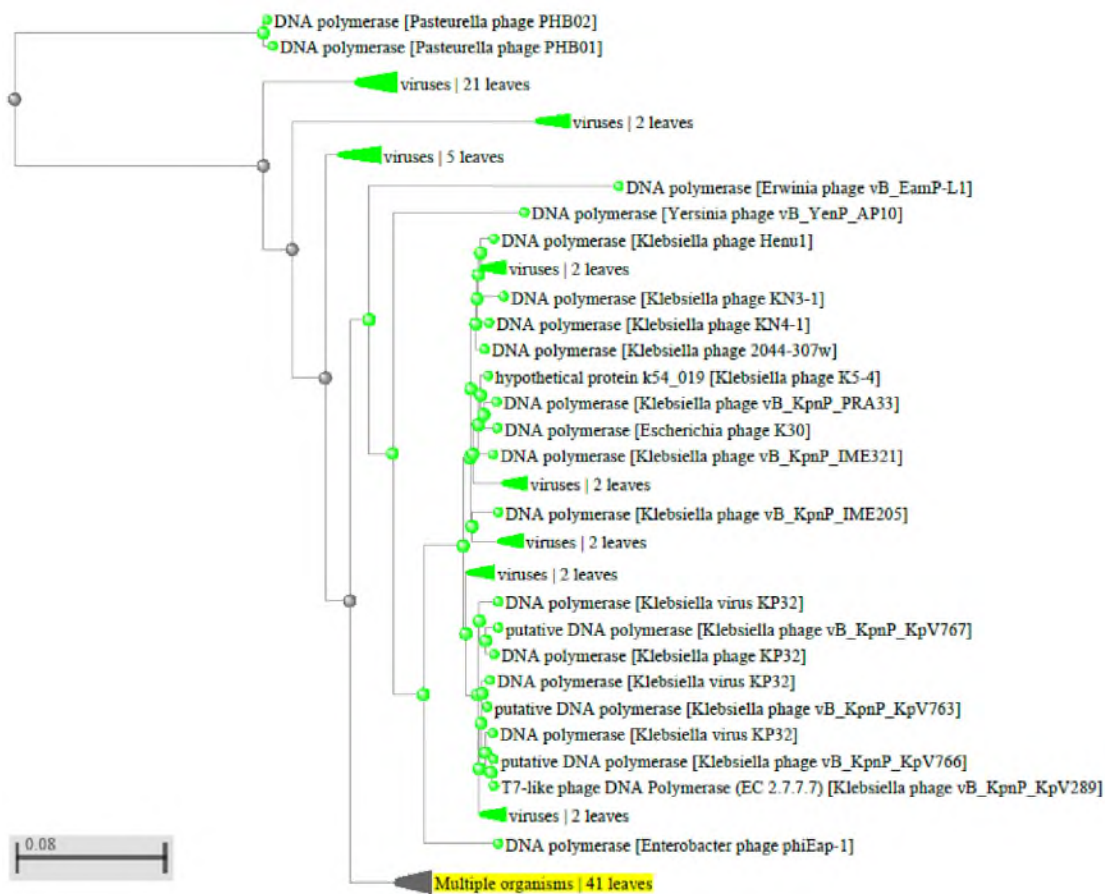


Рисунок 416 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00023 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2



Рисунок 417 - Конформационная структура BASYS0023 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00024**

Таблица 202 - Данные о протеине BASYS00024 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:22:30 GMT
Entry ID	BASYS00024.1
Accession No.	BASYS00024
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	16359-16658 (Clockwise)
Centisome Position	41.72
Gene Name	BASYS00024
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgttgggtcggagagcattgggctttccgttgtcgtttagataccgaaggtaagatgggg ccaattgggccgtctgccactaacagtaggagaaacatt
Gene Sequence	atggcaatgaccaagaaatttaaagtgctcttcgacgttaccgctaagatgccgtctgac gttcaggcagccttgagaaagacattctgcacctgtgtaagcaggttggtcaggcgct



	attgtccccaatggtaaacagaaagagatgattgtccagttcctgacgtatggcatggag gggctgatggccttcttgtgccaacatctttccgtgaggccatcaaagatatgcacgaa gagtatgctgataaggactgcttcaagctgtctcccgtactgtacgggaggtgttctaa
GC Content [Percent]	49.33
Preceding Gene	polA
Following Gene	BASYS00025
Operon Status	Yes
Operon Components	polA; BASYS00024; BASYS00025; BASYS00026; BASYS00027
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00024
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_99_residues MAMTKKFKVSFDVTAKMPSDVQAALKDILHLCKQVGS GAIVPNGKQKE- MIVQFLTYGME GLMAFLVRTSFREAIKDMHEEYADKDCFKLSPATVREVF >Mature_98_residues AMTKKFKVSFDVTAKMPSDVQAALKDILHLCKQVGS GAIVPNGKQKE- MIVQFLTYGMEG LMAFLVRTSFREAIKDMHEEYADKDCFKLSPATVREVF
No. of Amino Acids	Translated: 99 ; Mature: 98
Cys/Met Content	2.0 %Cys (Translated) 7.1 %Met (Translated) 9.1 %Cys+Met (Translated) 2.0 %Cys (Mature) 6.1 %Met (Mature)

	8.2 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 11167 ; Mature: 11036
Theoretical pI	Translated: 8.22 ; Mature: 8.22
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available

Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination	10.0

Priority	
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

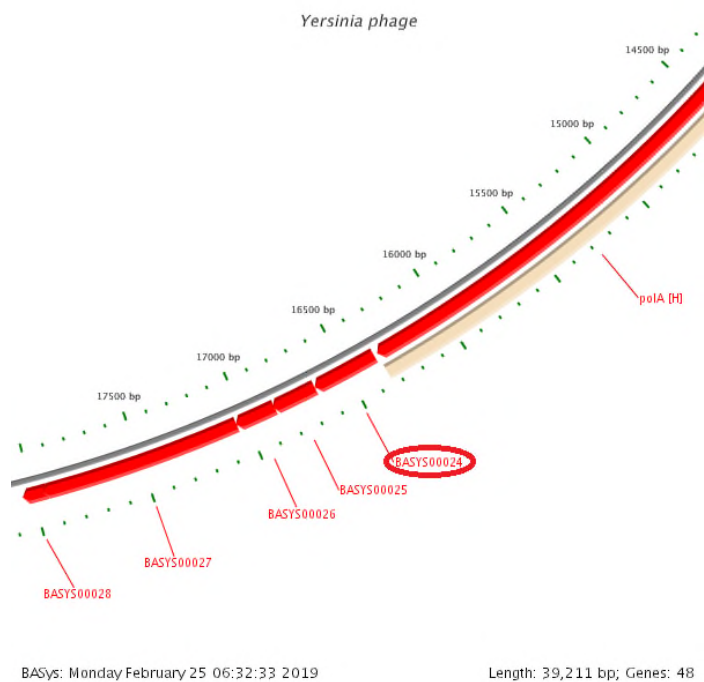


Рисунок 418 - Локализация BASYS00024 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

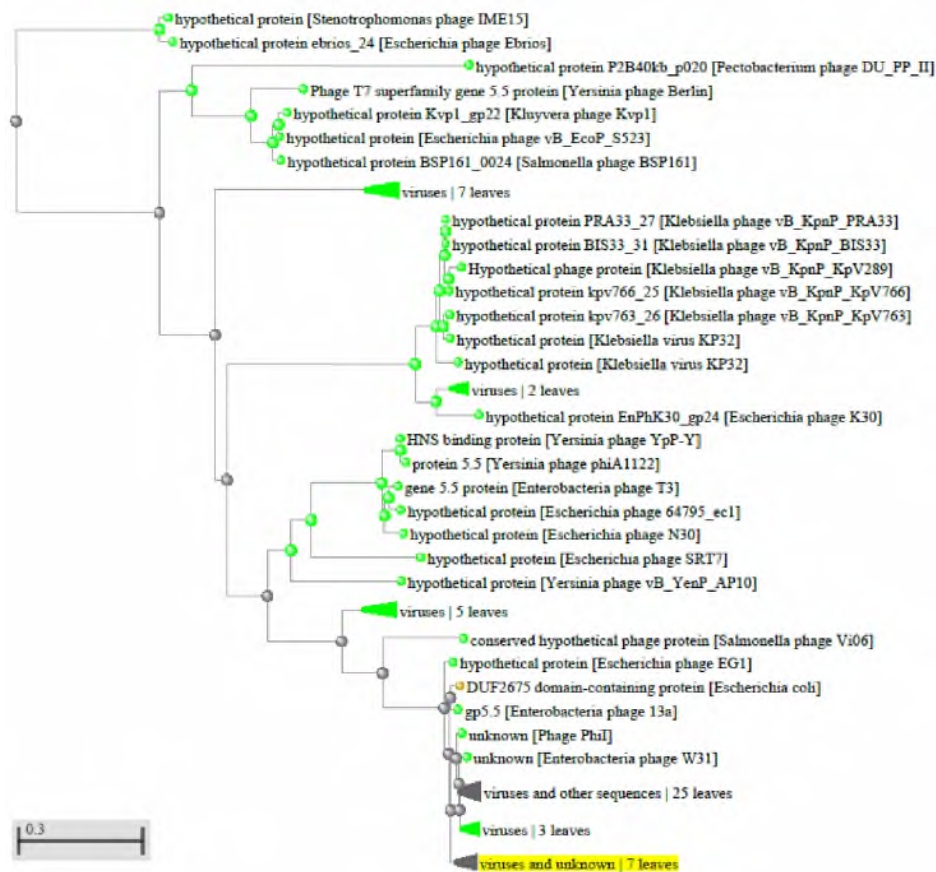


Рисунок 419 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00024 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2

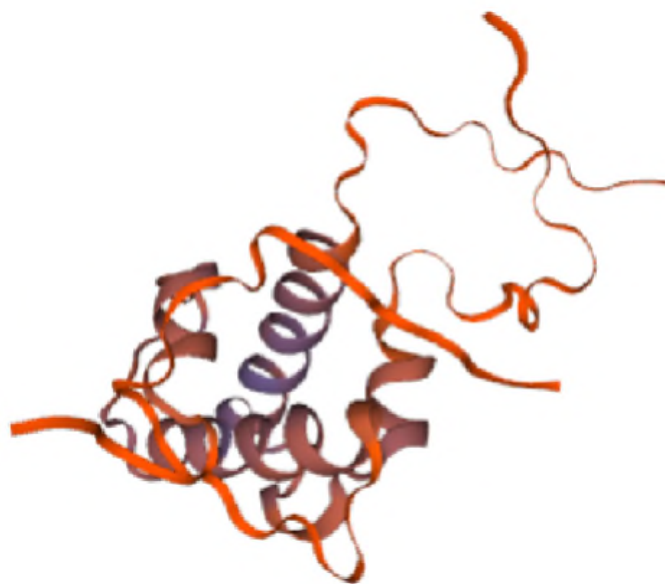


Рисунок 420 - Конформационная структура BASYS00024 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00025**

Таблица 203 - Данные о протеине BASYS00025 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:22:46 GMT
Entry ID	BASYS00025.1
Accession No.	BASYS00025
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	16658-16867 (Clockwise)
Centisome Position	42.48
Gene Name	BASYS00025
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tgccaacatctttccgtgaggccatcaaagatatgcacgaagagatgctgataaggact gcttcaagctgtctcccgtactgtacgggaggtgttcta
Gene Sequence	atgagtgaatacctgaaagtgctggcagctatcaaaggctgccctaagtcctttcagtcg aactatgtgcgaaacaatgcggtctcgtagctgaggccgttctcgtggacacattagc tgttgactgtgggcggtcgcaatggtggagcatgggaggtcacagcctctggtgtgcgc ttccttaaacgaatgggaggttcggtatga
GC Content [Percent]	52.86

Preceding Gene	BASYS00024
Following Gene	BASYS00026
Operon Status	Yes
Operon Components	polA; BASYS00024; BASYS00025; BASYS00026; BASYS00027
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00025
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_69_residues MSEYLKVLAAIKGCPKSFQSNYVRNNAALVAEAASRGHISCLTVGGRNG- GAWEVTASGVR FLKRMGGCV >Mature_36_residues ASRGHISCLTVGGRNGGAWEVTASGVRFLKRMGGCV
No. of Amino Acids	Translated: 69 ; Mature: 36
Cys/Met Content	4.3 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 7.2 %Cys+Met (Translated) 5.6 %Cys (Mature) 2.8 %Met (Mature) 8.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7260 ; Mature: 3691
Theoretical pI	Translated: 10.25 ; Mature: 11.31
Pfam Domain/Func-	Not Available

tion	
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available



Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

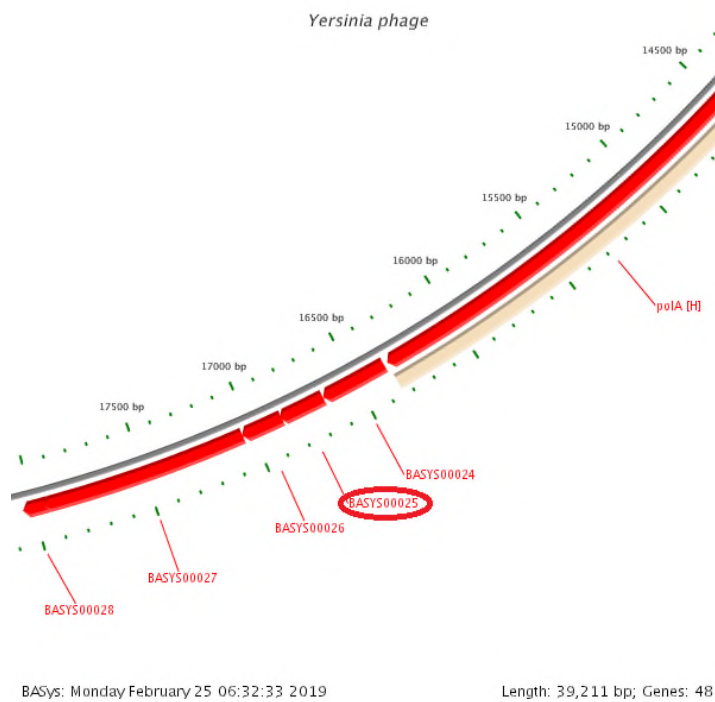


Рисунок 421 - Локализация BASYS00025 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

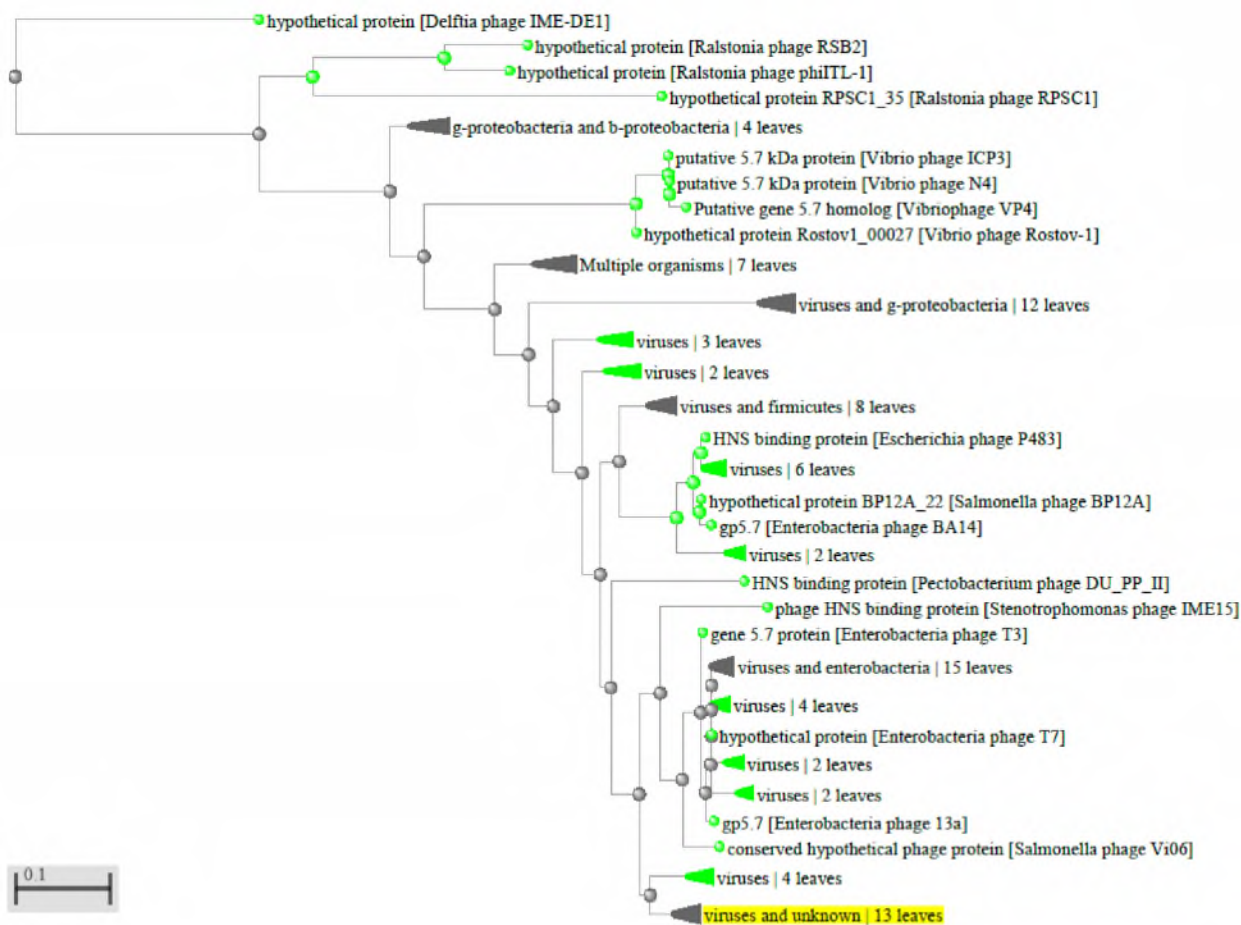


Рисунок 422 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00025 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26



Рисунок 423 - Конформационная структура BASYS00026 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### BASYS00026

Таблица 204 - Данные о протеине BASYS00026 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:23:0 GMT
Entry ID	BASYS00026.1
Accession No.	BASYS00026
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	16858-17046 (Clockwise)
Centisome Position	42.99

Gene Name	BASYS00026
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cttctcgtggacacattagctgtttgactgtggcggtcgcaatggtggagcatgggagg tcacagcctctggtgtgcttccttaacgaatgggagg
Gene Sequence	ttgcgtatgattatgcctaagagtacaccgtaacgatgaccctgatgcgtggaacgat gttagcgcgtacattgataagctggagaaagacctagagttcctgaatgcgcttaaggcg tgtggtgtggataattgggacggataactctgatgcagtcgaaatggtttacggggaggat gacgaatga
GC Content [Percent]	48.15
Preceding Gene	BASYS00025
Following Gene	BASYS00027
Operon Status	Yes
Operon Components	polA; BASYS00024; BASYS00025; BASYS00026; BASYS00027
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00026
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_62_residues MRMIMPKSDTVMTTRDAWNDVSAIDKLEKDLEFLNALKACGVDNWD- GYSDAVEMVYGED DE >Mature_62_residues MRMIMPKSDTVMTTRDAWNDVSAIDKLEKDLEFLNALKACGVDNWD- GYSDAVEMVYGED DE

No. of Amino Acids	Translated: 62 ; Mature: 62
Cys/Met Content	1.6 %Cys (Translated) 8.1 %Met (Translated) 9.7 %Cys+Met (Translated) 1.6 %Cys (Mature) 8.1 %Met (Mature) 9.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7113 ; Mature: 7113
Theoretical pI	Translated: 3.83 ; Mature: 3.83
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available

COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available

General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

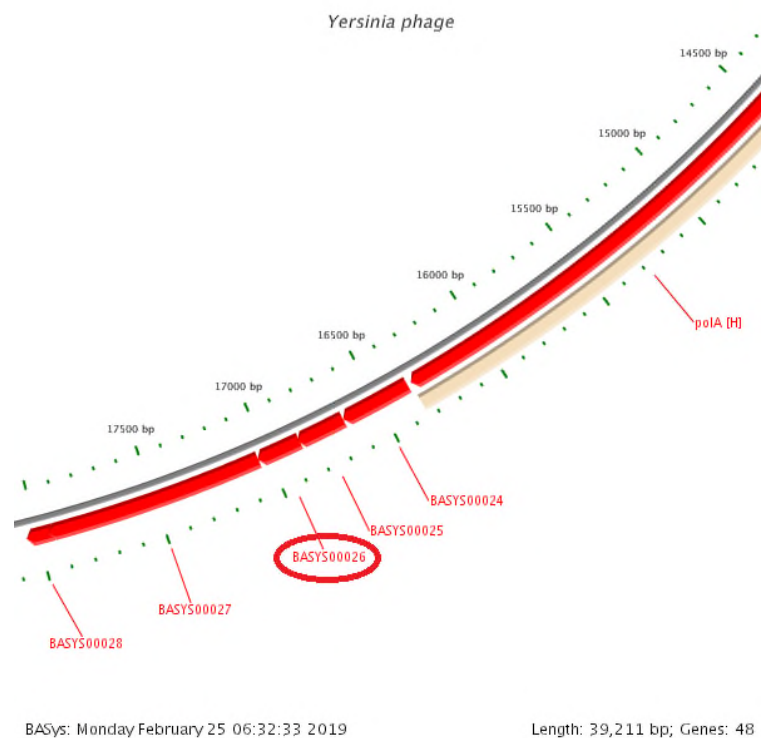


Рисунок 424 - Локализация BASYS00026 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

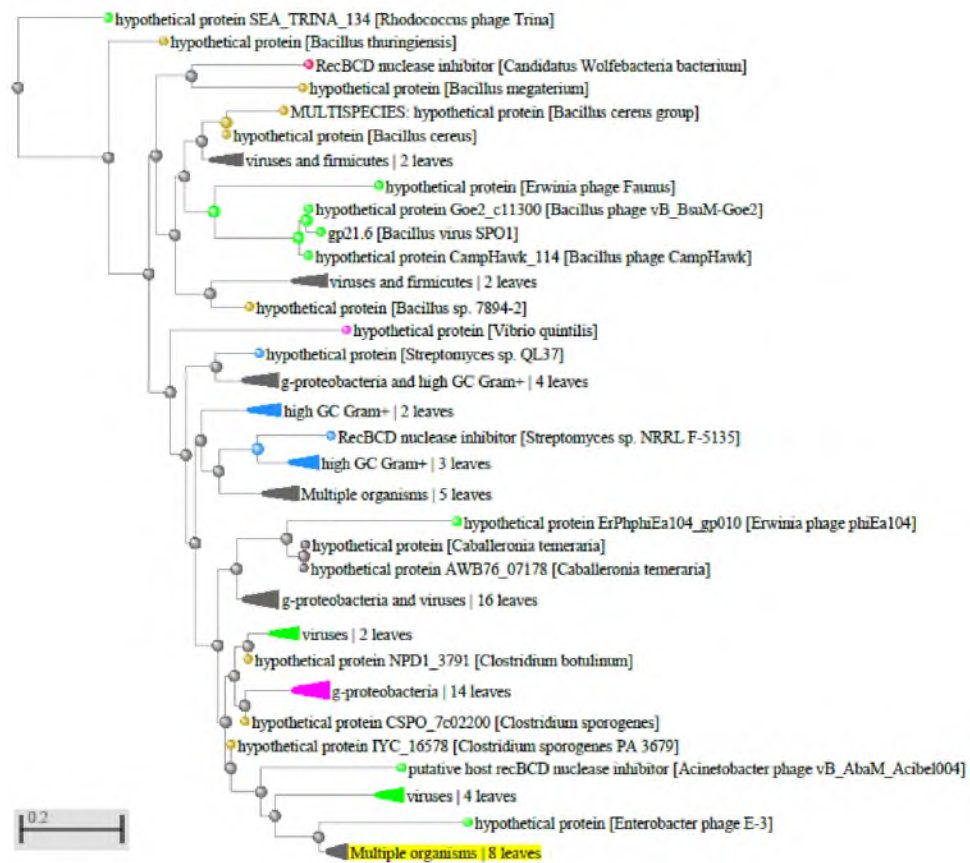


Рисунок 425 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00026 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2

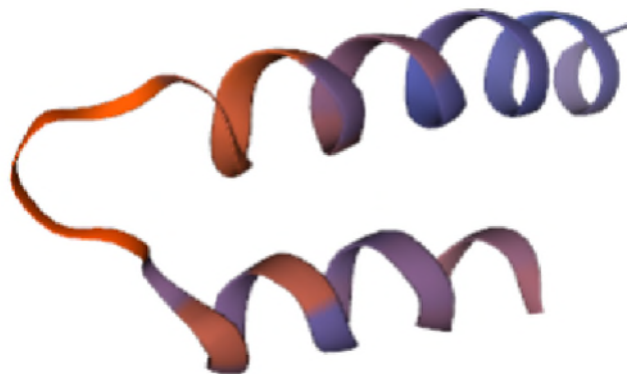


Рисунок 426 - Конформационная структура BASYS00026 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00027**



Таблица 205 - Данные о протеине BASYS00027 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:23:13 GMT
Entry ID	BASYS00027.1
Accession No.	BASYS00027
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	17043-17957 (Clockwise)
Centisome Position	43.47
Gene Name	BASYS00027
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases agaaagacctagagttcctgaatgcgcttaaggcgtgtggtgtggataattgggacggat actctgatgcagtcgaaatggtttacggggaggatgacga
Gene Sequence	atgagcctaatacattgaaagacttcgaggagatgcgtgaaggtaagcctatggagaag ggagtgctggtcatggatggtgactggttggtatatcagtcaatggcggctgccgaagt gagacggattggggagacgacatttgactcttgagtgtgaccacgccaaggcacggagc attctcgattctgcaatcgaatcctaccgaaccgtaagaaggcttgagtgacgctatg gtagttctggcgttaccgatgatgttaactggcgtgaaggctggtcgatgagacctat aaggagaaccgcaaggctaccgtaaacctgtgggctaccgtgacttcttagcgaagctg tgggagcgcgatgagttcattcacatcaaaggacatgcttgagggtgatgacgttatg ggcatcattgggtctggtcacgaggtcttcggcttcaagaaggctgtgttggtctcctgt gacaaggactcaagactatcccggacgttgacttctgtggtgtaccactggcaacatc ttgacgcagaccaagagaccgctgattggtggcatctctccagactatcaaaggatgat

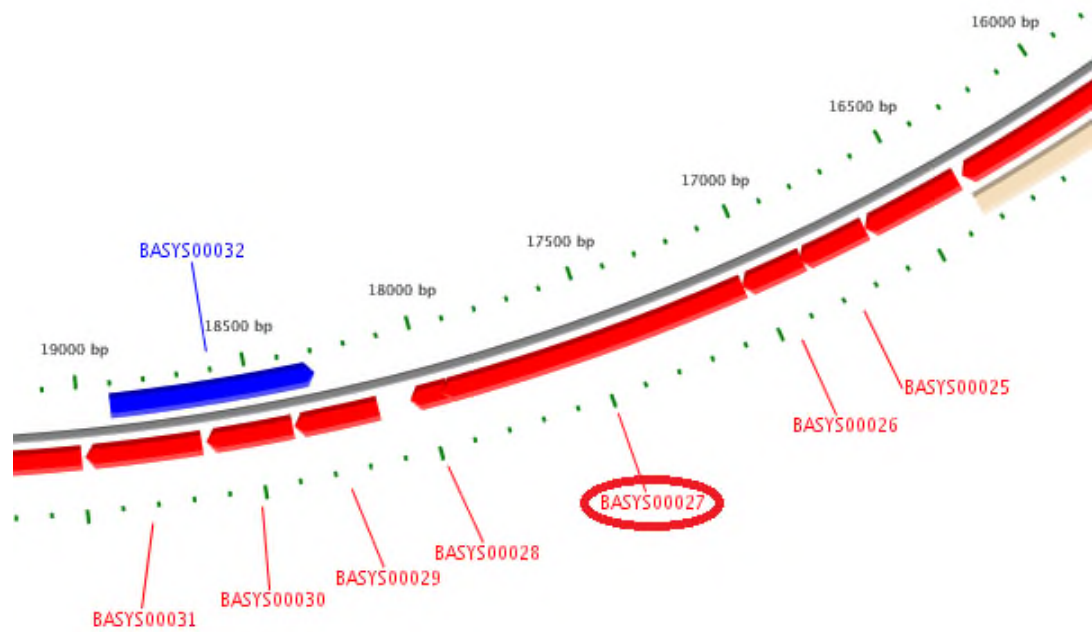
	atgaccgatggctactccgggattcccggctggggcgatacggcagaaggtttctgaat gaccgttcattgtggagcctgtagagtcctgttgaagtccggcaagaacaagggacag acagtaaccaagtgggtgaagcgtgctcctgatgagcactgagacgctgtgggactgcatt aagtcattggtgccaagctgggatgaccgagcaggaaatcatcaagcaaggccagatg gctcgcattcttcgcttcgaggaataacaattacattgacaaggagattacctatggacg ccgcaaagtacataa
GC Content [Percent]	51.58
Preceding Gene	BASYS00026
Following Gene	BASYS00028
Operon Status	Yes
Operon Components	polA; BASYS00024; BASYS00025; BASYS00026; BASYS00027
Protein Name	Phage Exonuclease
Alternate Protein Names	Exonuclease ; 5-3' Exonuclease
Sequence	>Translated_304_residues MSLITLKDFAEMREGKPMKGVLMGDWLVYQSMAAAEEVETDWGD- DIWTLECDHAKARS ILDSAIESYRTRKKAWSDAMVFLAFTDDVNWRKVLVDETYKENR- KATRPVGYRDFLAKL WERDEFIHIKEDMLEGDDVMGIIGSGHEVFGFKKAVLVSCDKDFK- TIPDVDFLWCTTGNL LTQTKETADWWHLFQTIKGMTDGYSGIPGWGDTAEGFLNDPFIVEP- VESVLKSGKNKGQ TVTKWVKRAPDATETLWDCIKSIGAKAGMTEQEIIKQGQMARILRFEEY- NYIDKEIYLWT PQST >Mature_303_residues SLITLKDFAEMREGKPMKGVLMGDWLVYQSMAAAEEVETDWGD-

	<p>DIWTLECDHAKARSI  LDSAIESYRTRKKAWSDAMVVLAFTDDVNWRKVLVDETYKENRKATRKPV-  GYRDFLAKLW  ERDEFIHIKEDMLEGDDVMGIIGSGHEVFGFKKAVLVSCDKDFK-  TIPDVDFLWCTTGNIL  TQTKETADWWHLFQTIKGDMDTGYSGIPGWGDTAEGFLNDPFIVEP-  VESVLKSGKNKGQT  VTKWVKRAPDATETLWDCIKSIGAKAGMTEQEIIKQGQMARILRFEEY-  NYIDKEIYLWTP  QST</p>
No. of Amino Acids	Translated: 304 ; Mature: 303
Cys/Met Content	<p>1.3 %Cys (Translated)  3.6 %Met (Translated)  4.9 %Cys+Met (Translated)  1.3 %Cys (Mature)  3.3 %Met (Mature)  4.6 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 34816 ; Mature: 34685
Theoretical pI	Translated: 4.63 ; Mature: 4.63
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available

PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/	Not Available

mg]	
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 427 - Локализация BASYS00027 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

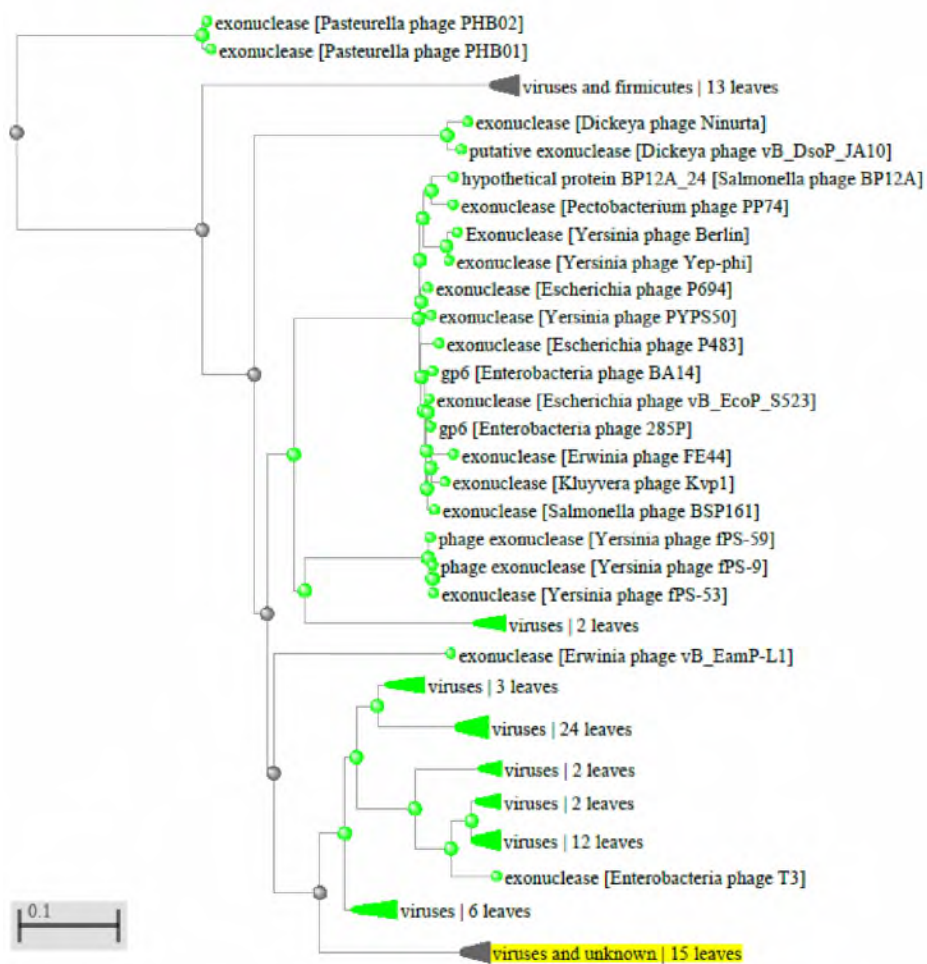


Рисунок 428 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00027 бактериофага *Yersinia phage Ye3-6f2*

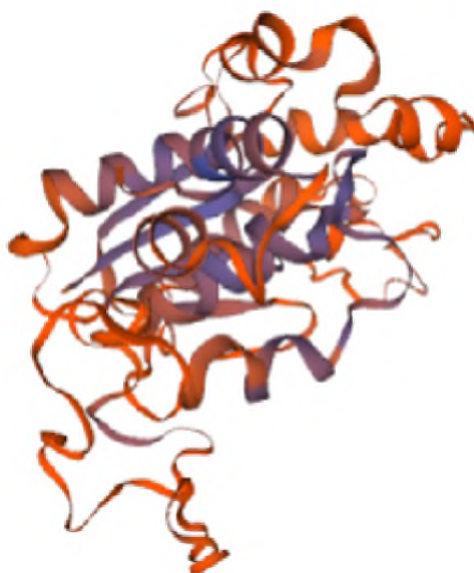


Рисунок 429 - Конформационная структура BASYS00027 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2* (согласно данным аналогий <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00028**Таблица 206 - Данные о протеине BASYS00028 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:23:43 GMT
Entry ID	BASYS00028.1
Accession No.	BASYS00028
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	17936-18049 (Clockwise)
Centisome Position	45.74
Gene Name	BASYS00028
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ccaaagctgggatgaccgagcaggaaatcatcaagcaaggccagatggctcg-cattcttc gcttcgaggaataacaattacattgacaaggagatttacct
Gene Sequence	atggacgccgcaaagtacataaccatcgctgtgctggtaggtatgctggcgcgaggtctc tggatgttcgctctcatagtcgagacgtgaagcgagactccgagattaagtga
GC Content [Percent]	53.51
Preceding Gene	BASYS00027

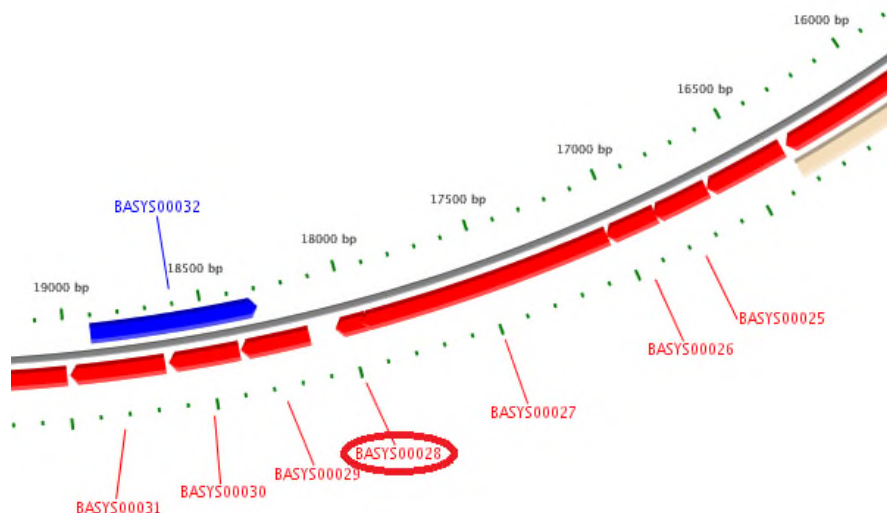


Following Gene	BASYS00029
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00028
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_37_residues MDAAKYITIAVLVGLARGLWMFALIVRDVKRDSEIK >Mature_37_residues MDAAKYITIAVLVGLARGLWMFALIVRDVKRDSEIK
No. of Amino Acids	Translated: 37 ; Mature: 37
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 8.1 %Met (Translated) 8.1 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 8.1 %Met (Mature) 8.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 4195 ; Mature: 4195
Theoretical pI	Translated: 10.11 ; Mature: 10.11
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0x9a50b88)-

Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available

Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	7.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 430 - Локализация BASYS00028 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

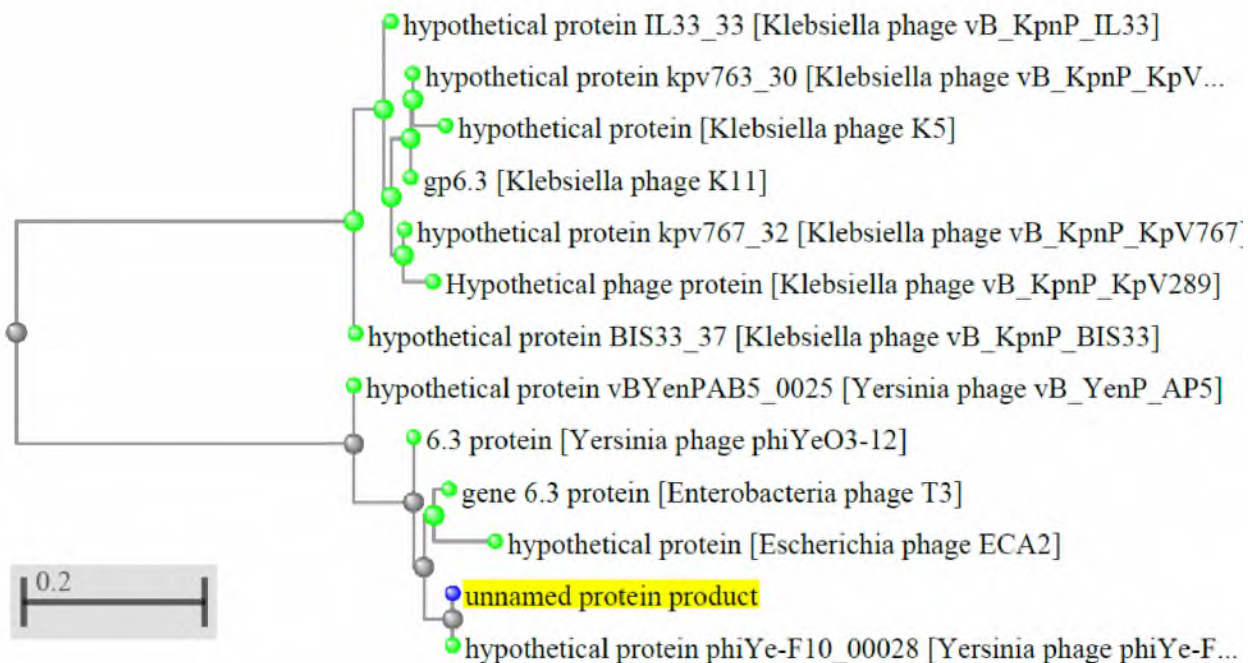


Рисунок 431 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00028 бактериофага *Yersinia phage Ye3-6f2*

**BASYS00029**

Таблица 207 - Данные о протеине BASYS00029 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:23:53 GMT
Entry ID	BASYS00029.1
Accession No.	BASYS00029
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	18143-18388 (Clockwise)
Centisome Position	46.27
Gene Name	BASYS00029
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases taagtgataaactcaaggctctctacaattaaccctcactaaaggaagaggagccttt atgattattactttaagacttaaccttaagaggtgaaatt
Gene Sequence	atgttacaaccaattaatcatgttttaactcatccgatgatattcctagtagtgcctcgt gcagctaaagagtatctacaggtgcgcttcaatcagacctatgtgatggagtccggggag taccgtgctacgctgctggatactctgagctttcattgctggtgtgatgcatggt ctgtacctgcctctcgaacacttgatgagattgaggtgctgtaaagagcaactgagacag gagtaa
GC Content [Percent]	46.75

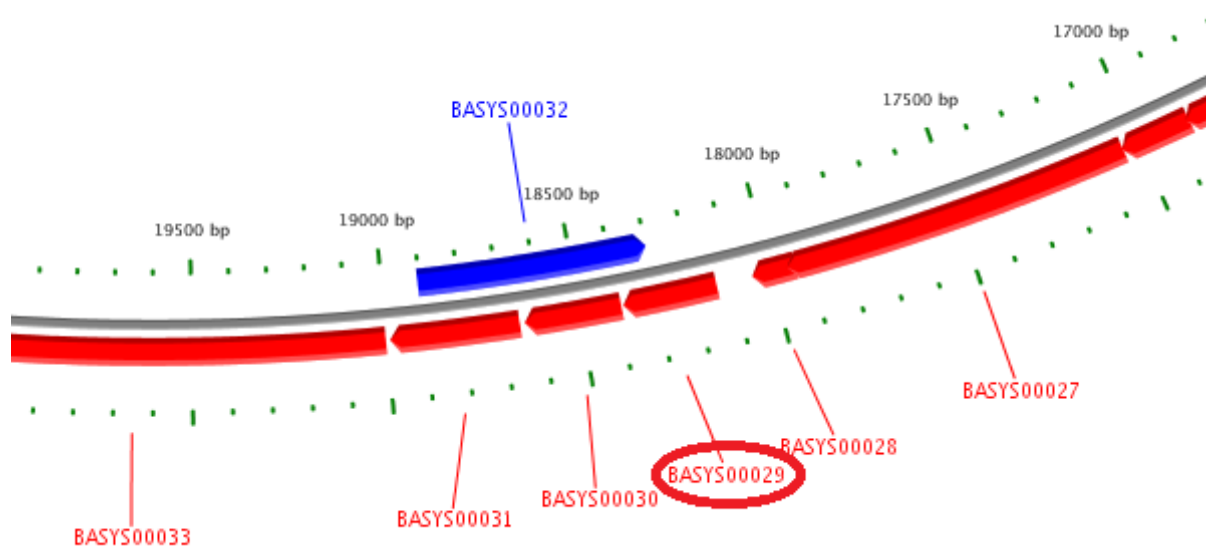
Preceding Gene	BASYS00028
Following Gene	BASYS00030
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00029; BASYS00030; BASYS00031; BASYS00033
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00029
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_81_residues MLQPINHVLTHPDDIPSMPRAAKEYLQVRFNQTYVMESGEYRALRAAGY- SEFSIAGVMHG LYLASRTLDEIEVRKEQLRQE >Mature_81_residues MLQPINHVLTHPDDIPSMPRAAKEYLQVRFNQTYVMESGEYRALRAAGY- SEFSIAGVMHG LYLASRTLDEIEVRKEQLRQE
No. of Amino Acids	Translated: 81 ; Mature: 81
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 4.9 %Met (Translated) 4.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 4.9 %Met (Mature) 4.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9368 ; Mature: 9368
Theoretical pI	Translated: 6.24 ; Mature: 6.24

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 432 - Локализация BASYS00029 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

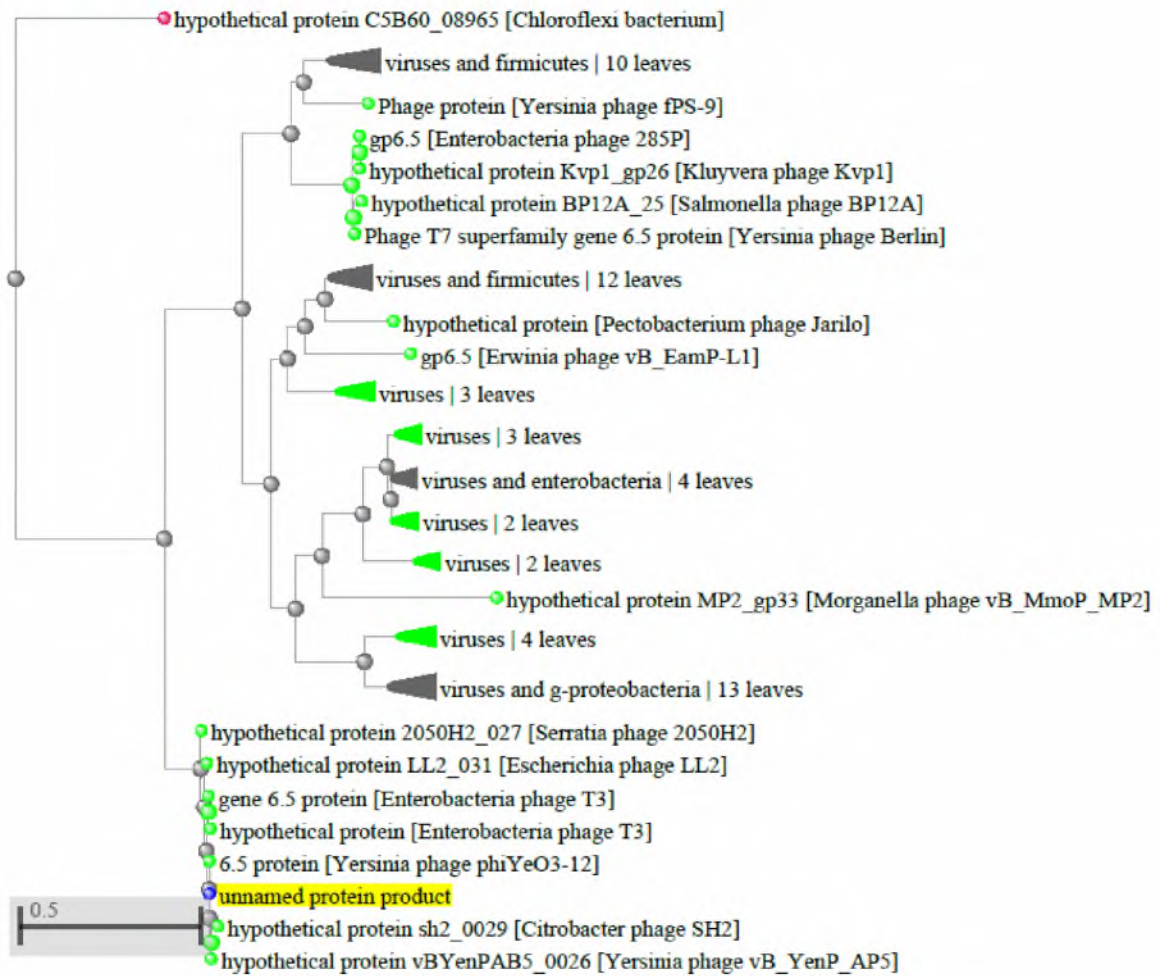


Рисунок 433 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00029 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-6f2

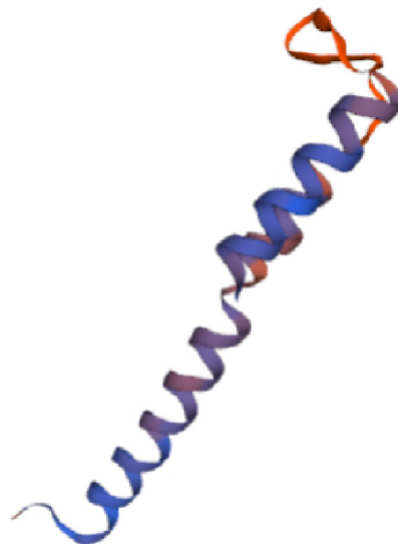


Рисунок 434 - Конформационная структура BASYS00029 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогий <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00030**

Таблица 208 - Данные о протеине BASYS00030 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

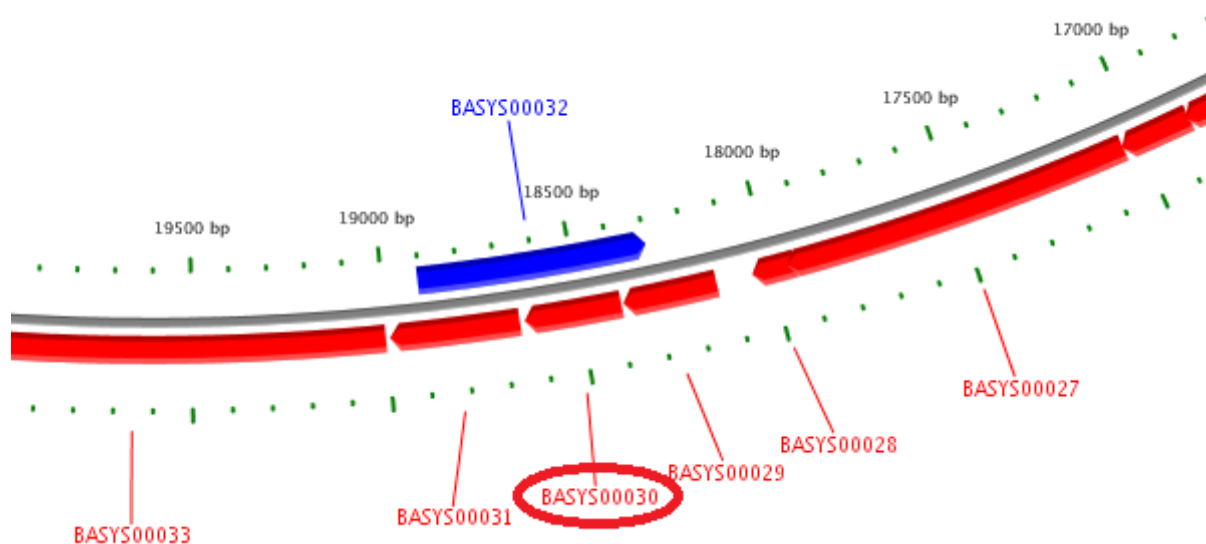
Creation Date	2019/2/25 6:24:8 GMT
Entry ID	BASYS00030.1
Accession No.	BASYS00030
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	18393-18644 (Clockwise)
Centisome Position	46.91
Gene Name	BASYS00030
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gagtctttcattgctgggtgatgcatggctgtaccttgccctcgaacacttgatgag attgaggtgcgtaaagagcaactgagacaggagtaattat
Gene Sequence	atgtgctggaaccgaaggtgaaagtcctaagatggacactaaccagattcgcgctgcc gaaccagcacctttgactgagccaccgaaatctgtggtatggggaggc gatgacgatgag gacaccagcgtgtcttctctgaggtccaaccacacagagcagcggtaagagcagtctt aaggtaaagctggatgacagcgcagccaagaacaagagtaaatacctccattcgctccaag gcgtttgggtaa
GC Content [Percent]	52.38

Preceding Gene	BASYS00029
Following Gene	BASYS00031
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00029; BASYS00030; BASYS00031; BASYS00033
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00030
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_83_residues MCWKPKVKVPKMDTNQIRAAEPAPLTEPPKSVVWGGDDDEDTSVSS- SEVPTTQSSGKSSL KVKLDDSAAKNKS KSSIRSKAFG >Mature_64_residues AEPAPLTEPPKSVVWGGDDDEDTSVSSSEVPTTQSSGKSSLKVKLDD- SAAKNKS KSSIRS KAFG
No. of Amino Acids	Translated: 83 ; Mature: 64
Cys/Met Content	1.2 %Cys (Translated) 2.4 %Met (Translated) 3.6 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 8879 ; Mature: 6623
Theoretical pI	Translated: 9.80 ; Mature: 4.97

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 435 - Локализация BASYS00030 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

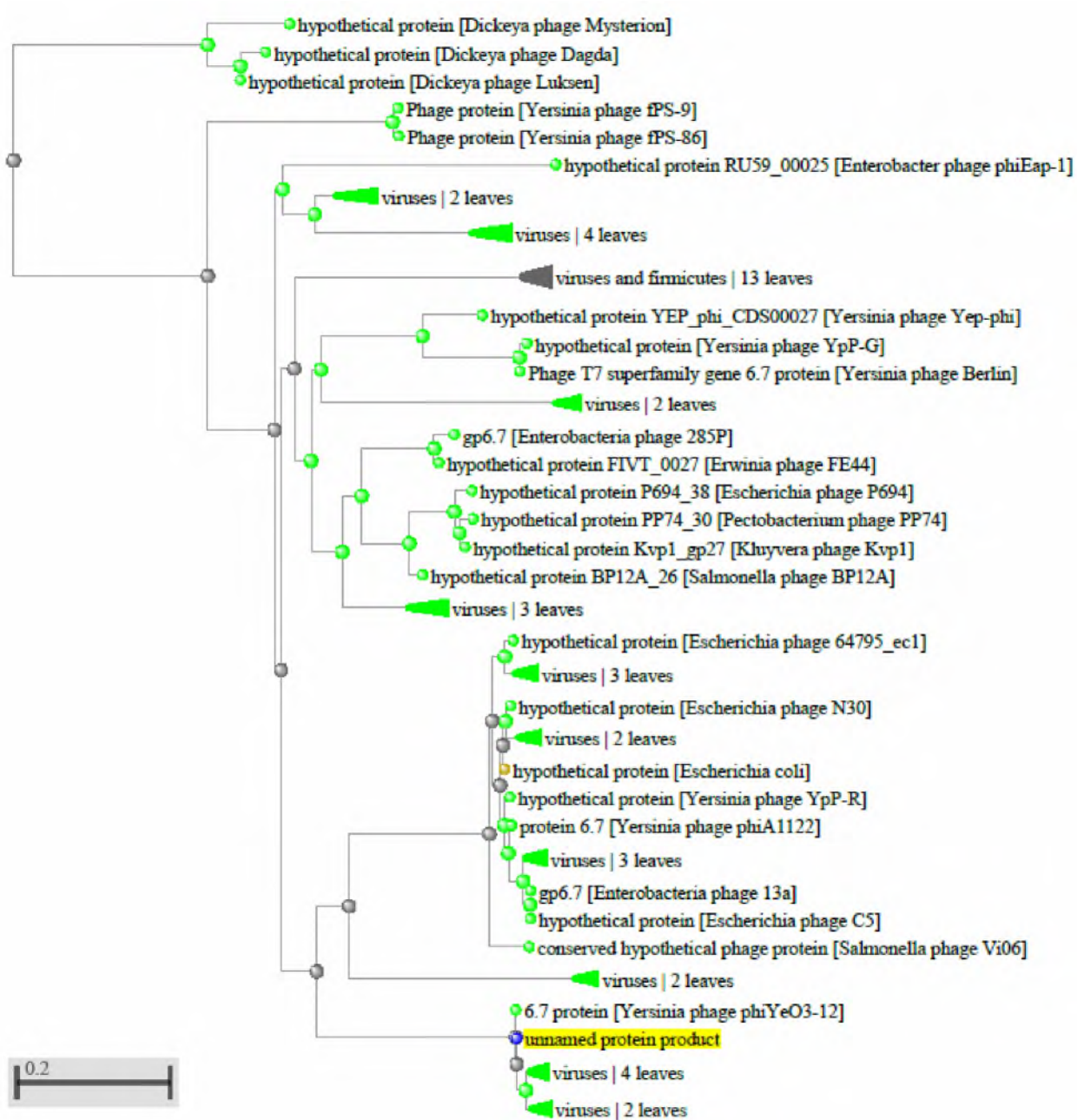


Рисунок 436 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00030 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2

### BASYS00031

Таблица 209 - Данные о протеине BASYS00031 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:24:20 GMT
---------------	-----------------------



Entry ID	BASYS00031.1
Accession No.	BASYS00031
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	18657-18992 (Clockwise)
Centisome Position	47.58
Gene Name	BASYS00031
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cggtaagagcagtcttaaggtaaagctggatgacagcgcagccaagaacaagagtaaattc ctccattcgcctccaaggcggttgggtaactgagtcatagc
Gene Sequence	atggggagaaacatcatgggattctcaagaaaatcaagaaggctgtaagaaagtcgtg aaggaagttagcagaccagtcgagaaggctggtaaggaagtcggtaaagtcgttggcggg gcgctgggtacaggttaagcaggagattatccaacaagaggctccagcaccagtagtgact gcgccgcctccagcacagattgtagatgtacctgaacaggataaggctgagggtgaggat gaggctcaaaccgaaagcgcacgtaagaaagcacgcgctggcggtaagaaggcacttagc gtagctcgcagttccggcgggtggaatcaatatctga
GC Content [Percent]	51.49
Preceding Gene	BASYS00030
Following Gene	BASYS00032
Operon Status	Yes

Operon Components	BASYS00029; BASYS00030; BASYS00031; BASYS00033
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00031
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_111_residues MGRNIMGFFKKIKKAVKKVVKESRPVEKAGKEVGKVVGGALGTGK- QEIIQQEAPPVVT APPPAQIVDVPEQDKAEGEDEAQTESARKKARAGGKKALSVARSSGGGI- NI >Mature_89_residues VSRPVEKAGKEVGKVVGGALGTGKQEIIQQEAPPVVTAPPPAQIVDV- PEQDKAEGEDEA QTESARKKARAGGKKALSVARSSGGGINI
No. of Amino Acids	Translated: 111 ; Mature: 89
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 1.8 %Met (Translated) 1.8 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 0.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 11560 ; Mature: 8997
Theoretical pI	Translated: 10.68 ; Mature: 9.18
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available

Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

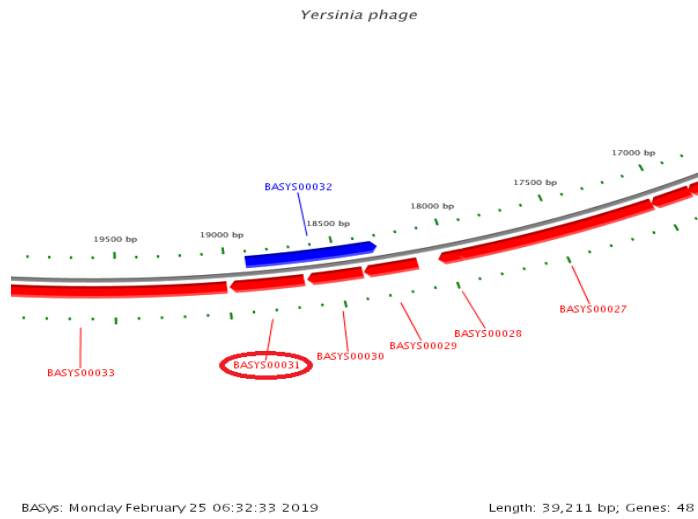


Рисунок 437 - Локализация BASYS00031 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

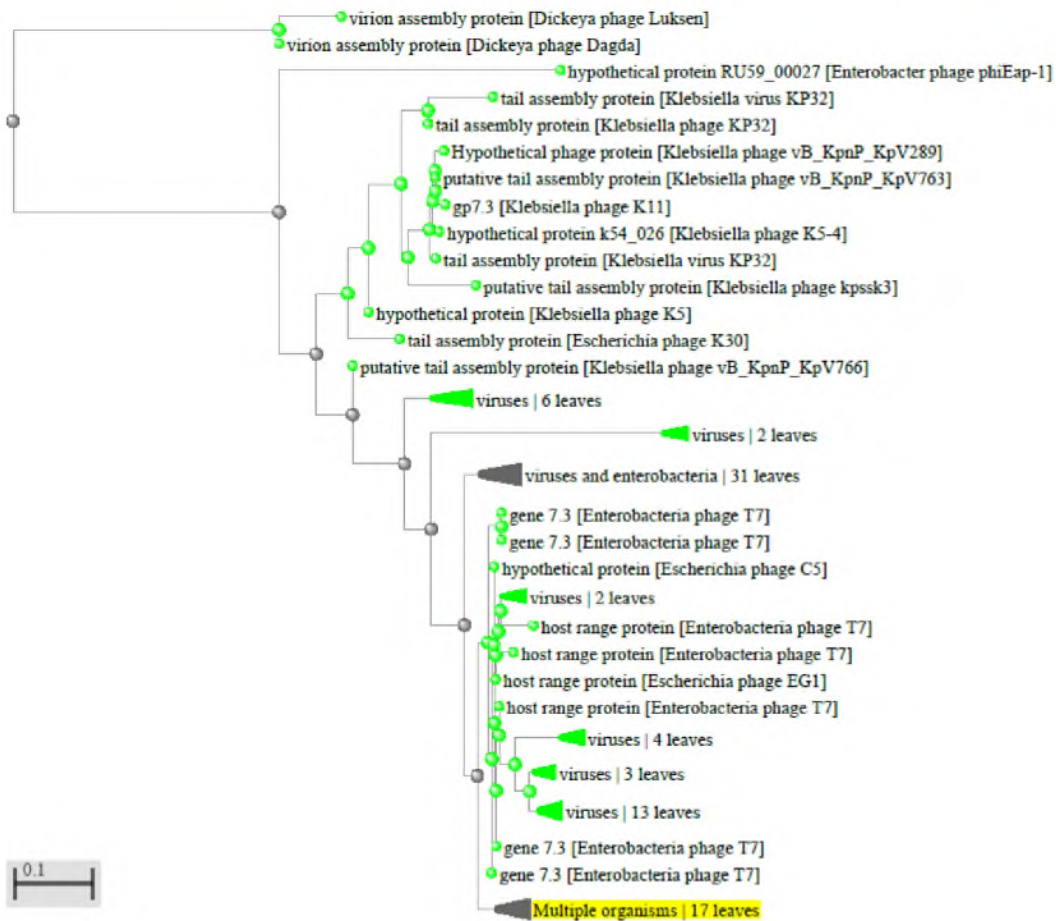


Рисунок 438 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00031 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*



Рисунок 439 - Конформационная структура BASYS00031 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2* (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00032**

Таблица 210 - Данные о протеине BASYS00032 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2* 6

Creation Date	2019/2/25 6:24:33 GMT
Entry ID	BASYS00032.1
Accession No.	BASYS00032
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	18905-18300 (Counterclockwise)
Centisome Position	48.21
Gene Name	BASYS00032

Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cattcagtcctcctcagatattgattccaccgccggaactgcgagctacgctaagtgcct tcttaccgccagcgcgtgctttcttacgtgcgctttcggt
Gene Sequence	ttgagcctcatcctcacctcagccttatcctgttcaggtacatctacaatctgtgctgg aggcggcgcagtcactactgggtgctggagcctcttggtggataatctcctgcttacctgt accagcgcaccgccaacgactttaccgacttcttaccagccttctcgactggctgctgt aacttccttcacgactttcttaacagccttcttgattttctgaagaatcccatgatgtt tctccccatgctatgactcagttacccaacgccttggagcgaatggaggattactctt gttcttggctgcgctgtcatccagctttaccttaagactgctcttaccgctgctctgtgt ggttggaacctcagaggaagacacgctgggtgcctcatcgtcatcgctccccataccac agatttcggtggctcagtcaaaggtgctggttcggcagcgcgaatctggttagtgtccat cttagggactttcaccttcggtttccagcacatataattactcctgtctcagttgctctt tacgcacctcaatctcatcaagtgttcgagaggcaaggtacagacatgcatcacaccag caatga
GC Content [Percent]	50.33
Preceding Gene	BASYS00031
Following Gene	BASYS00033
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00032
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_201_residues MSLILTSLILFRYIYNLCWRRRSHYWCWSLLLDNLLLTCTQR- TANDFTDFLTSLLDWSA

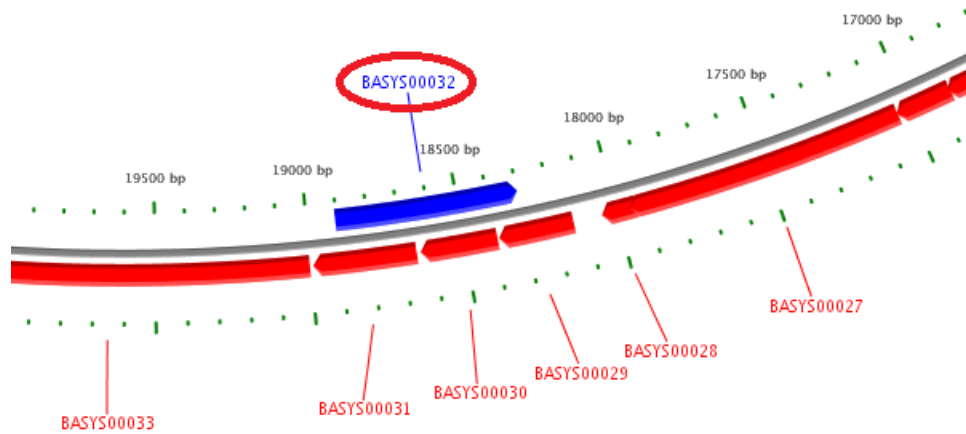
	<p>NFLHDFLNSLLDFLEESHDVSPHAMTQLPKRLGANGGFTLVLGCAVIQ-  LYLKTALTAALC  GWNLRGRHAGVLIVIASPYHRFRWLSQRCWFGSANLVSVHLRDFHLRF-  PAHIITPVSVAL  YAPQSHQVFERQGTDHASHQQ  &gt;Mature_200_residues  SLILTSLILFRYIYNLCWRRRSHYWCWSLLLDNLLLTCTQR-  TANDFTDFLTSLLDWSAN  FLHDFLNSLLDFLEESHDVSPHAMTQLPKRLGANGGFTLVLGCAVIQLYLK-  TALTAALCG  WNLGRHAGVLIVIASPYHRFRWLSQRCWFGSANLVSVHLRDFHLRFPA-  HIITPVSVALY  APQSHQVFERQGTDHASHQQ</p>
No. of Amino Acids	Translated: 201 ; Mature: 200
Cys/Met Content	<p>3.0 %Cys (Translated)  1.0 %Met (Translated)  4.0 %Cys+Met (Translated)  3.0 %Cys (Mature)  0.5 %Met (Mature)  3.5 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 23152 ; Mature: 23021
Theoretical pI	Translated: 8.61 ; Mature: 8.61
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available



Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available

Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia* phage



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 440 - Локализация BASYS00032 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

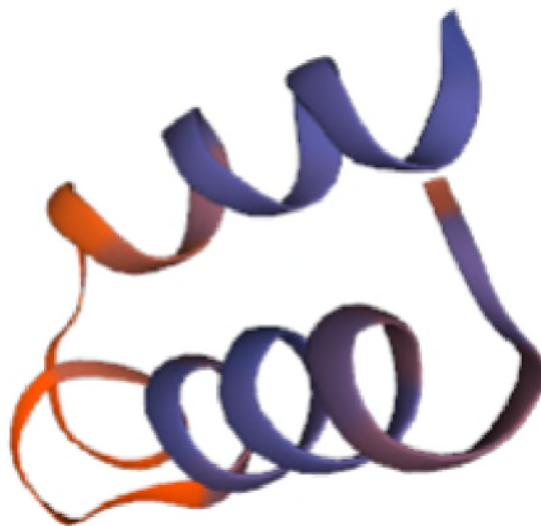


Рисунок 441 - Конформационная структура BASYS00032 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогий <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00033**Таблица 211 - Данные о протеине BASYS00033 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:24:56 GMT
Entry ID	BASYS00033.1
Accession No.	BASYS00033
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	19003-20610 (Clockwise)
Centisome Position	48.46
Gene Name	BASYS00033
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases caaaccgaaagcgcacgtaagaaagcacgcgctggcggtgaagaaggcacttagcgtagct cgcagttccggcggtggaatcaatatctgaggaggactga
Gene Sequence	atggctgattcaaaacgtacaggattgggcgaagacgggtgctaaagctacctatgaccgc ctaacgaacgaccgtagagcctatgagactcgtgcgaaaactgtgcgcaatacaccatt ccgtccttgttcccgaaggagtccgataacgaatctaccgactacacgactccgtggcag gctgtaggtgcgcggggtcttaacaatctggcctctaaattaatgctggcactattcccg atgcagtcgtggatgaagctgaccattagtgaatatgaggcgaagcagcttgttgagac cctgatggactcactaaggtggacgaaggtctgtctatggttgagcgtattatcatgaat tatatcgaatccaacagttaccgtgtaacactctttgagtgctcaagcagttgatcgtg

	<p>gcaggtaacgcactgcttacttaccggaaccagaaggtagctacaatccgatgaagctg  taccgattgtcttcttatgttgccaagagacgcatacggcaatgtgttacagattgtc  actcgtgaccagatagcctttggtgctctcccggaagacgttcggtctgcggtagagaaa  gctggtggtgagaagaagatggacgaaatggcgcgatgtgtacacccatgtgtatctcgat  gaagagtccggcgattacctcaagtacgaggaagtagaggacgttgagattgatggctcc  gatgccacctatccgactgacgctatgcctacattccggttcgatggttcgattgat  ggcgcagtcttacggtcgctcctactgtgaagaatacttaggtgacttaaggtcgcttgag  aacctccaagaggctatcgtaagatgagcatgattagcgcgaaggctacggtctggtt  aaccggctggcattacgcagccccgtagattaaccaaagctcagactggtgacttcggt  cccggctgctgagaagacattgacttctgcaactggagaagcaagctgactttaccgta  gcaaaagctgtgagtgaccagatagaagcacgcttatcgatgcctttatgttgaactct  gcggtacagcgcacaggtgaacgtgtgaccgccgaagagattcgatacgttgctcagaa  ctggaagatacgttggcggcgtctattcgattctgtctcaagaactgcaattgcctctg  gttcgtgtgctcttgaagcaactccaagcaacctcgagattcctgagctaccgaaagaa  gccgttgagcctactatcagtacaggtctggaagcaatcgggcgtggtcaagacctcgat  aagctggagcgctgtatctccgcttgggctgctctggctccatgcagggagaccggac  attaacctgtgtcattaagctgcgattgctaacgccattggtattgatacttctggt  atcctactgacggacgagcagaagcaagcactgatgatgcaggatgcggcccaaacaggt  atcgagaacgctgccgccgctggtggggctggtgtgggtgctctagcgacctcaagtcca  gaagctatgcagggtgcagcagcacaggctggcctagacgccacctaa</p>
GC Content [Percent]	51.49
Preceding Gene	BASYS00032
Following Gene	BASYS00034
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00029; BASYS00030; BASYS00031; BASYS00033
Protein Name	Head--Tail Joining Protein
Alternate Protein Names	Not Available

Sequence

>Translated\_535\_residues  
MADSKRTGLGEDGAKATYDRLTNDRRAYETRAENCAQYTIPSLFPKESD-  
NESTDYTTTPWQ  
AVGARGLNNLASKLMLALFPMQSWMKLTISEYEAKQLVGDPDGLTKV-  
DEGLSMVERIIMN  
YIESNSYRVTLFECLKQLIVAGNALLYLPEPEGSYNPMKLYRLSSYVVQR-  
DAYGNVLQIV  
TRDQIAFGALPEDVRSABEKAGGEKKMDEMVDVYTHVYLDEESGDYL-  
KYEEVEDVEIDGS  
DATYPTDAMPYIPVRMVRIDGESYGRSYCEEYLGDLRSLENLQEAIVKMS-  
MISAKVIGLV  
NPAGITQPRRLTKAQTGDFVPGRRREDIDFLQLEKQADFTVAKAVSD-  
QIEARLSYAFMLNS  
AVQRTGERVTAAEIRYVASELEDTLGGVYSILSQELQLPLVRVLLKQLQATS-  
QIPELPKE  
AVEPTISTGLEAIGRGQDLKLERCISAWAALAPMQGDPDINLAVIKLRIA-  
NAIGIDTSG  
ILLTDEQKQALMMQDAAQTGIENAAAAGGAGVGALATSSPEAMQ-  
GAAAQAGLDAT  
>Mature\_534\_residues  
ADSKRTGLGEDGAKATYDRLTNDRRAYETRAENCAQYTIPSLFPKESD-  
NESTDYTTTPWQA  
VGARGLNNLASKLMLALFPMQSWMKLTISEYEAKQLVGDPDGLTKV-  
DEGLSMVERIIMNY  
IESNSYRVTLFECLKQLIVAGNALLYLPEPEGSYNPMKLYRLSSYVVQR-  
DAYGNVLQIVT  
RDQIAFGALPEDVRSABEKAGGEKKMDEMVDVYTHVYLDEESGDYL-  
KYEEVEDVEIDGSD  
ATYPTDAMPYIPVRMVRIDGESYGRSYCEEYLGDLRSLENLQEAIVKMSMI-  
SAKVIGLVN  
PAGITQPRRLTKAQTGDFVPGRRREDIDFLQLEKQADFTVAKAVSDQIEARL-  
SYAFMLNSA  
VQRTGERVTAAEIRYVASELEDTLGGVYSILSQELQLPLVRVLLKQLQATSQI-  
PELPKEA  
VEPTISTGLEAIGRGQDLKLERCISAWAALAPMQGDPDINLAVIKLRIA-  
NAIGIDTSGI  
LLTDEQKQALMMQDAAQTGIENAAAAGGAGVGALATSSPEAMQGAAA-  
QAGLDAT

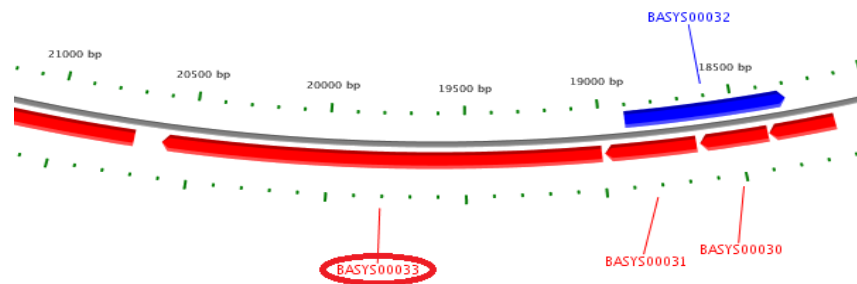
No. of Amino Acids	Translated: 535 ; Mature: 534
Cys/Met Content	0.7 %Cys (Translated) 3.4 %Met (Translated) 4.1 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 3.2 %Met (Mature) 3.9 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 58650 ; Mature: 58519
Theoretical pI	Translated: 4.27 ; Mature: 4.27
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available

COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available



General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 442 - Локализация BASYS00033 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*



Рисунок 443 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00033 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2

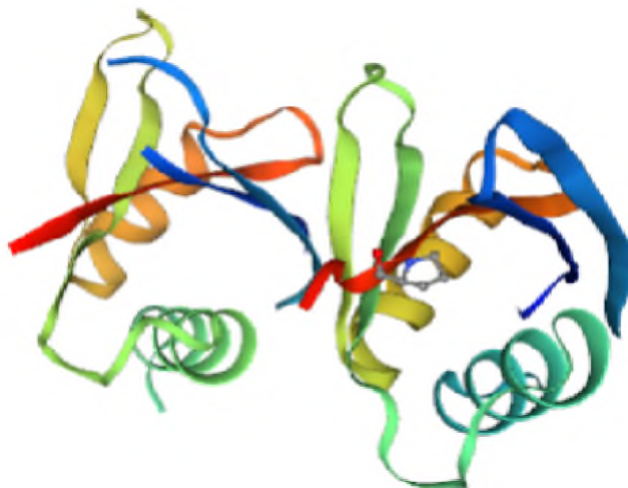


Рисунок 444 - Конформационная структура BASYS00033 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00034**

Таблица 212 - Данные о протеине BASYS00034 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:25:35 GMT
Entry ID	BASYS00034.1
Accession No.	BASYS00034
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	20712-21644 (Clockwise)
Centisome Position	52.82
Gene Name	BASYS00034
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aaccctcactaaaggagacctcatctttgaaatgagcgatgactaaaggttggagtcct ttggtttccctttatctttaacaacttaggagatttaaca
Gene Sequence	atggctgaatctaatagcagacgtttatgctccttcggtgtgaacaacgcggaatgacc ggaagcacacctactgaacacgaacagaatatgctgagtctcgatggtgctgcccgtgat ggcgatgatgcaatcgacttagcgaggaaccgagttctcataacgatgacccttatgcg gctggcgaagaccattcgctaataggaagacgatgagggccgcattcaggttcgtatc agtgaagatggtagtgaagctgagttcgacactggttagcgataacgctgaggtggagacc gaaggtgaggccgctgagttgaaccgctgggtgacactccagaagaactgagccaagtg actgaacaattaggtcagcacgaagaaggctttcaggcgatggtcgagcaggccgttgag cgtggactgagcgcagagtctgtgactcgcacatctacgaagagtacgaagccgatggtatc tctgagaaatcctacgcggaactcgaagctgctggctatagtcgtgcctttgtggactcc tacatctccggtcaggaagccctttagaccagtagctcaatcaggtagttgcctttgct

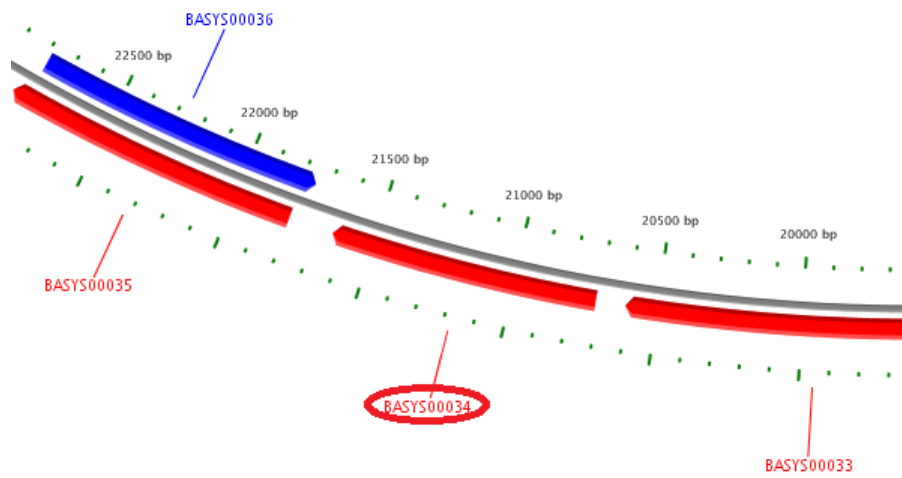
	<p>ggtggtaaggagcgctttagcgcaatccatacgcaccttgaagcaaccaacccggctgcg  gctgagtccttgaggctgcatgatgaaccgagacttggcgactatcaaagcgattac  aatctggctggtgagagctacacgaagaaattcggaagcctgccaaccgtagtgttacc  aagcgtgctactccggttaaacctgtagctcgtcagaaagagggcttacgaatcaggct  gagatgattaaagctatgagtgacccgcgttacgtagtgatgctgcctaccgtcaaatg  gtagaacagaaggttatcgactccagtttctaa</p>
GC Content [Percent]	51.66
Preceding Gene	BASYS00033
Following Gene	BASYS00035
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Capsid Assembly Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_310_residues  MAESNADVYASFGVNNAVMTGSTPTEHEQNMLSLDVAARDGDDAIVL-  SEEPSSHNDDPYA  AGEDPFANEEDDEGRIQVRISEDGSEAEFDTGSDNAEVETEGEAAE-  FEPLGDTPEELSQV  TEQLGQHEEGFQAMVEQAVERGLSAESVTRIYEEYEADGISEKSYAELEAA-  GYSRAFVDS  YISGQEALVDQYVNQVVAFAGGKERFSAIHHTHLEATNPAAAE-  SLEAAMMNRDLATIKAI  NLAGESYTKKFGKPANRSVTKRATPVKPVARQKEGFTNQAEMIKAMSD-  PRYRSDAAYRQM  VEQKVIDSSF  &gt;Mature_309_residues  AESNADVYASFGVNNAVMTGSTPTEHEQNMLSLDVAARDGDDAIVL-</p>

	SEEPSSHNDDPYAA GEDPFANEEDDEGRIQVRISEDGSEAEFDTGSDNAEVETEGEAAE- FEPLGDTPEELSQVT EQLGQHEEGFQAMVEQAVERGLSAESVTRIIYEEYEADGISEKSYAELEAA- GYSRAFVDSY ISGQEALVDQYVNQVVAFAGGKERFSAIHHTHLEATNPAAAE- SLEAAMMNRDLATIKAIIN LAGESYTKKFGKPANRSVTKRATPVKPVARQKEGFTNQAEMIKAMSD- PRYRSDAAYRQMV EQKVIDSSF
No. of Amino Acids	Translated: 310 ; Mature: 309
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 2.9 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.6 %Met (Mature) 2.6 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 33769 ; Mature: 33638
Theoretical pI	Translated: 4.01 ; Mature: 4.01
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available

PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/	Not Available

mg]	
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 445 - Локализация BASYS00034 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*



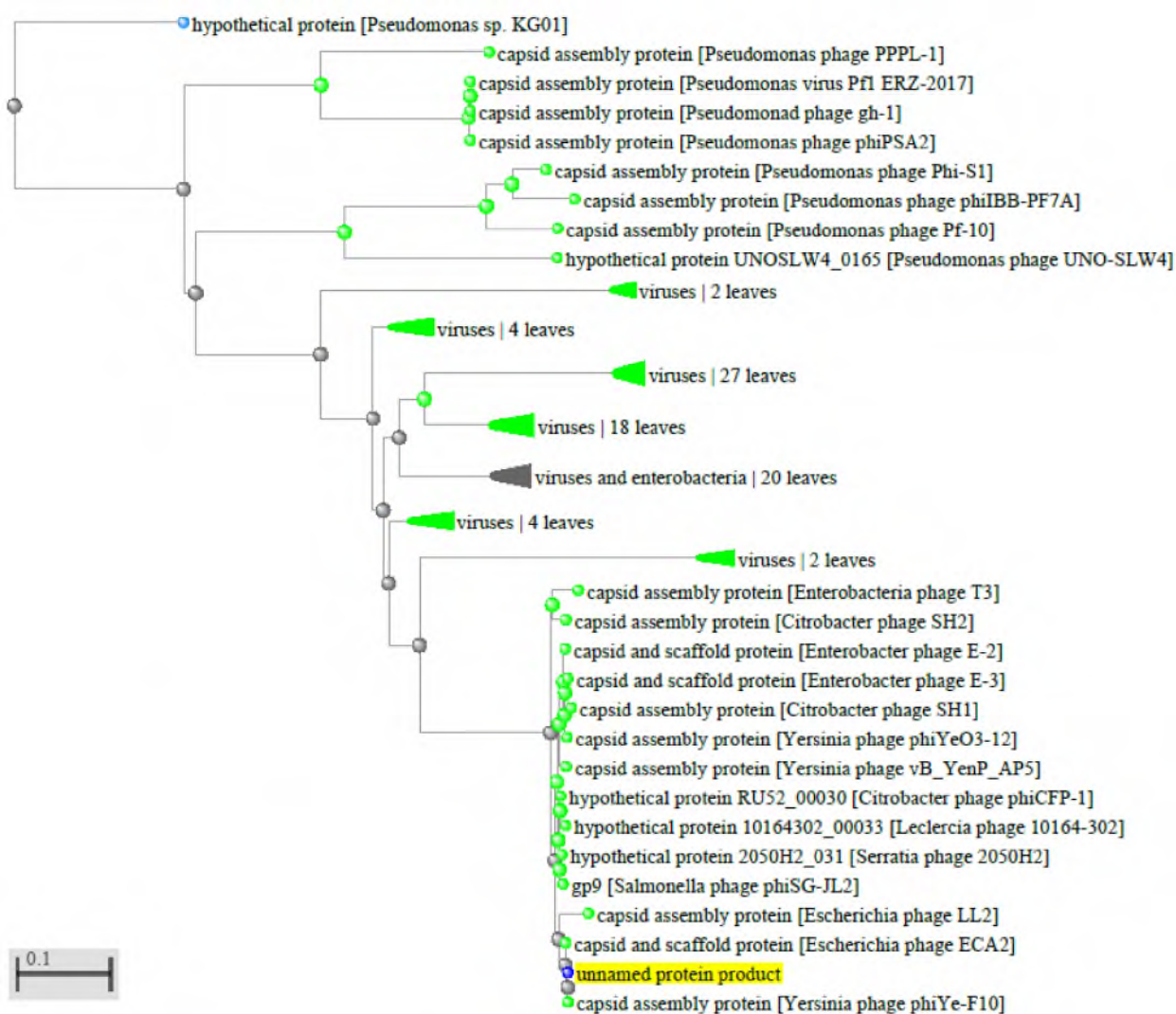


Рисунок 446 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00034 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2

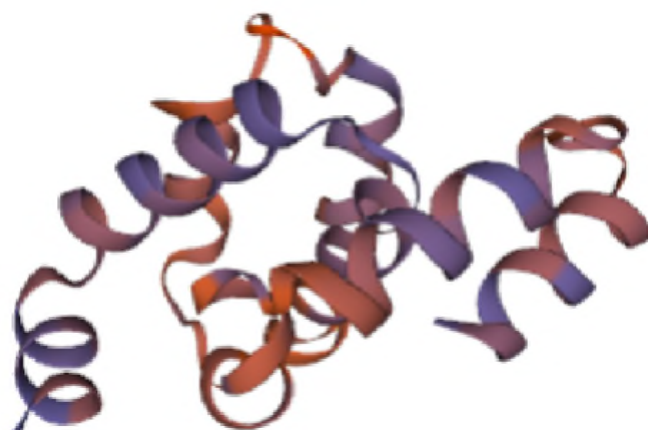


Рисунок 447 - Конформационная структура BASYS00034 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00035**

Таблица 213 - Данные о протеине BASYS00035 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:26:3 GMT
Entry ID	BASYS00035.1
Accession No.	BASYS00035
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	21801-22844 (Clockwise)
Centisome Position	55.60
Gene Name	BASYS00035
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cacagaactttgtggtcactcccgtaggtgaaacattgagaaccaactcgattcaagtag taaccaaacttttcttaaattaacataaggagattcaac
Gene Sequence	atggctaacattcaaggcggacagcaaattggtactaatcagggtaagggtcagtcgca gcggaacaaattggcgctgttctgaaagtgttcggcggtgaagtcctgacggctttcgct cgcacctccgtgaccatgcctcgtcacatgctgcgctctattgcttctggtaagtccgca cagttccctgtgattggtcgcaccaaagctgcttacctgaaaccgggtgagaacctcgat gacaaacgtaaggatatcaaacacaccgagaaggtaatccacattgatggcctgctgact gcggaacgttctgatttacgacattgaggacgcatgaaccactacgacgttcgcccag tacaccgcacagttgggtgaatctctggcgatggcggtgacggtgctgttctggctgaa

	<p>ctggctggctgggtaacctgcctgacgcctccaatgagaacattgagggtctcggttaag  ccgaccgttctgactctgggtaagccgacctctggcgacctgactgacccgggtgagctg  ggtaaagcgattatcgctcagttgaccgttgctcgtgcggctctgaccaagaactacgtt  ccggctgctgaccgtactttctacaccactcctgataactactccgcgattctggctgct  ctgatgccgaacgctgcaaactatcaggcacttattgaccctgagcgcggtactatccgt  aacgtgatgggcttcgaagtgggtgaggttccgcacctgactgctgggtggtgctgggat  gaccgtgaggacactccggctggcagaagcacgctttcccggcgacttcagcactacc  gtaaggtgctctggataacgttggtggcctgtccagcaccgctctgcggttggtacg  gtcaagctgaaagacttggctctggagcgcgctcgtcgtgcgaactatcaggctgaccag  attatcgctaaatatgcatgggtcacggcgggtctcgtccagaagctgctggcgctatc  gttctcccaaaggtgtcggagtaa</p>
GC Content [Percent]	55.36
Preceding Gene	BASYS00034
Following Gene	BASYS00036
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Minor Capsid Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_347_residues  MANIQGGQQIGTNQKGQSAADKLALFLKVFGEVLTA-  FARTSVTMPRHMLRSIASGKSA  QFPVIGRTKAAYLKPGENLDDKRKDIKHTKVIHIDGLLTADVLIYDIE-  DAMNHVDVRAE  YTAQLGESLAMAADGAVLAELAGLVNLPDASNE-  NIEGLGKPTVLTLLVKPTSGDLTDPVEL  GKAIQAQLTVARAALTKNYVPAADRFTYTPDNYSAILAALMPNAANYQA-  LIDPERGTIR</p>

	<p>NVMGFVEVPHLTAGGAGDDREDTPAGQKHAFPATSSTTV-  KVALDNVVGLFQHRSVGT  VKLKD LALERARRANYQADQIIAKYAMGHGGLRPEAAGAI VLPKVSE  &gt;Mature_307_residues  RTSVTMPRHMLRSIASGKSAQFPVIGRTKAAYLKPGENLDDKRKDIKHTE-  KVIHIDGLLT  ADVLIYDIEDAMNHYDVRAEYTAQLGESLAMAADGAVLAELAGLVNLP-  DASNENIEGLGK  PTVLT LVKPTSGDLTDPVELGKAI IAQLTVARAALTKNYVPAADRTFYTTTPD-  NYSAILAA  LMPNAANYQALIDPERGTIRNVMGFVEVPHLTAGGAGDDREDT-  PAGQKHAFPATSSTT  VKVALDNVVGLFQHRSVGT VKLKD LALERARRANYQADQIIA-  KYAMGHGGLRPEAAGAI  VLPKVSE</p>
No. of Amino Acids	Translated: 347 ; Mature: 307
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.3 %Met (Translated) 2.3 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.3 %Met (Mature) 2.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 36866 ; Mature: 32804
Theoretical pI	Translated: 6.73 ; Mature: 6.52
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available

Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

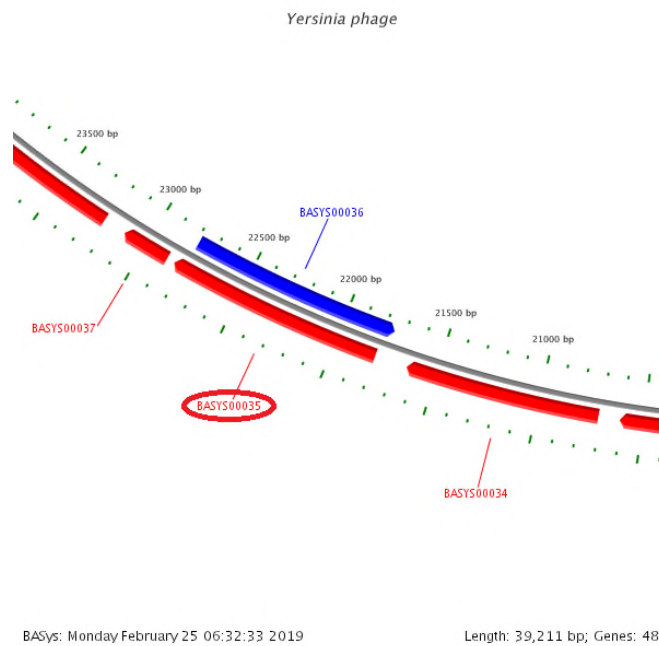


Рисунок 448 - Локализация BASYS00035 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

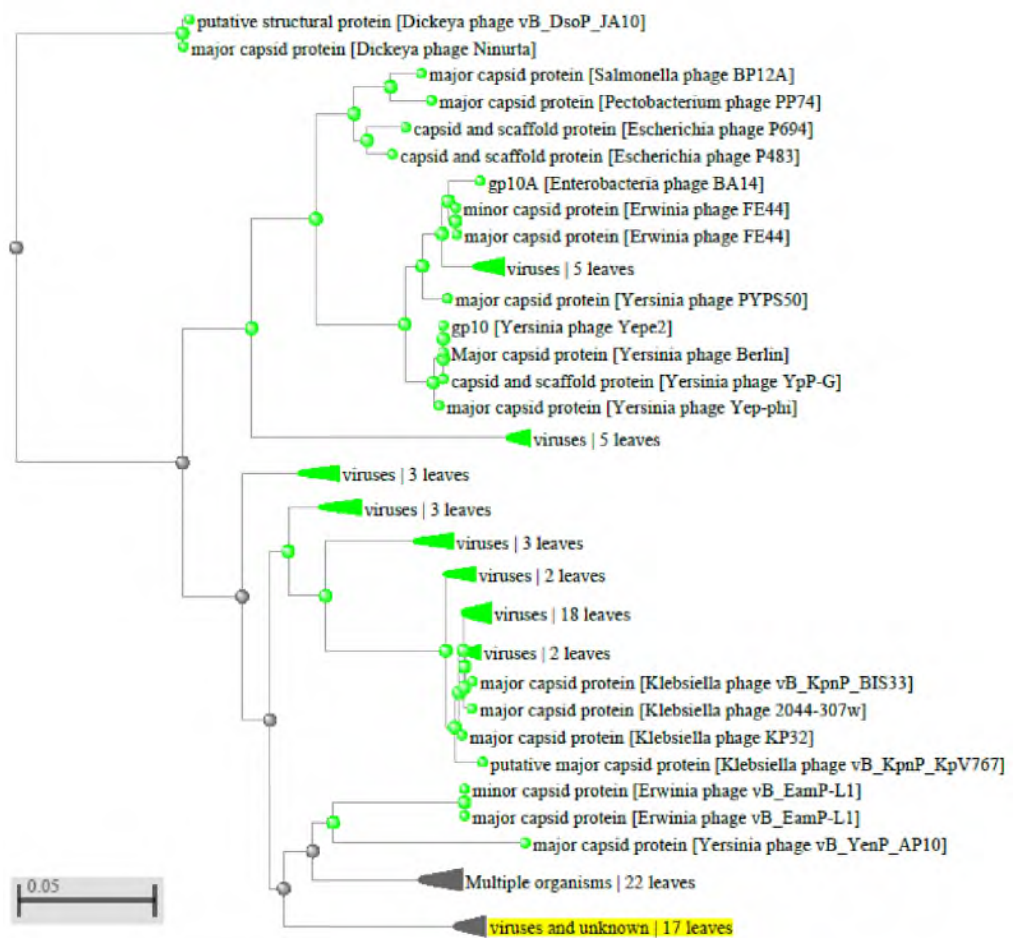


Рисунок 449 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00035 бактериофага *Yersinia phage Ye3-6f2*

## BASYS00036

Таблица 214 - Данные о протеине BASYS00036 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:26:34 GMT
Entry ID	BASYS00036.1
Accession No.	BASYS00036
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	22787-21753 (Counterclockwise)
Centisome Position	58.12
Gene Name	BASYS00036
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ctcatagtcttctgactaagagtaactccagtggggtcggggaattactccgacaccttg ggagaacgatagcgccagcagcttctggacgcagaccgcc
Gene Sequence	gtgacctatcgcatatntagcgataatctggtcagcctgatagttcgacgacgagcgcg ctccagagccaagtctttcagcttgaccgtaccaaccgagagcgggtgctggaacaggcc aacaacgttatccagagcaaccttaacggtagtgctggaagtcgccgggaaagcgtgctt ctggccagccggagtgctctcacggatcaccagcaccaccagcagtcaggtgcggaac ctcaaccacttgaagcccatcacgttacggatagtagcgcgctcagggtcaataagtgc ctgatagtttgacgcttcggcatcagagcagccagaatcgccggagtagttatcaggagt ggtgtagaaagtacggtcagcagccggaacgtagttcttggtcagagccgcagagcaac



	<p> gggcaactgagcgataatcgctttaccagctcaaccgggtcagtcaggtcgccagaggt  cggcttaaccagagtcagaacggtcggcttaccgagaccctcaatggttctcattggaggc  gtcaggcaggttaaccagaccagccagttcagccagaacagcaccgtcagccgcatcgc  cagagattacccaactgtgcggtgtactcggcggaacgtcgtagtggttcacgcgctc  ctcaatgtcgtaaatacagaacgtccgcagtcagcaggccatcaatgtggattaccttctc  gggtgtgttgataccttacggttgcacgcaggttctcaccgggttcaggttaagcagc  tttggtgagcaatcacaggaactgtgaggactaccagaagcaatagagcgagcat  gtgacgaggcatgggtcacggaggtgagcgaaagccgtcaggacttaccgccaacac  tttcaggaacagcgcaatttgcgctgaggactgaccctaccctgattagtagcaat  ttgctgtccgcttgaatgtagccatgttgaatctccttatgttaatttaagaaaagt  ttggttactactga </p>
GC Content [Percent]	53.82
Preceding Gene	BASYS00035
Following Gene	BASYS00037
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00036
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p> &gt;Translated_344_residues  MTHRIFSDNLVSLIVRTTSALQSQVFQLDRTNRRRAVLEQANNVIQSNLNG-  SAGSRRESVL  LASRSVLTVITSTSSQVRNLNHFEAHHVTDSTALRVNKC-  LIVCSVRHQSSQNRGVVIRS  GVESTVSSRNVVVLGQSRSTNGQLSDNRFTQLNRVSQ-  VARGRLNQSQNGRLTETLNLVIGG  VRQVNQTSQFSQNSTVSRHRQRFTQLCGVLGANVVVVHRVNLNVNQN  RSQQAINVDYLL </p>

	GVFDILTFVIEVLTRFQVSSFGATNHRELCGLTRSNRAQHVTRHGHGGA- SESRQDFTAEH FQEQRFVRCGLTLTLISTNLLSALNVSHVESPYVNLKKS LVTT >Mature_343_residues THRIFSDNLVSLIVRTTSALQSQVFQLDRTNRRRAVLEQANNVIQSNLNG- SAGSRRESVLL ASRSVLTVITSTTSSQVRNLNHFEAHHVTDSTALRVNKC- LIVCSVRHQSSQNRGVVIRSG VESTVSSRNVLGQSRTSNGQLSDNRFTQLNRVSQVARGRLNQSQNGRL- TETLNVLIGGV RQVNQTSQFSQNSTVSRHRQRFTQLCGVLGANVVVVHRVNLVVNQNR SQQAINVDYLLG VFDILTFVIEVLTRFQVSSFGATNHRELCGLTRSNRAQHVTRHGHGGA- SESRQDFTAEHF QEQRFVRCGLTLTLISTNLLSALNVSHVESPYVNLKKS LVTT
No. of Amino Acids	Translated: 344 ; Mature: 343
Cys/Met Content	1.5 %Cys (Translated) 0.3 %Met (Translated) 1.7 %Cys+Met (Translated) 1.5 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 1.5 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 38163 ; Mature: 38031
Theoretical pI	Translated: 12.00 ; Mature: 12.00
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available

Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available

Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

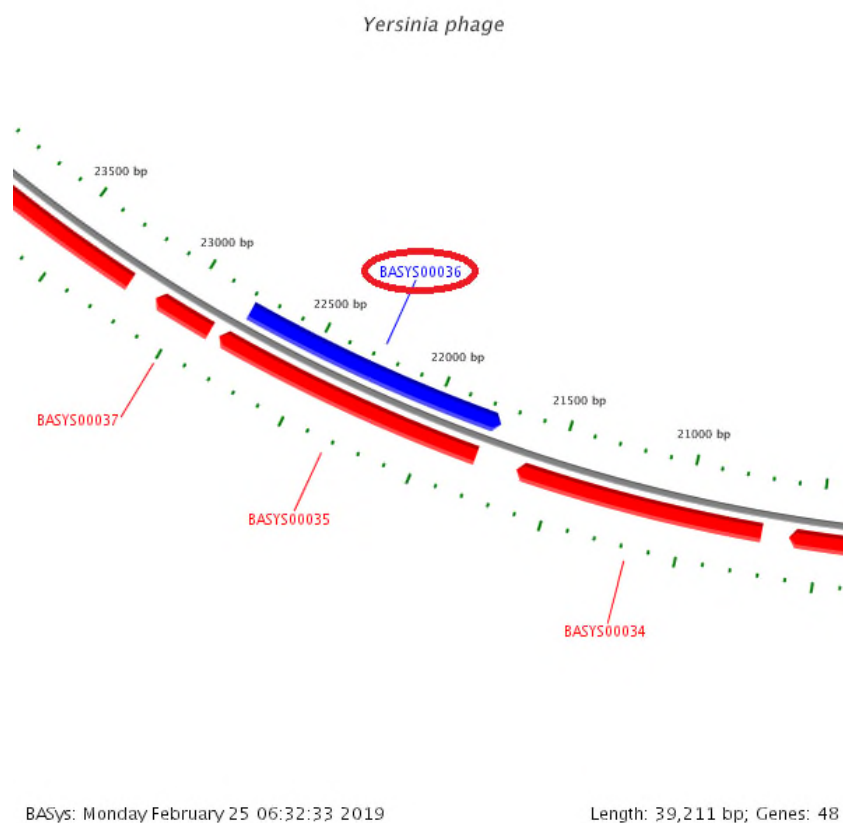


Рисунок 450 - Локализация BASYS00036 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

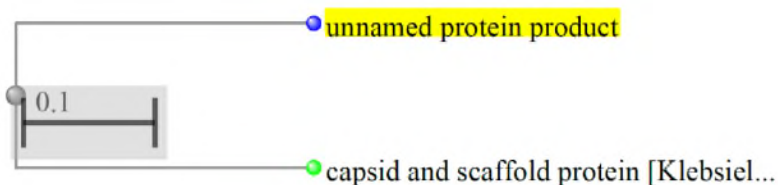


Рисунок 451 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00036 бактериофага *Yersinia phage Ye3-6f2*



Рисунок 452 - Конформационная структура BASYS00036 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2* (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00037**

Таблица 215 - Данные о протеине BASYS00037 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

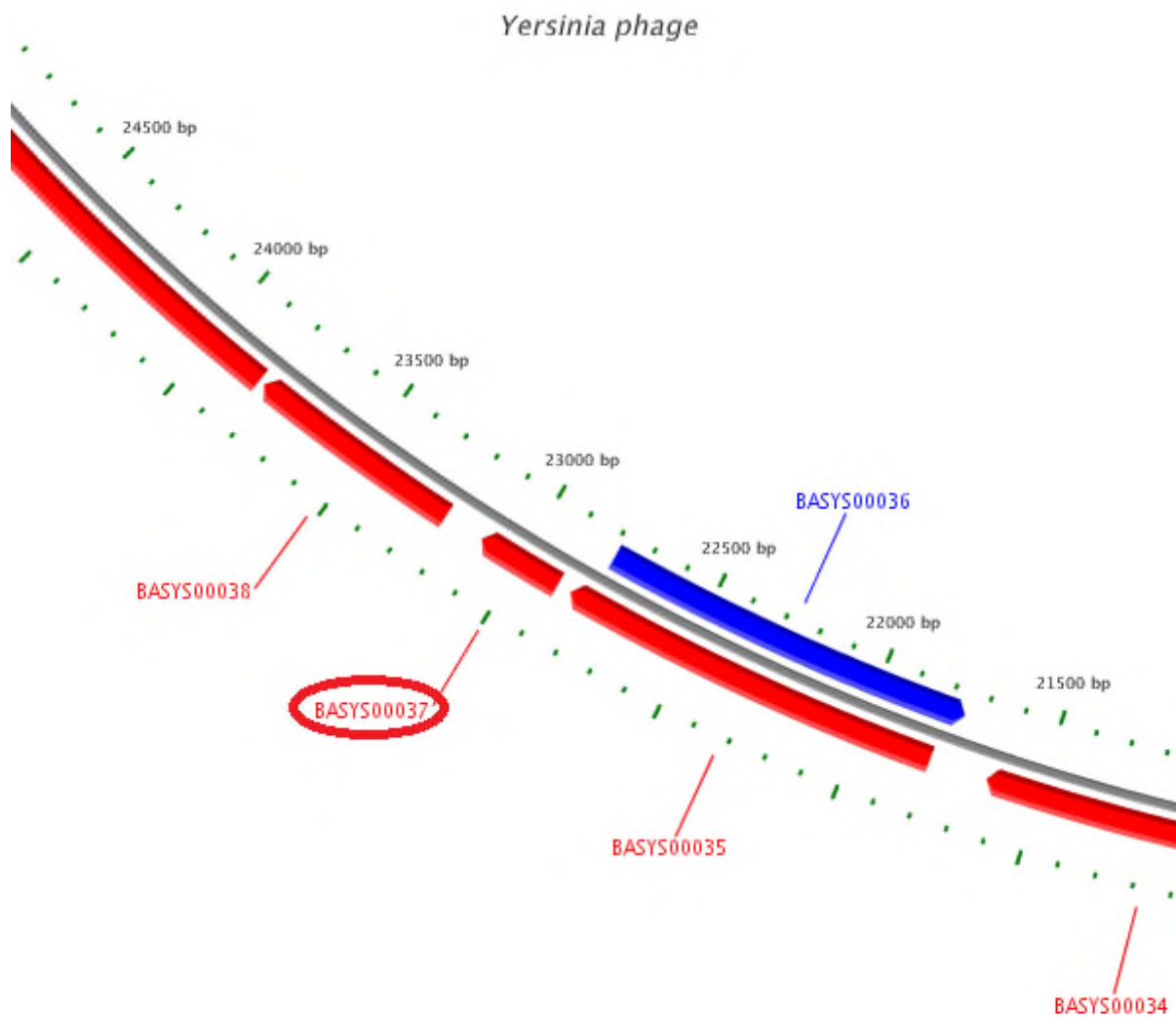
Creation Date	2019/2/25 6:26:57 GMT
Entry ID	BASYS00037.1
Accession No.	BASYS00037
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	22883-23116 (Clockwise)
Centisome Position	58.36
Gene Name	BASYS00037
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gtcacggcgggtctgctccagaagctgctggcgctatcgttctcccaaaggtgctggagt aattcccgaccccactggagttactcttagtcagaagact
Gene Sequence	atgagcttagacgttggggcttctaaagccctgacttctacggtaactccggctgatgca gtacagacagtgacctttacgtcttccaatgcaagattgccacggtcgatgcctctggt actgtaactgctgtggcgctggctccgctgacatcactgcgactactgtgaatggcctg acggctgtctgcaaggtcactgtgaaagcagtagagcctcccgtagaaggctaa
GC Content [Percent]	53.85

Preceding Gene	BASYS00036
Following Gene	BASYS00038
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	TPR Repeat-Containing Cell Adhesion Protein
Alternate Protein Names	Cell Adhesion Domain-Containing Protein
Sequence	>Translated_77_residues MSLDVGASKALTSTVTPADAVQTVTFTSSNAKIATVDASGTVTAVGAGSADITATTVNGL TAVCKVTVKAVEPPVEG >Mature_76_residues SLDVGASKALTSTVTPADAVQTVTFTSSNAKIATVDASGTVTAVGAGSADITATTVNGLT AVCKVTVKAVEPPVEG
No. of Amino Acids	Translated: 77 ; Mature: 76
Cys/Met Content	1.3 %Cys (Translated) 1.3 %Met (Translated) 2.6 %Cys+Met (Translated) 1.3 %Cys (Mature) 0.0 %Met (Mature) 1.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7424 ; Mature: 7293
Theoretical pI	Translated: 4.33 ; Mature: 4.33

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available



Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 453 - Локализация BASYS00037 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

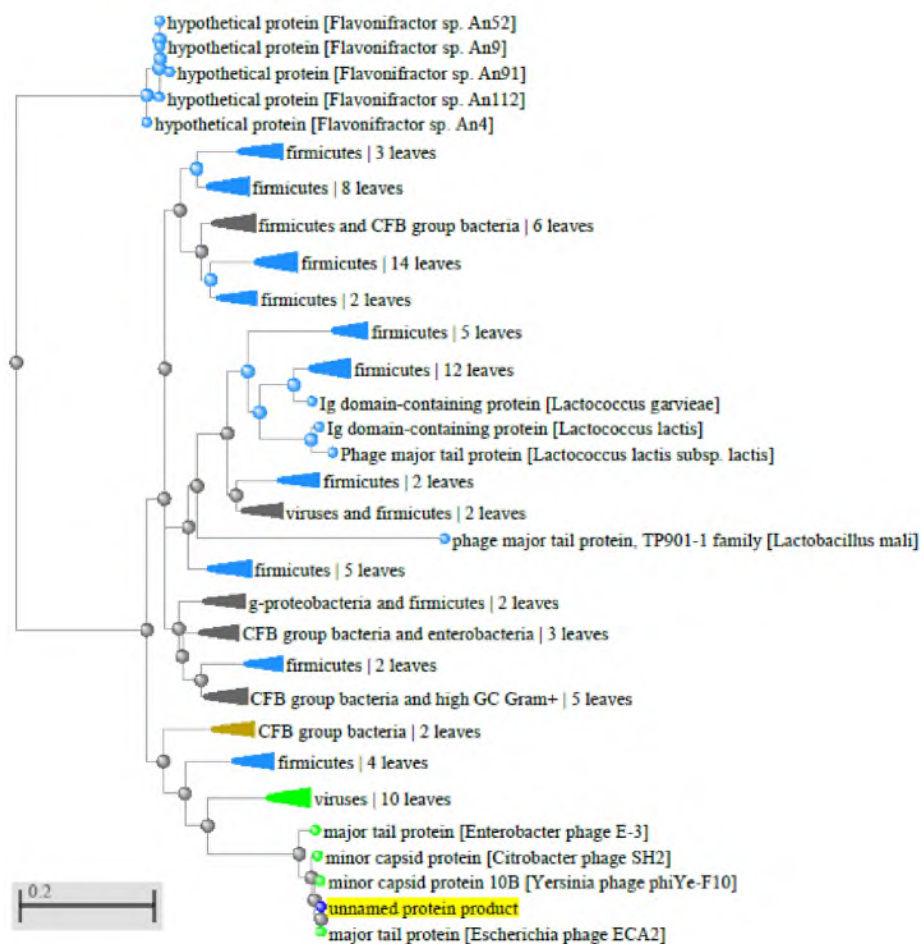


Рисунок 454 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00037 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2



Рисунок 455 - Конформационная структура BASYS00037 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00038**

Таблица 216 - Данные о протеине BASYS00038 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:27:11 GMT
Entry ID	BASYS00038.1
Accession No.	BASYS00038
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	23228-23818 (Clockwise)
Centisome Position	59.24
Gene Name	BASYS00038
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gggatttactttccttcattgctttatgaacccttgggtgcctctgagggtatctgag gggtttttgcttaaccctcactaacaggaggtaacatc
Gene Sequence	atgcgctcttatgagatgaacattgagaccgagaagagctatcagccgtcaacgacatt ctggcttccatcggtgagccaccagtatcgacccttgagggtgacgcaaacgctgatgtt gcaaatgctcgacgtgtgctcaacaagattaaccgacagattcagtcacgaggatggaca ttcaatattgaggaaggtgtgactcttctaccggatgcttctctggtatgattcattt agctctgactatctgtccgtgatggcaaccagcggtcagaccagtatatcaaccgtggt ggctatctctatgaccgctctgcaagactgaccgatttcttctggtgttcagggtcaac cttattcgtctgagagagttcgatgagatgctgagtgttccgaaactatatcgttacc aaggcttcccgcagtttaacaaccgcttctcgggtgcgccggaggtagacggagtggtg

	caggaagaggaacaggaagcatggcgtgcgtgcttcgagtacgagctagactacggtaac tacaacatgctggatggtgacgcattcacctctggtctacttaaccgctaa
GC Content [Percent]	50.42
Preceding Gene	BASYS00037
Following Gene	BASYS00039
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00038; BASYS00039
Protein Name	Tail Tubular Protein A
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_196_residues MRSYEMNIETAEELSAVNDILASIGEPVSTLEGDANADVANARRVLN- KINRQIQSRGWT FNIEEGVTLLPDAFSGMIPFSSDYLSVMATSGQTQYINRGGYLYDR- SAKTDRFPSGVQVN LIRLREFDEMPECFRNYIVTKASRQFNNRFFGAPEVDGVLQEEEQEAW- RACFEYELDYGN YNMLDGDRAFTSGLLNR >Mature_196_residues MRSYEMNIETAEELSAVNDILASIGEPVSTLEGDANADVANARRVLN- KINRQIQSRGWT FNIEEGVTLLPDAFSGMIPFSSDYLSVMATSGQTQYINRGGYLYDR- SAKTDRFPSGVQVN LIRLREFDEMPECFRNYIVTKASRQFNNRFFGAPEVDGVLQEEEQEAW- RACFEYELDYGN YNMLDGDRAFTSGLLNR
No. of Amino Acids	Translated: 196 ; Mature: 196

Cys/Met Content	1.0 %Cys (Translated) 3.1 %Met (Translated) 4.1 %Cys+Met (Translated) 1.0 %Cys (Mature) 3.1 %Met (Mature) 4.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 22234 ; Mature: 22234
Theoretical pI	Translated: 4.21 ; Mature: 4.21
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available

Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

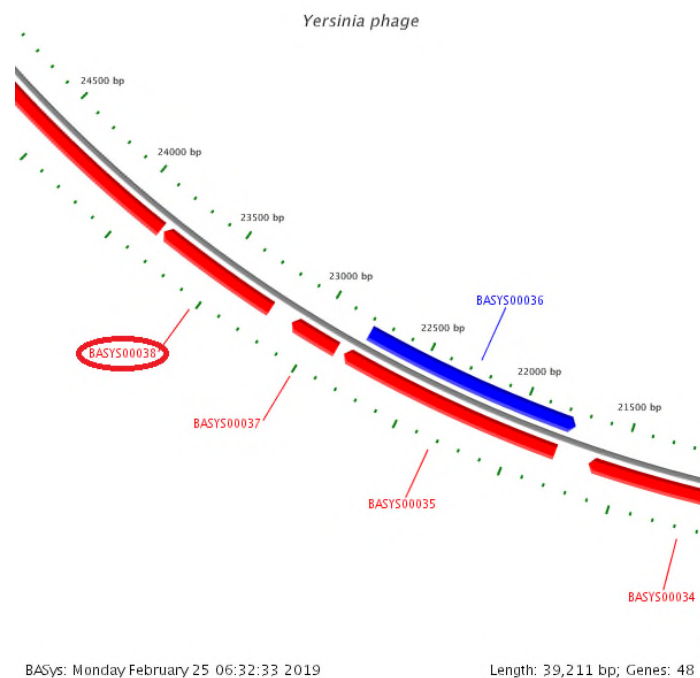


Рисунок 456 - Локализация BASYS00038 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*



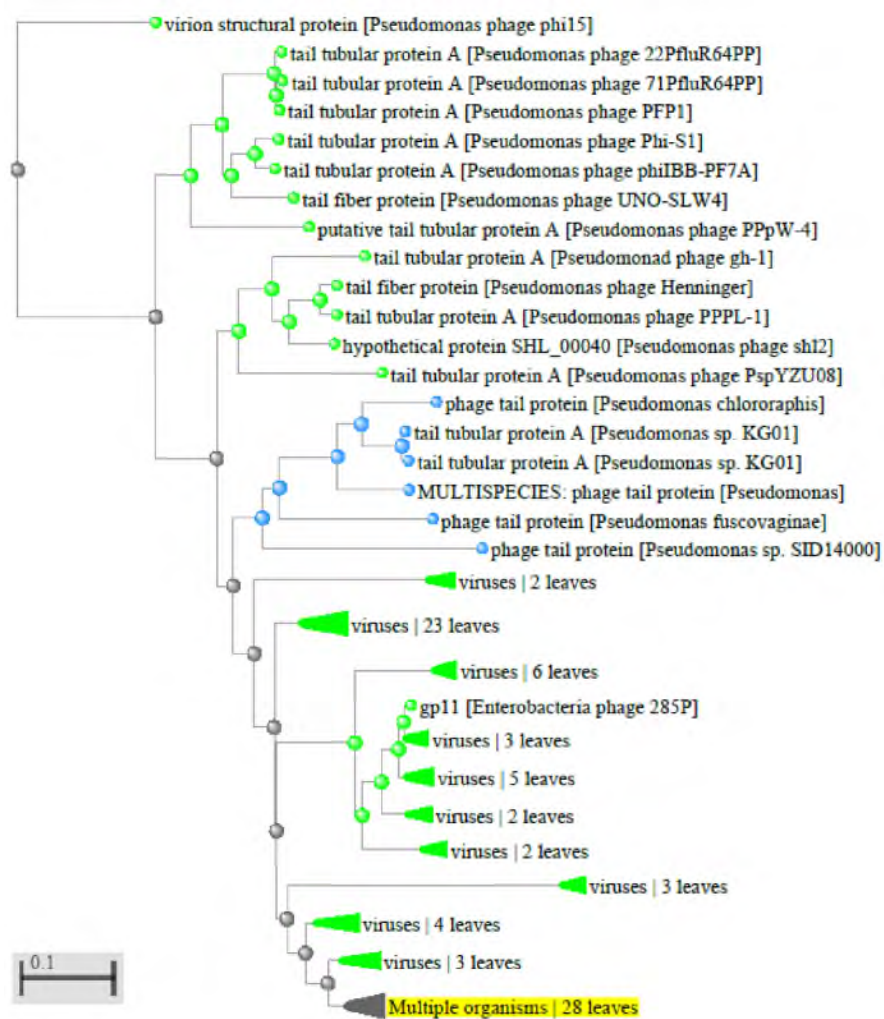


Рисунок 457 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00038 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2



Рисунок 458 - Конформационная структура BASYS00038 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00039**

Таблица 217 - Данные о протеине BASYS00039 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:27:31 GMT
Entry ID	BASYS00039.1
Accession No.	BASYS00039
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	23834-26239 (Clockwise)
Centisome Position	60.79
Gene Name	BASYS00039
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases tgcgtgcttcgagtacgagctagactacggtaactacaacatgctggatggtgacgcatt cacctctgggtctacttaaccgctaatacataaggaggctct
Gene Sequence	atggctctcattagtagtcaatcaatcaagaacctcaagggtggatcagccaacagccagat attctccggttcgctgaacaaggtagcgtgcagattaacggttggtcttctgagtcgag ggtctccagaagcgccaccgatgattcaccttaagacccttggccctgctgggtatgtg ggtgcgcaaccttacgtgcatcttatcaaccgtgatgagttcgagcagatattcgtgggtg ttcactggtgaagacattaagggttgcacctcgatggtaaggaataccaagtacgtgga gaccgctcttatgtacgaacagccaaccacgggaagaccttcggatggtaacggtggct gactatacctttgtgactaaccgcaagggtggtgtgcagagtaacgaccaatcggtcaac

	<p>cttcgggctttaagaccaaggcgatgctgctgattaatgttcgtggggcaatatggg  cgtagactctcaatcgagttcaacggggctgagcgtgctgctattcaactaccagacggc  tcacaaccagcacacgtcaatgaggtgacggtcaggccatcgtgagaagctggcggct  cagttgcggaataacctaggggaacccaaacaacgaacaaaaccaaataagtggcgcttc  aacgttggccccggattcatccatccttgcgccaataacgataacgttggggacta  cagactaaggatggttacgcagaccagctaataaccctgtaaccattacactcagtcg  ttccagaagttgctattaacgctccagatgggtacattgtgaagattgttggtgatacc  tcaaagactgccgaccagtattacgttaggttcgacctcaaccgtaaggtatgggtggaa  acaatcggtggaacacaaggactcacctgactaccaacgatgccttggggcgtggta  cgtgcttctgacgggaactttgacttcaaggtgcttgagtggggtgctcgactgtgggc  gatgatacaaccaaccataccatcgtttaccggacagacaatcaatgatattttcttc  ttccgtaaccgtttaggcttccttagtgagagaacatcatcttgtctcgacctcgaaa  tacttcaacttctcccggcctccgtgtcaactactccgacgatgaccaatcgacgtt  gcggttagccacaaccgggtgtcaacctgaagtatgccgttccgttctccaagagtta  ctctatggtctgaccaagcgcagttcgttctgacagcttctggtatcctttcagtcgc  tccgtagagttgaaccttacgactcagttcgacgtgcaagacagggcacgcccacatggt  gtaggacgtaatgtatactttgcatcacctcgcgcttccttcacgtccattaaccgatac  tatgcggtacaggatgtaagctctgtgaagaacgcagaggacatgacggctcacgttccg  aactacataaccgaatggagtattcagtatatcgggtacaaccgctgagaacttcgcggt  atccttacgagcggagcaccgaaccgggtgtatatctacaagttcctctatattgatgaa  gaaatcaggcagcagtcgtggtctcattgggactttggggacaacgttacgggtgttga  gcacaggtgataaactcaacaatgactgtattgatgagcaacgaacatgctgtgtggatg  ggacgcttgacttcacgaagaactccatagacattccgggagagccttacagattatac  atcgacgctaagaggaaatacaccatccctgccgggacgtataatgatgatacctaccag  acgtccataagcctcgacgcgatttatgggatgaacttactaagggtaaagtgtctgtg  gtcttcctgatggaaagattatagaggtagaaccgccaatcaacggttgagcagtgac  ccggtgttacgacttgatgggaaccaagagggccaagtggttacattgggttcaacatc  ccgttacttatacgttctgaagttcctcattaagaagactgctgaggacggctcgacg  gctaccgaggatattggtcgcttacagcttcggcgtgctgggtaaactatgaggactca  ggagcgttcacatccgtgtgaacaacctgtcccgtgagttcatctacacaatggctggc  gctcgttgggttctgacaatctgcgtgtggcaggtcgaacattggcacaggtcagtac  cgcttcccgttgttgaaacgctcagacgaacatagtaactatcgagtcagacgcatca  acccactgaacatcattgggtgctgggctgggaggggaactaccttctgcttcttctggc  atttaa</p>
GC Content [Percent]	50.29

Preceding Gene	BASYS00038
Following Gene	BASYS00040
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00038; BASYS00039
Protein Name	Tail Tubular Protein B
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_801_residues</p> <p>MALISQSIKNLKGGISQQPDILRFAEQGSVQINGWSSESEGLQKRPP-  MIHLKTLGPAGYV  GAQPYVHLINRDEFEQYFVVFTGEDIKVFDLDGKEYQVRGDRSYVRTAN-  PREDLRMVTVA  DYTFVTNRKVVVQSNQSVNLPGFKDQGDALINVRGGQYGRRLSIEFN-  GAERAAIQLPDG  SQPAHVNEVDGQAI AEKLA AQLRNNLGNPNNEQNPNKWRFNVGPGFIHI-  LAPNNDNVWGL  QTKDGYADQLINPVTHYTQSFQKLPINAPDGYIVKIVGDTSKTAD-  QYYVRFDLNRKVVVE  TIGWNTRTHLHYHTMPWALVRASDGNFDFKVLEWGARTVGDDTTN-  PYPSFTGQTINDIFF  FRNRLGFLSGENIILSRTSKYFNFFPASVSNYSDDDPIDVAV-  SHNRVSTLKYAVPFSEEL  LLWSDQAQFVLTASGILSSRSVELNLTTQFDVQDRARPHGVGRNVYFAS-  PRASFTSINRY  YAVQDVSSVKNAEDMTAHVPNYIPNGVFSISGTTAENFAAILTSGAPNR-  VYIYKFLYIDE  EIRQQSWSHWDFGDNVTVFAAQVINSTMVTLMSNE-  HAVWMGRLHFTKNSIDIPGEPYRLY  IDAKRKYTIPAGTYNDDTYQTSISLAAIYGMNFTKGKVSVVFPDGKIIIEVP-  PINGWSSD  PVLRLDGNQEGQVVYIGFNIPFTYTFKFLIKKTAEDGSTATEDIGRLQLR-</p>

	<p>           RAWVNYEDS            GAFTIRVNNLSREFIYTMAGARLGSDNLRVGRSNIGTGQYRFPVVGNAQT-            NIVTIESDAS            TPLNIIGCGWEGNYLRRSSGI            &gt;Mature_800_residues            ALISQSIKNLKGGISQQPDILRFAEQGSVQINGWSSESEGLQKRPP-            MIHLKTLGPAGYVG            AQPYVHLINRDEFEQYFVVFTGEDIKVFDLDGKEYQVRGDRSYVRTAN-            PREDLRMVTVAD            YTFVTNRKVVVQSNLPGFKDQGDALINVRGGQYGRRLSIEFNDAE-            RAAIQLPDGS            QPAHVNEVDGQAIAEKLAALRNNGNPNNEQNPNKWRFNVPVGFYHI-            LAPNNDNVWGLQ            TKDGYADQLINPVTHYTQSFQKLPINAPDGYIVKIVGDTSKTAD-            QYYVRFDLNRKVVVET            IGWNRTRHLHYHTMPWALVRASDGNFDFKVLWEGARTVGDGDTTN-            PYPSTGQTINDIFFF            RNRLGFLSGENIILSRTSKYFNFFPASVSNYSDDDPIDVAV-            SHNRVSTLKYAVPFSEELL            LWSDQAQFVLTASGILSSRSVELNLTQFDVQDRARPHGVGRNVYFAS-            PRASFTSINRY            AVQDVSSVKNAEDMTAHPNYIPNGVFSISGTTAENFAAILTSGAPNR-            VYIYKFLYIDEE            IRQQSWSHWDFGDNVTVFAAQVINSTMVLMMSNEHAWVMGRLHFTKN-            SIDIPGEPYRLYI            DAKRKYTIPAGTYNDDTYQTSISLAAIYGMNFTKGVSVVFPDGKIIIEVEP-            PINGWSSDP            VLRLDGNQEGQVVYIGFNIPFTYTFKFLIKKTAEDGSTATEDIGRLQLR-            RAWVNYEDSG            AFTIRVNNLSREFIYTMAGARLGSDNLRVGRSNIGTGQYRFPVVGNAQT-            NIVTIESDAST            PLNIIGCGWEGNYLRRSSGI         </p>
No. of Amino Acids	Translated: 801 ; Mature: 800
Cys/Met Content	0.1 %Cys (Translated) 1.2 %Met (Translated)

	<p>1.4 %Cys+Met (Translated)</p> <p>0.1 %Cys (Mature)</p> <p>1.1 %Met (Mature)</p> <p>1.2 %Cys+Met (Mature)</p>
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 89821 ; Mature: 89690
Theoretical pI	Translated: 6.53 ; Mature: 6.53
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00387</a> PPASE ; <a href="#">PS00237</a> G_PROTEIN_RECEP_F1_1
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic

Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available

Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

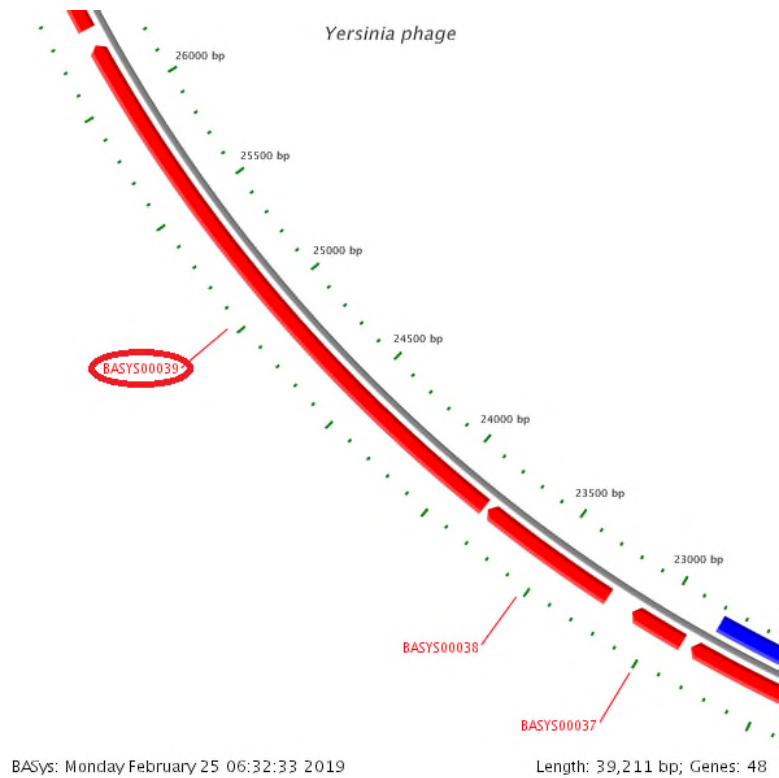


Рисунок 459 - Локализация BASYS00039 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*



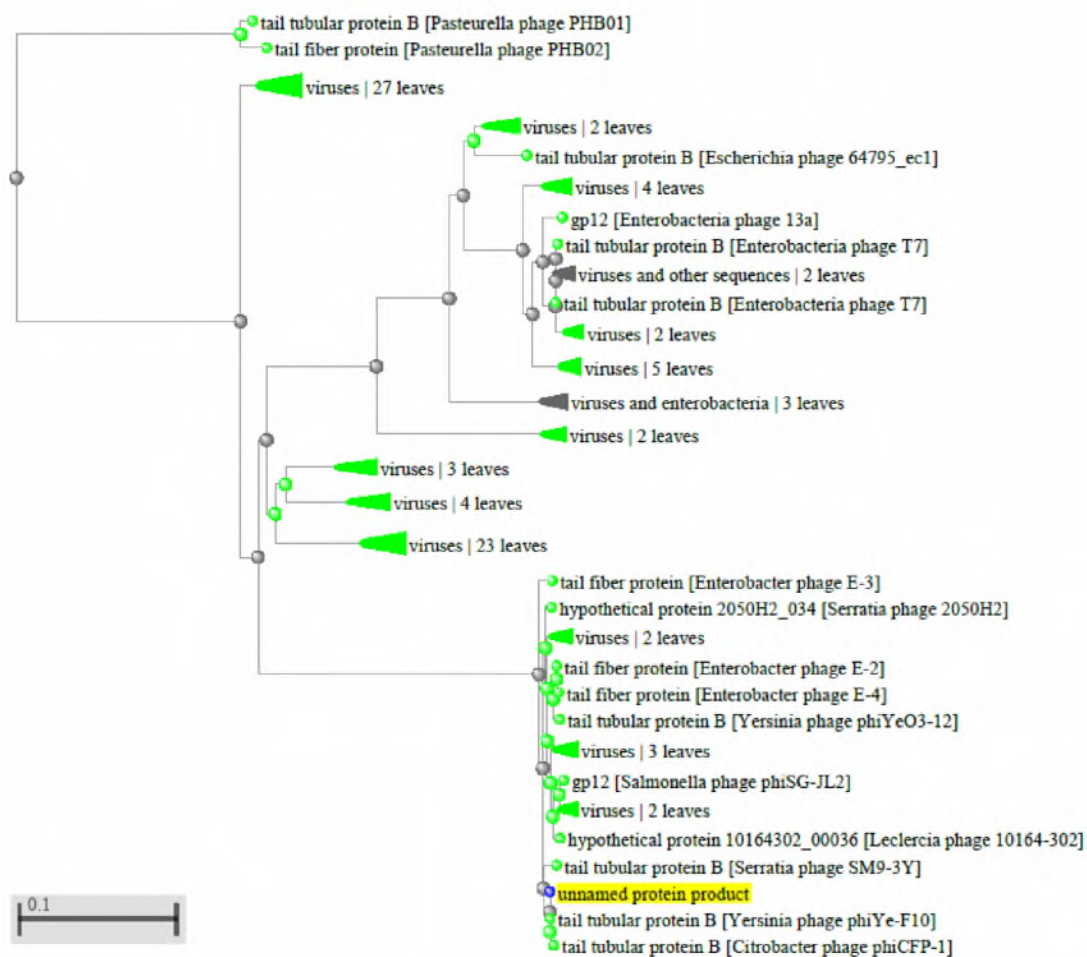


Рисунок 460 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00039 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2

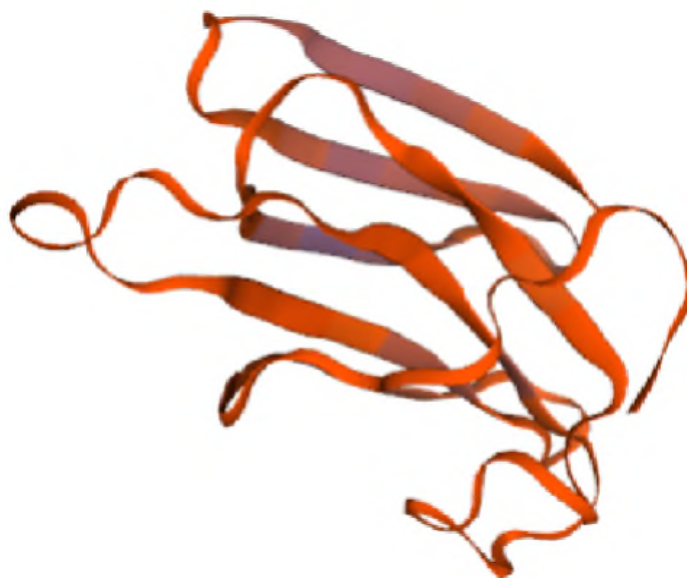


Рисунок 461 - Конформационная структура BASYS00039 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00040**Таблица 218 - Данные о протеине BASYS00040 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2* 6

Creation Date	2019/2/25 6:28:27 GMT
Entry ID	BASYS00040.1
Accession No.	BASYS00040
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	26312-26722 (Clockwise)
Centisome Position	67.11
Gene Name	BASYS00040
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases ctaccttcgctggttcttctggcatttaacttaaagtctccctgtggtgaattaaccctca ctaaaggagacactaatagatacgaggggttaaagcatt
Gene Sequence	atgtatattacaaagtgtttacaagaccacgctgacaactttcagccgtccatagaggac attctggaagcagaggcattgggtgtcgaacctaaagtaattcctgatgagaacactgtg gtaatgctcagcgataacgctgtgttggaattgggtggcaatcaggagaccgagtggtg ttccttacctctaagtacgtcccactgtttacctgaaggagcgcttagagtttcgtaga cttatcattgaatatcgtgatgatgctgagccagtagcaggtccatttgaatttcggtt tgggtaggcaataagtcacacattcgtttcctaaagaccataggcgcggtattccataat gagttaccgctgatggcaattccaattattcactatcagtaggaggtaa

GC Content [Percent]	43.80
Preceding Gene	BASYS00039
Following Gene	BASYS00041
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00040; BASYS00041; BASYS00042; yjbJ
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00040
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_136_residues  MYITKCLQDHADNFQPSIEDILEAEALGVEPKVIPDENTVVMLSDNAV-LAIGGNQGDRVW  FLTSKYVPLFTLKERLEFRRLIEYRDMMLSQYESIWNFVWVGNKSHIRFLK-TIGAVFHN  EFTADGQFQLFTISRR</p> <p>&gt;Mature_136_residues  MYITKCLQDHADNFQPSIEDILEAEALGVEPKVIPDENTVVMLSDNAV-LAIGGNQGDRVW  FLTSKYVPLFTLKERLEFRRLIEYRDMMLSQYESIWNFVWVGNKSHIRFLK-TIGAVFHN  EFTADGQFQLFTISRR</p>
No. of Amino Acids	Translated: 136 ; Mature: 136
Cys/Met Content	0.7 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 3.7 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 2.9 %Met (Mature) 3.7 %Cys+Met (Mature)

Molecular Weight [Daltons]	Translated: 15848 ; Mature: 15848
Theoretical pI	Translated: 5.20 ; Mature: 5.20
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available

Availability	Not Available
References	Not Available

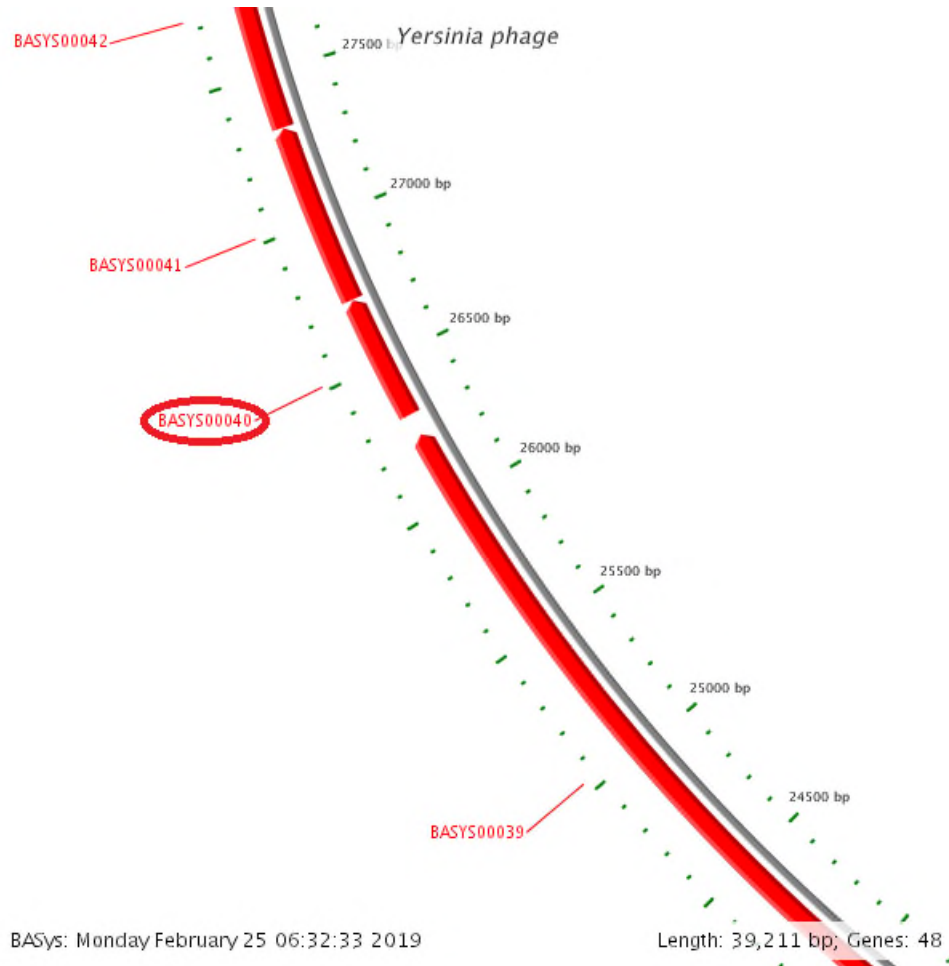


Рисунок 462 - Локализация BASYS00040 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

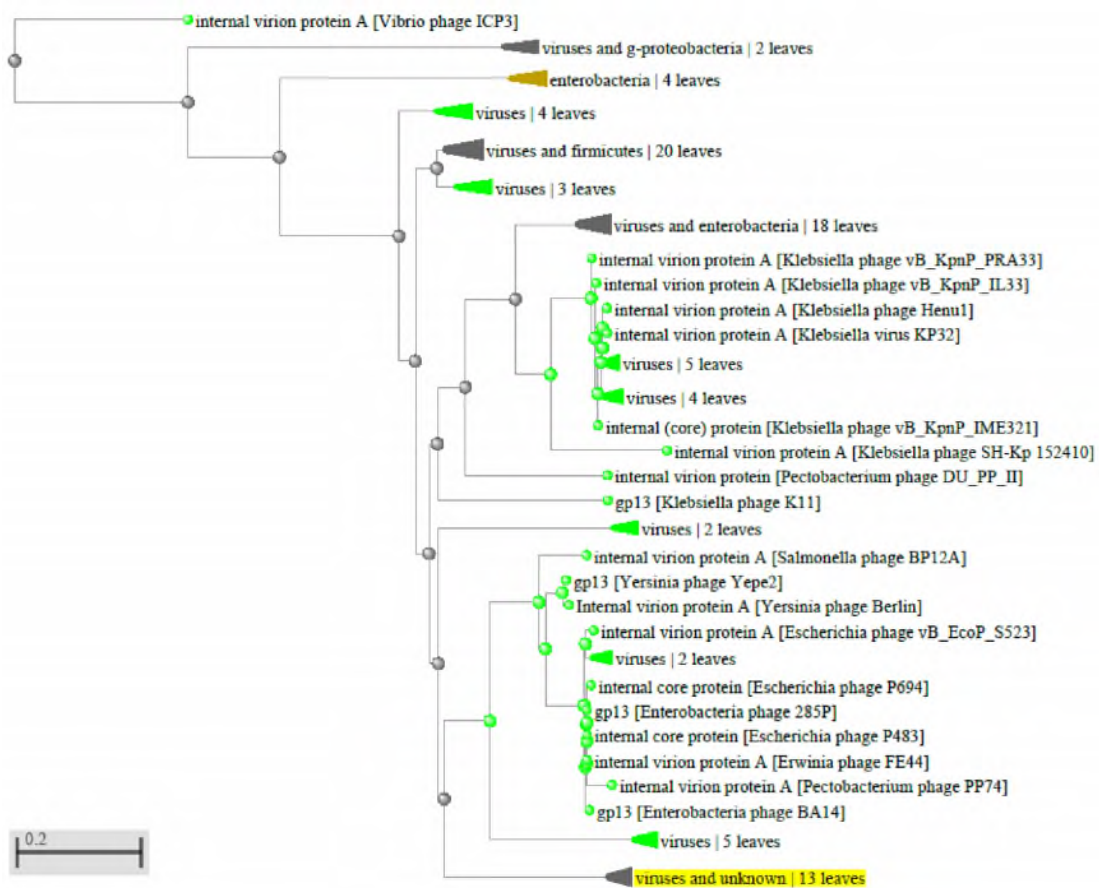


Рисунок 463 - Филогенетическое дерево гомологов BAYS00040 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2



Рисунок 464 - Конформационная структура BAYS00040 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## BASYS00041

Таблица 219 - Данные о протеине BASYS00041 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:28:47 GMT
Entry ID	BASYS00041.1
Accession No.	BASYS00041
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	26725-27318 (Clockwise)
Centisome Position	68.16
Gene Name	BASYS00041
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases agtcacacattcgtttcctaaagaccataggcgcggtattccataatgagtttaccgctg atggtcaattccaattattcactatcagtaggaggtact
Gene Sequence	atgtgctggatggcagcgattcctattgcatgatgggtgcccaagctctaagtagccag aacagtgctgacaaggcgcgagtgccacagaccgaagctggacgcagacaggcaatggag atggtcaaagaaatgaatatccaaaatgccaacgcctcgtggaacaacgggacgcctt gaagctgcatcctctgagttgacttcacgtaacatgcagaaggtacaggctatgggaacc atccgtgcagctattggcgagggtatgctagaaggtgagtcgatgaagcgcacatcaagcgt atcgaagagggcaactacattcgggaggcaaatagtgtcaccgagaattaccgccgagac tacgcgagtatctttgcgcaacagttgggacgcacgcagtcacagcaagtcaagtcgat



	gcaatatataagagcgaggccaaaggtaagtctggtctgatgcgtgtactagaccctctgtccattatgggtcaggaagctgcaagtcaatatgctgctggtggattgacaagaaaggtggaaaccaagcagcacctatcagtgccgccaaggaaccaagaccgggaggtaa
GC Content [Percent]	51.85
Preceding Gene	BASYS00040
Following Gene	BASYS00042
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00040; BASYS00041; BASYS00042; yjbJ
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00041
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_197_residues</p> <p>MCWMAAIPIAMMGAQALSSQNSADKARVAQTEAGRQAMEMVKEM-NIQNANASLEQRDAL</p> <p>EAASSELTSRNMQKVQAMGTIRAAIGEGMLEGESMKRIKRIEEGNYI-REANSVTENYRRD</p> <p>YASIFAQQLGRTQSTASQVDIAIKSEAKGKSGLMRVLDPLSIMGQEAAS-QYAAGGFDKKG</p> <p>GNQAAPISAAKGTKTGR</p> <p>&gt;Mature_169_residues</p> <p>AQTEAGRQAMEMVKEMNIQNANASLEQRDALEAASSELTSRNMQKV-QAMGTIRAAIGEG</p> <p>MLEGESMKRIKRIEEGNYIREANSVTENYRRDYASIFAQQLGRTQSTASQV-DIAIKSEAK</p> <p>GKSGLMRVLDPLSIMGQEAASQYAAGGFDKKGGNQAAPISAAKGTKTGR</p>
No. of Amino Acids	Translated: 197 ; Mature: 169

Cys/Met Content	0.5 %Cys (Translated) 6.6 %Met (Translated) 7.1 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 5.3 %Met (Mature) 5.3 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 21220 ; Mature: 18285
Theoretical pI	Translated: 9.86 ; Mature: 9.87
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min /mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available

Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

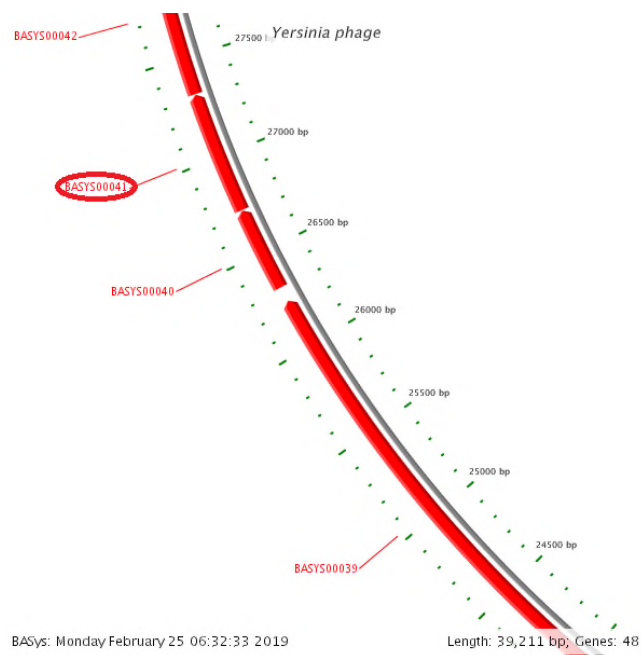


Рисунок 465 - Локализация BASYS00041 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*



Рисунок 466 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00041 бактериофага Yersinia phage Ye3-6f2

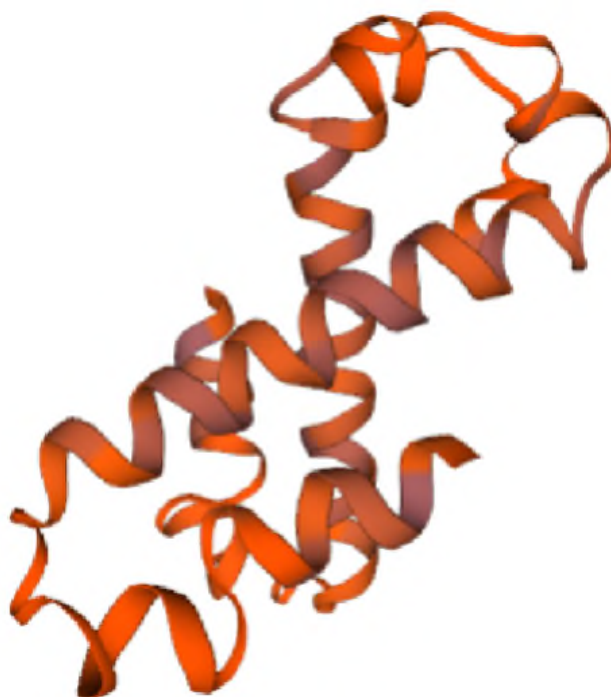


Рисунок 467 - Конформационная структура BASYS00041 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00042**

Таблица 220 - Данные о протеине BASYS00042 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:29:6 GMT
Entry ID	BASYS00042.1
Accession No.	BASYS00042
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	27321-29564 (Clockwise)
Centisome Position	69.68
Gene Name	BASYS00042
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aagctgcaagtcaatatgctgctggtggattgacaagaaaggtggaaaccaagcagcac ctatcagtgccgccaaggaaccaagaccgggaggttaata
Gene Sequence	atggctagtaaactaaatagtgtttaggcaacatggcgactcccggatggaacgactc cggggcgtcaaaggtatggactaccgggcagcaaccattcaggctgaacaaccaagagcg agtcttctggactccattggtcgattcgctaaggctggtgccgatatgtacatggcgaaa gatgaacgtgataagcaacgagccgatgagcgctccaacgagattaccgtaagctgacc cctgagcagcggcagaggctatccagaatggtaactgctgtatcaggatgaccatac gcaatgcaagcctgaagttcaagaccgggcgtaatgctgcgttcctcgttgacgatgag gttcaacaggccatcaaagagggtcgcttcgtactcgtgaagagatggagcagtatcgt

	<p>cactcacgcctacaggagcactcgaagtcgctcgctgagcagttcggcatcaatgagatg  gacgaggagtaccagaagggttcaatgcaacatcaccgagcgtaacattgctctgtat  ggggcacatgataccttctgagtgaccaagcgcagaagggtgcaatcctgaactcgaag  gttgaactcaatggcgtcctgtctgacacctgactactgtctcgtcctgagtcgggtgag  ttcttccagaactacattgacaactccttggtgacagggatgaccgacaatcagggtcaa  caggtcatctcttctgcccgaatgacgtgctacagcgtccgggtggtgcccttcttg  cagaacattgagaaccgcaaggtgactttaatggcgctacgactacctatcgtgaactg  atgggtgacgaacagtggcaggcaatgatgattaaggcacagcacactcaattccagaac  aacgcgaagttaacagagaagttccgactggatattaactcagcgttaaccaagcggac  actggttaagggtgggagactcttcaaggtatcaaggccgaactcgataagattcagccg  ggtgaagagatgactcctgagcgcgagtggttgatttccgcacaggaacagatgcgaca  cgcttcaagcaggaacaggctgagacagccaagctgatggacaagcaacagaagaccctg  aataaatctttggtcatcgacaagcagttccagaagcgcctcaacggtgaatacgtctcg  accaactataaggacatgccaccaacgagaacactggtgagttacacatagcgatatg  gtcaactacgcgaaccagaagttagcggaaatcgaagcgatggacttaacgccagaacag  aaagacaaactgaaattggactacctacgggcagactccaaggagggtgctttccgtgca  gcgtttggtgagatgattactgatgctggaaacgaatggcaggctcgggtgattaacggt  aagatgcctgagagcacaccagcgatggacaaccttctcgcacatccgcaacactgacct  gacctgattgcctctctgtatcctgacaaggccgagttgttctgactatggacatggtg  gataaccaaggcatcgacacgcaggttcttatcgacgctgataaggcccgcgcacagaag  accaaggagatgcagtttgaggatgaccgagcgtgggctgctatgatgaacgattcaacg  aatcctcaaatcaagtacatgccttcgagtgccaagggtatgcccggaagatttatgat  tccgtgaagtaccggacaggaaccctgacatggcgcactgaacaggtcgaagttcctc  tctgattcaacgactacgttctccagtagtgatggtgagggtgatacctatggtgtcctg  ccgaagaacatcctgactgttccggatgaccctaagtctggtgggaacaggggaagaacatt  ctggacgaagcattaagagaatcacagaggctaaccctggattaccaacaagcaactg  acggtgtaccagcaggggatgcaatctacctgatggacacaaccgggcaggttcgcact  cggttcgaccaagagtactcaaacgcgaataaccagcgcaccgcacaggcgcaggccgag  gcagcacgagagaaaaccctcaaagaggccaacaagcgtgcccgaatcagccgtgtacca  caggcgcgtgaagaagcgcgtaaacgtgtccaagagaaacggaagaagactccgaagtac  atctatggacgtaaagaagactaa</p>
GC Content [Percent]	51.69
Preceding Gene	BASYS00041

Following Gene	yjbJ
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00040; BASYS00041; BASYS00042; yjbJ
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00042
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_747_residues</p> <p>MASKLNSVLGNMATPGMERLRGVKGM DYRAATIQAEQPRASLLDSIGR-  FAKAGADMYMAK  DERDKQRADERSNEIIRKLTPEQRRQAIQNGTLLYQDDPYAM-  QALKFKTGRNAAFLVDDE  VQQAIKEGRFR TREEMEQYRHSRLQEHSKSFAEQFGINEMDEEYQKGFNA-  NITERNIALY  GAHDTFLSDQAQKGAILNSKVELNGVLSDPDLLSRPESGEFFQ-  NYIDNSLVTGMTDNQAQ  QVISSSLNDVLQRPGGAAFLQNIENRKVTLNGATTTYRELMGDEQWQAM-  MIKAQHTQFQN  NAKLTEKFRLDINSALNQADTGKGWETLQGIIKAELDKIQPGEEMTPEREW-  LISAQEQMRT  RFKQEQAETAKLMDKQQKTLNKS LVIDKQFQKRLNGEYVSTNYKDMPT-  NENTGEFTHSDM  VNYANQKLAIEIAMDLTPEQKDKLKDYL RADSKEGAFRAAFGEMITDAG-  NEWQAAVING  KMPESTPAMDNLRRIRNTDPDLIASLYPDKAELFTMDMLDNQGIDTQ-  VLIDADKARAQK  TKEMQFEDDRAWAAMMNDSTNPQIKYMPSSVQGYARKIYDSV-  KYRTGNPDMATEQVAKFL  SDSTTTFSSSDVEGDTYGVLPKNILTVSDDPKSWEQGKNILDEAIKRIT EA-  NPWITNKQL  TVYQQGD AIYLMDDTTGQVRTRFDQELLKREYQR TAQAQAEEAAREKAL-  KEANKRAPISRVP  QAREEAR KRVQEKRKKTPKYIYGRKED</p>



	<p>&gt;Mature_746_residues</p> <p>ASKLNSVLGNMATPGMERLRGVKGM DYRAATIQA EQPRASLLDSIGRFA- KAGADMYMAKD</p> <p>ERDKQRADERSNEIIRKLTPEQRRQAIQNGTLLYQDDPYAMQALKFKTGR- NAAFLVDDEV</p> <p>QQAIKEGRFRTREEMEQYRHSRLQEHSKSFAEQFGINEMDEEYQKGFNA- NITERNIALYG</p> <p>AHDTFLSDQAQKGAILNSKVELNGVLSDPDLLSRPESGEFFQ- NYIDNSLVTGMTDNQAQQ</p> <p>VISSSLNDVLQRPGGAAFLQNIENRKVTLNGATTTYRELMGDEQWQAM- MIKAQHTQFQNN</p> <p>AKLTEKFRLDINSALNQADTGKGWETLQGIIKAEIDKIQPGEEMTPEREWLI- SAQEQMRTR</p> <p>FKQEQAETAKLMDKQQKTLNKSVIDKQFQKRLNGEYVSTNYKDMPT- NENTGEFTHSDMV</p> <p>NYANQKLAIEAMDLTPEQKDKLKL DYLRADSKEGAFRAAFGEMITDAG- NEWQAAVINGK</p> <p>MPESTPAMDNLRRIRNTDPDLIASLYPDKAELFTMDMLDNQGIDTQVLI- DADKARAQKT</p> <p>KEMQFEDDRAWAAMMNDSTNPQIKYMPSSVQGYARKIYDSV- KYRTGNPDMATEQVAKFLS</p> <p>DSTTTFSSSDVEGDTYGVLPKNILTVSDDPKSWEQGNILDEAIKRIT EA- NPWITNKQLT</p> <p>VYQQGD AIYLM DTTGQVRTRFDQELLKREYQR TAQAQAEAAAREKAL- KEANKRAPISRVPQ</p> <p>AREEAR KRVQEKRK KTPKYYGRKED</p>
No. of Amino Acids	Translated: 747 ; Mature: 746
Cys/Met Content	<p>0.0 %Cys (Translated)</p> <p>4.0 %Met (Translated)</p> <p>4.0 %Cys+Met (Translated)</p> <p>0.0 %Cys (Mature)</p> <p>3.9 %Met (Mature)</p> <p>3.9 %Cys+Met (Mature)</p>

Molecular Weight [Daltons]	Translated: 85188 ; Mature: 85056
Theoretical pI	Translated: 5.42 ; Mature: 5.42
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available

PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0

TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

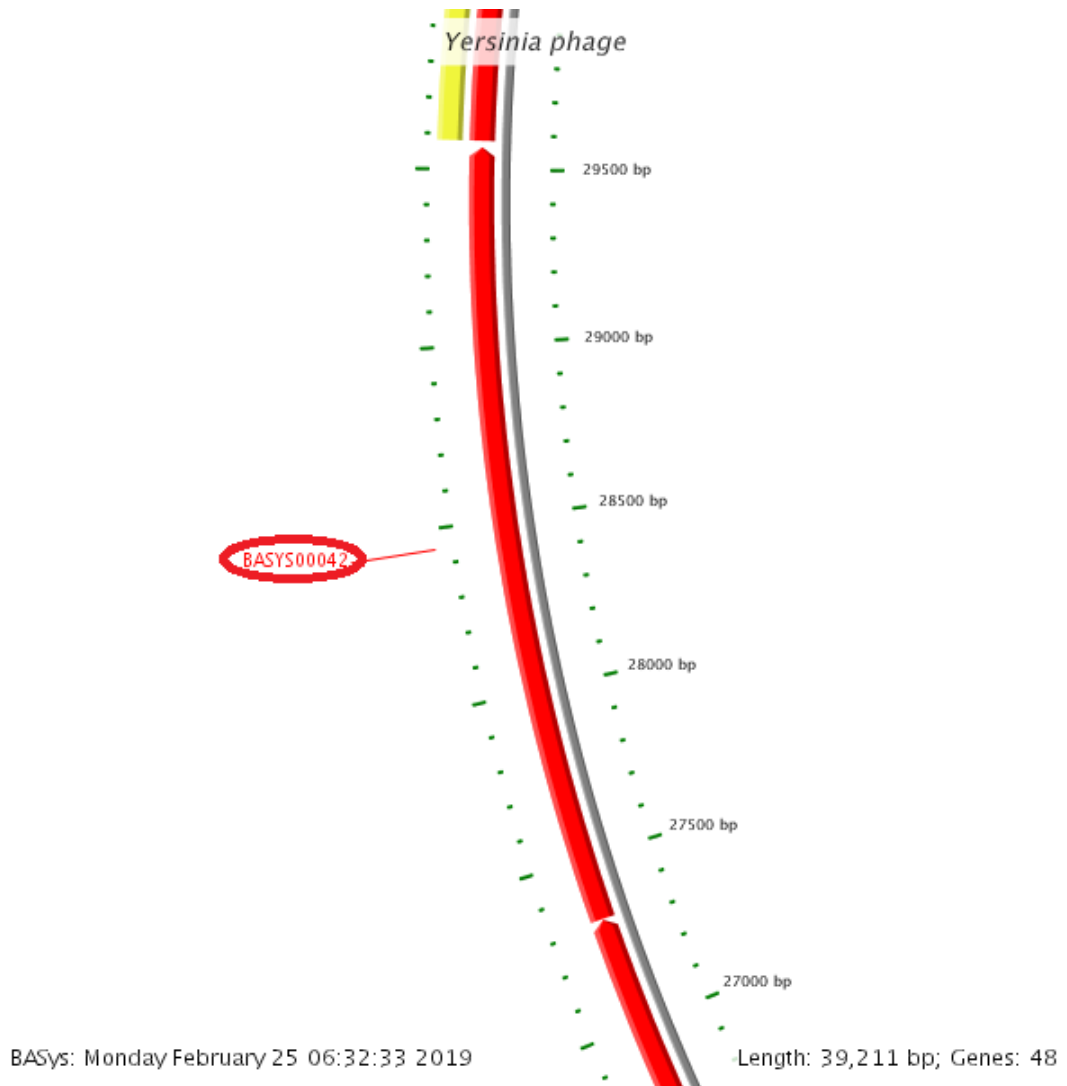


Рисунок 468 - Локализация BASYS00042 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

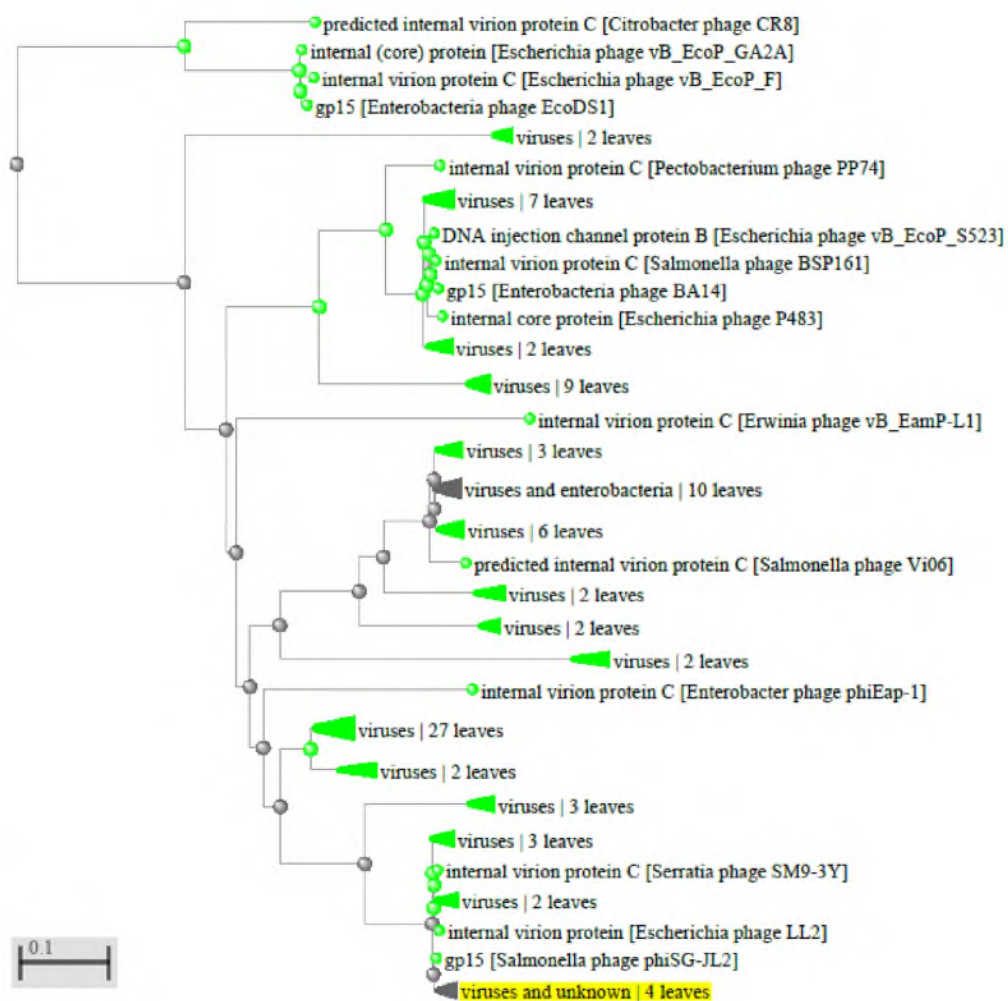


Рисунок 469 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00042 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-6f2



Рисунок 470 - Конформационная структура BASYS00042 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## yjbJ [H]

Таблица 221 - Данные о протеине BASYS00043 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:29:51 GMT
Entry ID	BASYS00043.1
Accession No.	BASYS00043
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	- InterPro: <a href="#">IPR023346</a> - InterPro: <a href="#">IPR008258</a> - InterPro: <a href="#">IPR000189 [H]</a>
Gene Position	29583-33545 (Clockwise)
Centisome Position	75.45
Gene Name	yjbJ [H]
Alternate Gene Names	BASYS00043
Upstream 100 Bases	>100_bases ggcgcgtgaagaagcgcgtaaactgtccaagagaaacggaagaagactccgaagtacat ctatggacgtaaagaagactaacagtgataaggaggctcc
Gene Sequence	atgagctacgataagaacaaacctagcgagttcgacgggtatttcaaaaagcggcagac aaacatggggtctcctatgacctgctcgtaaattggcattcaacgaatccagctcaat ccaaaggccaaatctccaactggcccgaagggtctcatgcagttaccaagggtacagcc actgcgctgggactcaaggctactgatgcagacgatgatgaccgttacaaccctgagttg gctgtggatgcagccgctcgtcacctgagtacctcattcgtaaatacgatggggatgag cttaaggcagccctagcgtacaaccaaggcgagggcagaaatgggtgccctcagatgcag

gcctacgacaaaggtgattggcctcaatctctgaggaaggtcgtaactatatgcgcaac  
ctgatggacgtagctaacagtcctcgcaaggggacttggaggcggttcggcggtatcacc  
caaaggctaagggcattccatctggggatgatttctggaatcgggagaagcagacg  
gtaggcactgacctgccggagtcaactggattcaaagtgagggttaaggagcagaaagca  
cctaactgccttatgctaaggacttttgggaaaagactggaacaacgctggacgagttt  
aacgcacggttcaccttctcggaattggatgcaacaagtgctgagcttcacaactct  
gtacttggagttgcttccgtgcagcccgtagcgacgatggtttgatttgtcaaggac  
accattacgctaccggttgaatatccacacttggacgccagaagagctagagcgaatc  
cgtaaggaagtgaagaaccagcgtatatcaacgtagtactggaggctctctgagaat  
ctggacgccctcattaagatggcgaatgacaactatgagatggatgcgcggtctgccgat  
gctggtgtggggccaaacttactgctggtatcgctcggcgctggtgtagaccgctgagt  
tacgttccgctagtaggcgtagccgggaagggctcaaggtggtaacaaggcgttcgct  
gttggtactcaaagcgtggattagcgattgcatctgagggtatccgtacatcaatagct  
ggtggtgaagcacactacgctgatgctgctttaggtggtctcatgttcggtgctggtatg  
agtgaatcagtgacgctatcgctgctggtattcgccgttccgctgggactgaggttgtt  
aatgacttcgctcctatggcacaccgcttgaagcccgtgagaccgctctgaactctggt  
ggggaagacctgaccgctatgcctagcgagaaccgtgtgttcgaccgtgagcacgctggc  
gttgagtattcacctctggagacagagccgggtgccgttgtgttcctcaaggtcaaatc  
ctgagcgacaccaaccactgaaccctcagactcttagcgagttcgaggcggtaaccct  
gagcgtgccgctcgtggtatctcttgggtggttctactgagattggcttgaagactctc  
cgctctgagaaccgactgttcgctccattgcgagtgaccttgtcgttctccaacaggg  
atggaatcaggctctaattgtaagttcgggtgcgactgcttctgacattaaggagcggctc  
cacgcaacaatcagcgcacctacaaccagctttatgatgctgtgctactgcaatgaaa  
gaccctgagttctccacaggtggggccacaatgagccgtaaggaaatccgacaggaatc  
tacaagcgtgcagccttggcgattgagcgacctgagcttcaagcaaacctgaaaagggt  
gagcggaaacgtgatgaacatcctcaagcagcactttgacctcaaacgtgaaatcatggag  
aaccgctcaatcttcggcaacaccaaggcggctcagatcttccccggtcacgccacaag  
ggaacctacgtgcaaacgtgtacgaccgctatcaagattgagatgggttaaacgttac  
ggtaatgatggcttgcagcgagcaatcgcgagtcaggttgacgtcttatcgtgctcgt  
ccagaagtcaaggcaggggtcgatgagtagctgagtaactaacggtctcaaatccgtg  
caggaagttacgctgagatgggtcagaagcacgcatggataaggcgtatggtattca  
cacactgaccagttctctgcctcctctgtcattgaggataacattgagggtctggtgggt  
atcgagaacaacaacttcttgaagcccgtaacatgttcgacagtgacatggcgggtgact  
ctcctgatggtaaacagttctctgtgaatgacctgcgtacctatgacatggctgaaatt  
ctgcctgcatacagaccgacgagtagatgggtgatgttgcaatcatgggtggttccggttaag  
actaccaagacctgaaagatgaaatcatggcgtggataagcagtcagagggcaaccggc  
aactgaaaggtgaagtgaagctctcaaggacaccgtgaagattctgactggctcgtgct

	<p>cgtaggaaccggaaggcgcttggggtacagccctgcgctccgtaaataacacctcacgttcttgtaagaacgcctacatgggcgcacagaacgttactgaaatcgctggatgctggcgaaggtaacgtctctgcggtactcatggcatccctatgattaacgattgggtcaaccgtggtaaaccgcttcgtgcctctgagattaaggagatacacgggatgggttcgtaaggaaactagaccaactaatccgtccgggacgtgaagaccacgtgcgccgactccgggagtctacgacaccagcgtgcggttgccaatgtggtcggtacgattcgtttcggtactcaagagttggctgcacgctctccttggacaatgctcctaaatggaacatcaaactacattcttgatgctgccgctcaggtgtgcttggggatgtggctggagcggcacttgctgggaaagcctctaagttcgtaaggcaaactacctaagtctgcctctatcagccctgagcagtgaggatggaataagcagttgtcagagactatgcgactcgtggggaagacggttaagttcaccattcgtgacaaacaggcttcgtaacgaccctcgctcgatggactgtggcgactggctgacaaagtggcggatgagactatactgcgccctacaaggttctcacaggacgcaaagcgttcggtgcatgggtgaagatggatgagcagtttaagaacttcgtcatcaagtccttaactcccgttcgtccgtagcttctacgaggcaactaagaacaaccgtgcgttagaccaagcgttgactcatatcatctccttgggtctagctggtggttactacattgggcaggcgcaccttaaggctgcaagtctacaggagcacaacgtaaggagtagccttaagaacgcccttgaccctaagatgattgctcatgcgtcaatctctcgtagttcacacttaggctcaccattgagtatctacgatatgttcgctgggatggctggtagcgatacctataagtagcaccgctctacgggtactccctaaagagtcgagaagcgtgaccctaacaaggcggtagacaggtgagcaggtggttcaactatcgaggtgcagttggtgagcaggtccgggttaggtttgtgggtctgtgggcgcaacagcaattaacgccgctccctactgtcttctccaacaaggctaccgctctggagttcgtacaggactctcaacacatctctgtgagttgattcctaatagaccgctatcgagcaactcattatgaaaatctacgaggccaacgggtatccgtataaaggagacgccgaagaacaataa</p>
GC Content [Percent]	52.26
Preceding Gene	BASYS00042
Following Gene	BASYS00044
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00040; BASYS00041; BASYS00042; yjbJ



Protein Name	Putative murein lytic transglycosylase yjbJ [H]
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	<p>&gt;Translated_1320_residues</p> <p>MSYDKNKPSEFDGLFQKAADKHGVSVDLLRKLAFNESSFNP-  KAKSPTGPKGLMQFTKGTA  TALGLKVTDADDDDRYNPELAVDAAARHLSDLIRKYDGDELKAALAYNQ-  GEGRNGAPQMQ  AYDKGDWASISEEGRNYMRNLMDVANSRKGDLAFAFGGITPKAKGIPSG-  DAFAGIGKKQT  VGTDLPESTGFKVEGKEQKAPNVPYAKDFWEKTGTTLDEFNARSTFFGIG-  DATSAELHNS  VLGVAFRAARSDDGFDLFDKDTITPTRWNIHTWTPEELERIRKEVKN-  PAYINVVTGGSPEN  LDALIKMANDNYEMDARSADAGVGAKLTAGIVGAGVDPLSYVPLV-  GVAGKGLKVVNKAFFV  VGTQSAGLAIASEGIRTSIAGGEAHYADAALGGLMFGAGMSAISDAIAA-  GIRRSRGTEVV  NDFAPMAHRLEARETALNSGGEDLTRMPSENRVDFREHAGVEYSPLETEP-  GAVVLPQQQI  LSDTNPLNPQTLSEFEAVNPERAARGISLGGFTEIGLKTLRSENPTVR-  SIASDLVRSPTG  MESGSNGKFGATASDIKERLHANNQRTYNQLYDAVRTAMKDPEFSTG-  GATMSRKEIRQEI  YKRAALAIERPELQANLTKGERNVMNLIKQHFDLREIMENPSIFGNTKAV-  SIFPGSRHK  GTYPNVYDRAIKIEMVKRYGNDGLQRAIAESWLTSYRARPEVKARV-  DEYLMELNGLKSV  QEVTPEMVQKHAMDKAYGISHTDQFSASSVIEDNIEGLVGIENNN-  FLEARNMFDSDMAVT  LPDGNTFSVNDLRTYDMAEILPAYDRRVDGDVAIMGGSGKTTKDLKDEI-  MALDKQSENG  TLKGEVEALKDVTKILTGRARRNPEGAWGTALRSVNDLTFFAKNAYM-  GAQNVTEIAGMLA  KGNVSAVTHGIPMINDWVNRGKPLRASEIKEIHGMVFGKELDQLIRP-  GREDHVRRLREST</p>

DTSAAVANVVG TIRFGTQELAARSPWTMLLNGTSNYILDAARQGV LGD-  
VAGAALAGKASK  
FGKANYLK SASISPEQWSGIKQLFRDYATR GEDGKFTIRDKQA-  
FANDPRSM DLWRLADKV  
ADETILRPHKVSSQDAKAFGAWVKMVMQFKNFVIKSLNSRFVR-  
SFYEATKNNRALDQALT  
HIISLGLAGGYIGQAHLKAASLQEHKRKEYLKNALDPKMIAHA-  
SISRSSHLSPLSIYD  
MFAGMAGSDTYKYTRSTVLPKESEKRDPNKAVTGRQVASTIAGAV-  
GEQVPGLGFVGSVGA  
TAINAASLLSSPNKATALEFRTGLFNTSRELIPNDPLSQQLIMKIYEANGIRI-  
KETPKKQ

>Mature\_1319\_residues

SYDKNKPSEFDGLFQKAADKHGVS YDLLRKLAFNESSFNP-  
KAKSPTGPKGLMQFTKGTAT  
ALGLKVT DADDDRYNPELAVDAAARHLSDLIRKYDGDELKAALAYNQ-  
GEGRNGAPQMQA  
YDKGDWASISEGRNYMRNLMDVANS PRKGDLEAFGGITPKAKGIPSG-  
DAFAGIGKKQTV  
GTDLPESTGFKVEGKEQKAPNV PYAKDFWEKTGTTLDEFNARSTFFGIG-  
DATSAELHNSV  
LGVAFRAARSDDGFDLFDITPTRWNIHTWTP EELERIRKEVKN-  
PAYINVVTGGSPENL  
DALIKMANDNYEMDARSADAGVGAKL TAGIVGAGVDPLSYVPLV-  
GVAGKGLKVVNKAFVV  
GTQSAGLAIASEGIRTSIAGGEAHYADAALGGLMFGAGMSAISDAIAA-  
GIRRSRGTEVVN  
DFAPMAHRLEARETALNSGGEDLTRMPSEN RVFDREHAGVEYSPLETEP-  
GAVVLPQQQIL  
SDTNPLNPQTLSEFEAVNPERAARGISLGGFTEIGLKTLRSENPTVR-  
SIASDLVRSPTGM  
ESGSNGKFGATASDIKERLHANNQR TYNQLYDAVRTAMKDPEFSTG-  
GATMSRKEIRQEIY  
KRAALAIERPELQANLTKGERNVMN ILKQHFDLKR EIMENPSIFGNTKAV-  
SIFPGSRHKG  
TYVPNVYDRAIKIEMVKRYGNDGLQRAIAESWLTSYRARPEVKARVDEYL-

	<p>MELNGLKSVQ  EVTPEMVQKHAMDKAYGISHTDQFSASSVIEDNIEGLVGIENNN-  FLEARNMFDSDMAVTL  PDGNTFSVNDLRITYDMAEILPAYDRRVDGDVAIMGGSGKTTKDLKDEI-  MALDKQSENGT  LKGEVEALKDVTKILTGRARRNPEGAWGTALRSVNDLTFFAKNAYM-  GAQNVTEIAGMLAK  GNVSAVTHGIPMINDWVNRGKPLRASEIKEIHGMVFGKELDQLIRP-  GREDHVRRLRESTD  TSAAVANVVG TIRFGTQELAARSPWTMLLNGTSNYILDAARQGVLDVA-  GAALAGKASKF  GKANYLKSASISPEQWSGIKQLFRDYATRGEDGKFTIRDKQA-  FANDPRSMDLWRLADKVA  DETILRPHKVSSQDAKAFGAWVKMVMQFKNFVIKSLNSRFVR-  SFYEATKNNRALDQALTH  IISLGLAGGYIQAHLKAASLQEHKRKEYLKNALDPKMIAHA-  SISRSSHLSPLSIYDM  FAGMAGSDTYKYTRSTVLPKESEKRDPNKAVTGRQVASTIAGAV-  GEQVPGLGFVGSVGAT  AINAASLLSSPNKATALEFRTGLFNTSRELIPNDPLSQQLIMKIYEANGIRI-  KETPKKQ</p>
No. of Amino Acids	Translated: 1320 ; Mature: 1319
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.8 %Met (Translated) 2.8 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.7 %Met (Mature) 2.7 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 143614 ; Mature: 143482
Theoretical pI	Translated: 8.92 ; Mature: 8.92

Pfam Domain/Function	<a href="#">PF01464</a> SLT [H]
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	<a href="#">PS00922</a> TRANSGLYCOSYLASE
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Unknown [C]
COG Function	Cell wall/membrane/envelope biogenesis (code M)
COG ID	<a href="#">COG0741</a> Soluble lytic murein transglycosylase and related regulatory proteins (some contain LysM/invasin domains)
Gene Ontology	>>> Function: transporter activity    >>> Process: physiological processes Process: cell growth and/or maintenance Process: transport    >>> Process: cellular process Process: cell growth and/or maintenance Process: transport 

	>>> Component: cell Component: external encapsulating structure Component: cell envelope Component: periplasmic space (sensu Gram-negative Bacteria)    >>> Component: periplasmic space Component: periplasmic space (sensu Gram-negative Bacteria) [C]
Cell Location	Cytoplasm [C]
Similarity	Belongs to the transglycosylase slt family [H]
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available

Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	<a href="#">9384377</a>

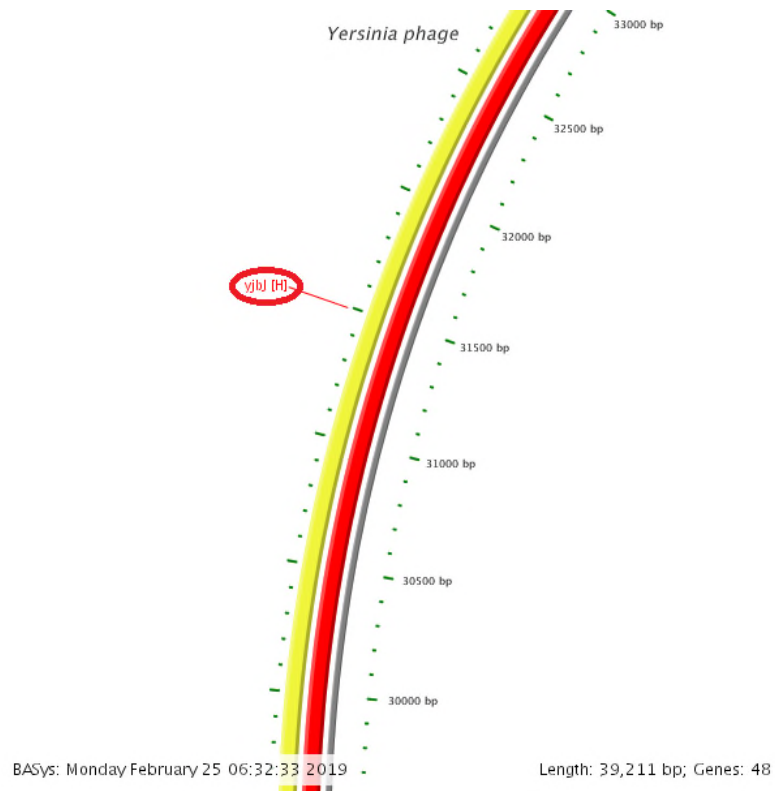


Рисунок 471 - Локализация BASYS00043 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

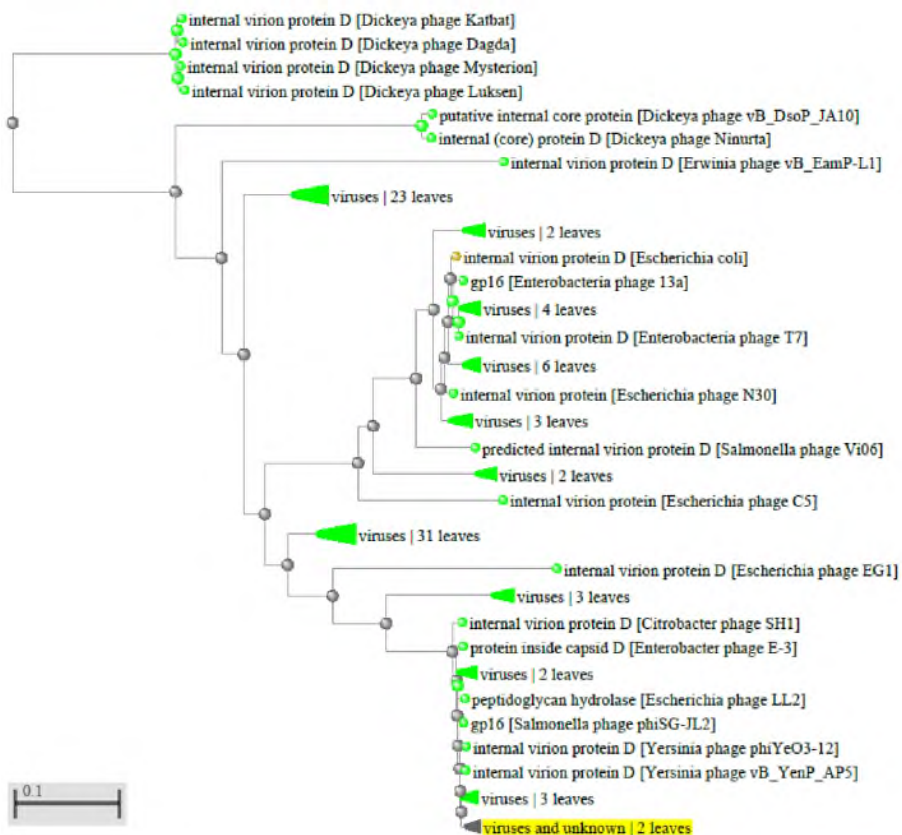


Рисунок 472 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00043 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-6f2

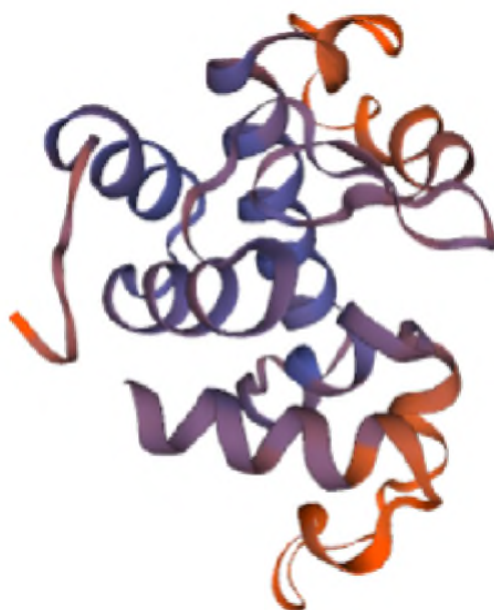


Рисунок 473 - Конформационная структура BASYS00043 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2

(согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00044**

Таблица 222 - Данные о протеине BASYS00044 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:30:15 GMT
Entry ID	BASYS00044.1
Accession No.	BASYS00044
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	33593-35560 (Clockwise)



Centisome Position	85.67
Gene Name	BASYS00044
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases aaatctacgaggccaacggtatccgtataaaggagacgccgaagaaacaataaacctca ctaaaggagagaggtcacattctggcctcttctctta
Gene Sequence	atgctaatttacaaggaggtcacatggctacaactattaagaccgtgatgacttaccg ctggatggctccactacggacttaatatccgttcgagtatctggcgcgtaagttgtc cgagtgacccttatcgggtgtgaccgaaaggaactcatcttgaatcaagactatcgtttt gcgactaagaccacaatctccacaacgagagcattggggccagcggacggttatactttg attgaaatccgtcgattcacctccgctacagatcgtctggttgactttaccgacggctct atcctgcgggcatatgattgaacatatctcaggttcagaccctcacgcttgctgaggaa gcccgtgaccttaccgctgatacaattggcgttaacaatgatgggaacttgatgctcgt ggtcgtcgatcgtaacgttgccgatgcgcaagatgtaggtgatgcagtcaacttaggt caaatcaaacggtggaacgactctgcgttgaactctgcaatcgcgcaaacaggaagct gaccgtgcgaccgctcgtgcaaacgatgcgaacaactctgcaacgcactctgcaagctct gcaagctcttctgctgggtctgctgagttggcgaacgctgggctaccagtgatacagta gttgagagtgaccttgagtctttagaacctacgcgattcactccatgtcatatcgtaat gaagctaaagactctgctgaccgtgccgctgtttccgagaccaatgctaaggcctccgaa gggagcgtgctaactcggctgctgccgctaaggtatcagagaccaacgctaaggcctcc gaggagagagcaatcactgaggcgagcaagctgggaaacatgaatgactttgctgctgcc atagagttagtgacagggaaacgatgtgaagatgaagggcgtgtgtcctcaccggcaat atcacaggcgggtggtttagtctccacgggtgcggcgagtatccagaaaggtgcgcttgtt ggagaggacttgattggtggaaggatattactgcaaagcaggatattgactctcagcga aacattgccgtagctggggtcacatatgctcaggaggcattgagcaaacactagcaacc aacattataataagctgtaccgacttcacattaacagcaatccacaacatggttgacaa cggcagggtctacatattgatggaacgaggggtggaacggtgagtcaaactttatcacc aacctggtgctggttctggcggattcgtgttccgcacagtcaatgctgagaactcagta gagactggtagagtagatattaccggaggcgggtgactctacgcgaatcacctacaggtt cgttcagggtgccgaattgaggggaacaacaacatcgtaggtcagaacctctacgcagga atgggaagtagatgcttgaaggtaacggtaatctatctggtggcatctgggcgagtggt ggttaacttatggagcggcctacacaacaactcactcttcgcaaaccaccagcgggtgtt

	cagttattaccgcaagggcggtgattatcttgaaggtagggttgatggtaaaccggtt gggtccggtggtccaatctgacagaaggctgaaagaagacattagggttgcctct gctgacgacatgctgaacatcattcggtcgtacataaccagtgtcctacaaatataaggac gcatctatacagataacagggtagaacaacaccattgaagtaagcggtcacgggct ggcttcatcacacaggatttaatacgttggcccgaggctgtggacgtgatgtcagat ggaatgcagtcacctgacctgaaccagattattggcggattgatgttacttgttaagaac ctagacgctcgcggtcaggagcttgaatctaaacttatgacagactaa
GC Content [Percent]	49.95
Preceding Gene	yjbJ
Following Gene	BASYS00045
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00044; BASYS00045; BASYS00046
Protein Name	Phage Tail Fiber Protein
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_655_residues MLIYKGGHMATTIKTVMTYPLDGSTDFNIPFEYLARKFVRVTLIGVDRKE- LILNQDYRF ATKTTISTTRALGPADGYTLIEIRRFTSATDRLVDFTDGSILRAYDL- NISQVQTLHVAEE ARDLTADTIGVNNNDGNLDARGRRIVNVADAQDVGDAVNLGQIKRWND- SALNSANRAKQEA DRATARANDANNSANASASSASSSAGSAELAKRWATSDTVVESDLESSR- TYAIHSMYSYRN EAKDSADRAAVSETNAKASEGSAANSAAAANKVSETNAKASEERAITEA- SKLGNMNDFAAA IESVTGNDVKMKGAVSSPGNITGGGLVSTGAASIQKGALVGEDLIVGRDI- TAKQDMYSQR

NIAVAGVTYAQGGIEQTLATNIYNKLYRLHINSNPQHVGQRQGLHIGW-  
 NEGGNGESNFIT  
 NRGAGSGGFVFRTVNAENSVETGRVDITGGGVLYANHLQVRSGA-  
 RIEGNNNIVGQNLVYAG  
 MGSTMLEGNGNLSGGIWAQWGNLWSGLHNNSLFAKPPSGVQLF-  
 TARGGDYLEGRVDGKSV  
 GFRWFQSDRRLKEDIRVRSADDMLNIIRSYIPVSYKYKDASYTDNRGRNT-  
 TIEGKRSRA  
 GFITQDLIRLWPEAVDVMSDGMQSPDPNQIIGGLMLLVKNLDARVQE-  
 LESKLMTD  
 >Mature\_655\_residues  
 MLIYKGGHMATTIKTVMTYPLDGSTTDFNIPFEYLARKFVRVTLIGVDRKE-  
 LILNQDYRF  
 ATKTTISTTRALGPADGYTLIEIRRFTSATDRLVDFTDGSILRAYDL-  
 NISQVQTLHVAEE  
 ARDLTADTIGVNNNDGNLDARGRRIVNVADAQDVGDAVNLGQIKRWND-  
 SALNSANRAKQEA  
 DRATARANDANNSANASASSASSAGSAELAKRWATSDTVVESDLESSR-  
 TYAIHSMYSYRN  
 EAKDSADRAAVSETNAKASEGSAANSAAAANKVSETNAKASEERAITEA-  
 SKLGNMNDFAAA  
 IESVTGNDVKMKGAVSSPGNITGGGLVSTGAASIQKGALVGEDLIVGRDI-  
 TAKQDMYSQR  
 NIAVAGVTYAQGGIEQTLATNIYNKLYRLHINSNPQHVGQRQGLHIGW-  
 NEGGNGESNFIT  
 NRGAGSGGFVFRTVNAENSVETGRVDITGGGVLYANHLQVRSGA-  
 RIEGNNNIVGQNLVYAG  
 MGSTMLEGNGNLSGGIWAQWGNLWSGLHNNSLFAKPPSGVQLF-  
 TARGGDYLEGRVDGKSV  
 GFRWFQSDRRLKEDIRVRSADDMLNIIRSYIPVSYKYKDASYTDNRGRNT-  
 TIEGKRSRA  
 GFITQDLIRLWPEAVDVMSDGMQSPDPNQIIGGLMLLVKNLDARVQE-  
 LESKLMTD

No. of Amino Acids	Translated: 655 ; Mature: 655
--------------------	-------------------------------

Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 2.1 %Met (Translated) 2.1 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 2.1 %Met (Mature) 2.1 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 70515 ; Mature: 70515
Theoretical pI	Translated: 6.75 ; Mature: 6.75
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available

Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available

Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

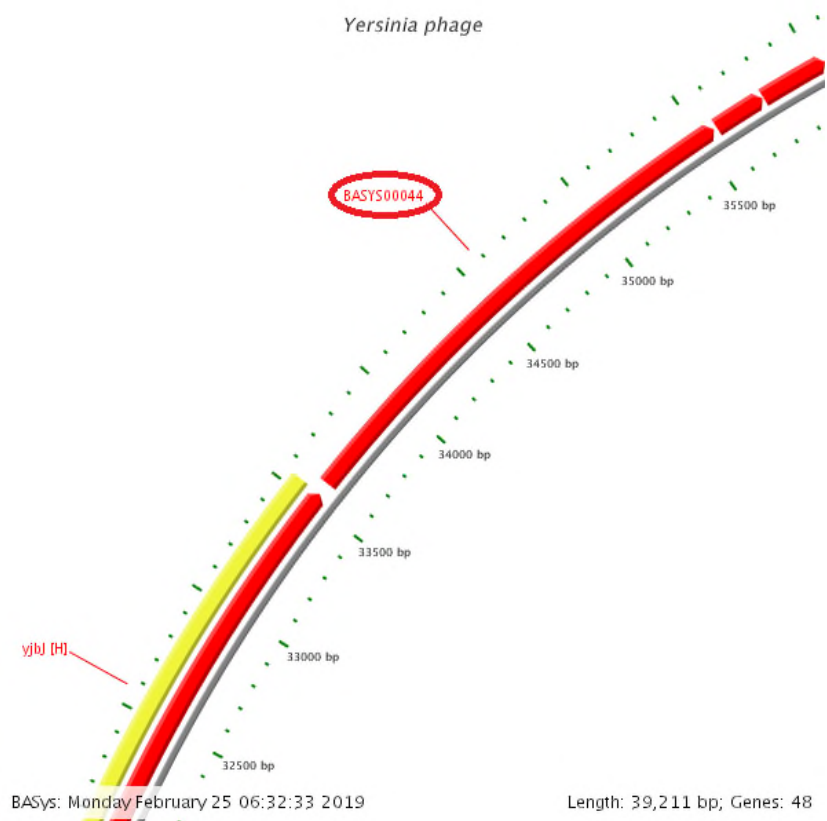


Рисунок 474 - Локализация BASYS00044 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

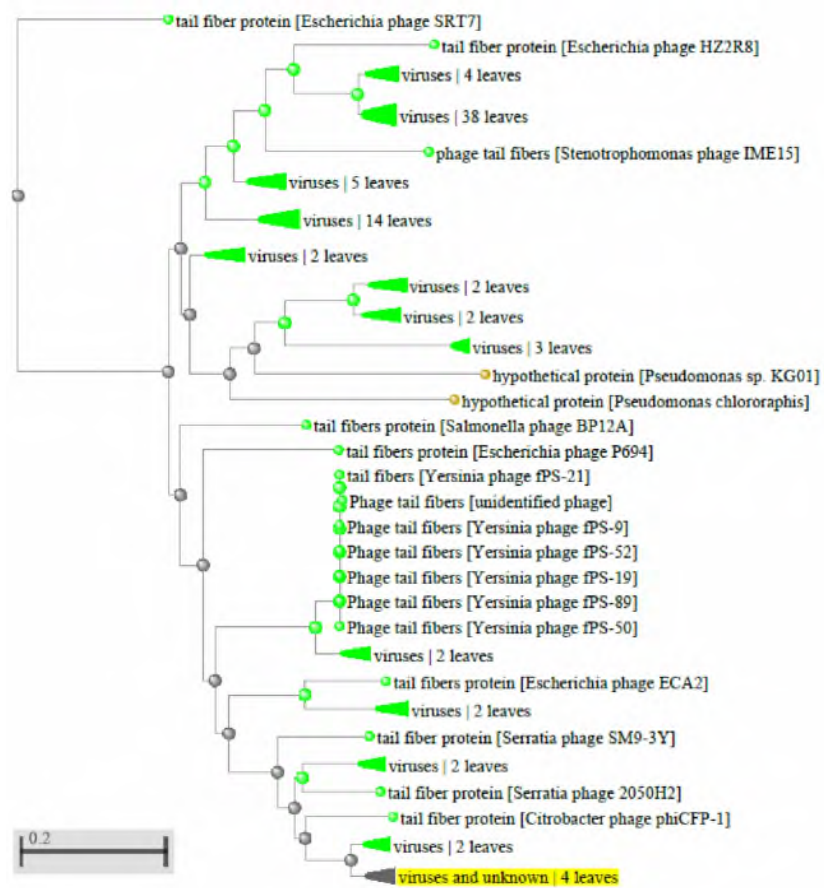


Рисунок 475 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00044 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-6f2

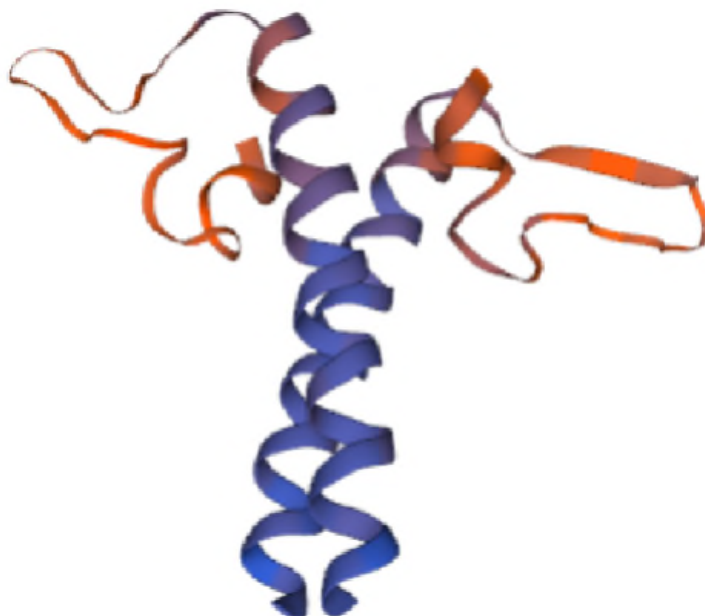


Рисунок 476 - Конформационная структура BASYS00044 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

**BASYS00045**

Таблица 223 - Данные о протеине BASYS00045 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:31:1 GMT
Entry ID	BASYS00045.1
Accession No.	BASYS00045
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	35572-35775 (Clockwise)
Centisome Position	90.72
Gene Name	BASYS00045
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases cgaaccagattattggcggattgatggttacttgtaagaacctagacgctcgcgttcagg agcttgaatctaaacttatgacagactaaggaggtgtaa
Gene Sequence	atggtatccttcgacttcaacaatgaggtcgtaaggctcgcctattggtggcacaggg gtcgtgatggggcggcccactctttgggggctatcgtaaacgaatggttctacgtt gcagctatcgcctacacagtggttcagattggtgccaaggtagtcgataagatgattgac tggaacgtgcaacaaggagtaa
GC Content [Percent]	49.51



Preceding Gene	BASYS00044
Following Gene	BASYS00046
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00044; BASYS00045; BASYS00046
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00045
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_67_residues MLSFDNFNNEVVKAAPIVGTGVADGAARLFWGLSLNEWFYVAAIAYTVV- QIGAKVVDKMID WKRANKE >Mature_67_residues MLSFDNFNNEVVKAAPIVGTGVADGAARLFWGLSLNEWFYVAAIAYTVV- QIGAKVVDKMID WKRANKE
No. of Amino Acids	Translated: 67 ; Mature: 67
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 3.0 %Met (Translated) 3.0 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 3.0 %Met (Mature) 3.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 7407 ; Mature: 7407
Theoretical pI	Translated: 6.67 ; Mature: 6.67

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	HASH(0xbbe7a18)-
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Membrane
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available

Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	7.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

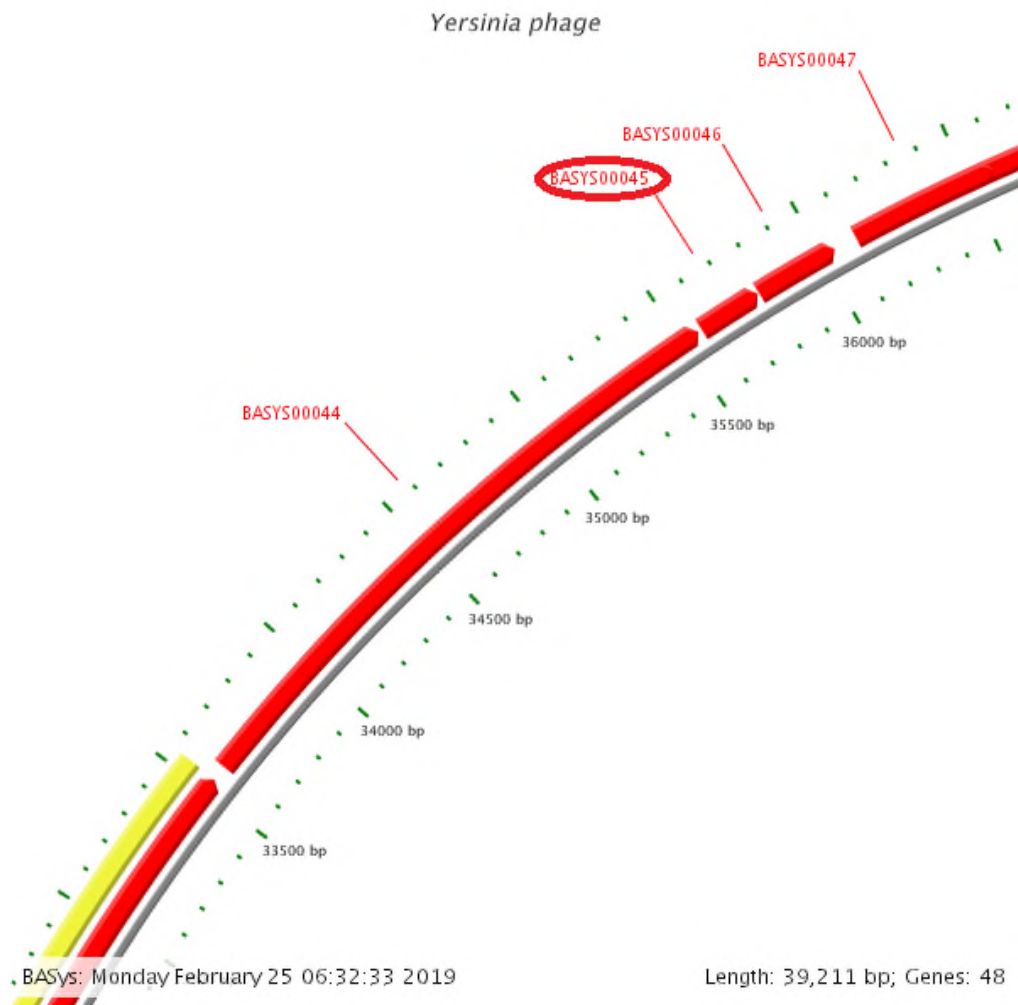


Рисунок 477 - Локализация BASYS00045 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

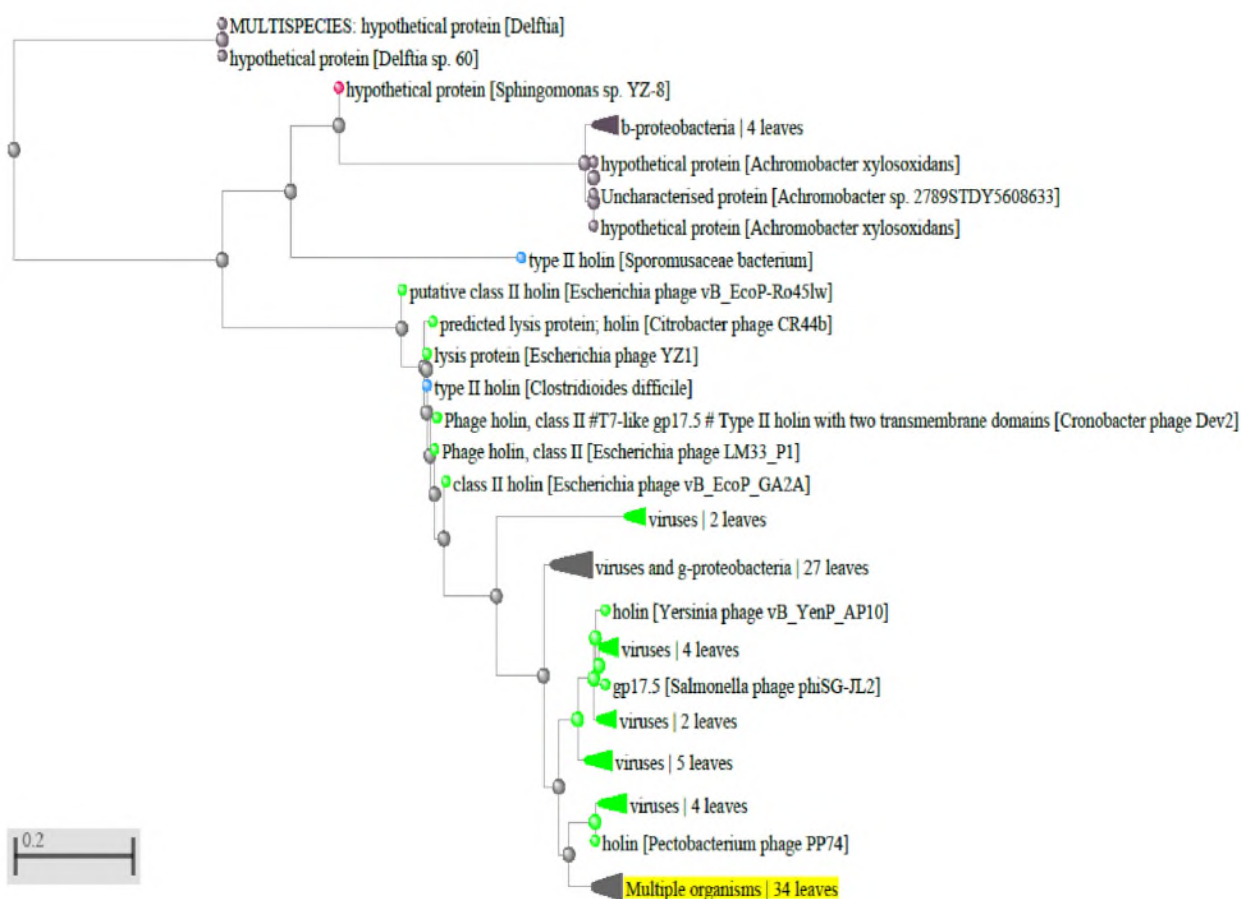


Рисунок 478 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00045 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-6f2



Рисунок 479 - Конформационная структура BASYS00045 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогий <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

## BASYS00046

Таблица 224 - Данные о протеине BASYS00046 бактериофага *Yersinia phage Ye3-f2 6*

Creation Date	2019/2/25 6:31:13 GMT
Entry ID	BASYS00046.1
Accession No.	BASYS00046
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	35779-36045 (Clockwise)
Centisome Position	91.25
Gene Name	BASYS00046
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases atggttctacgttgacagctatcgcctacacagtggttcagattggtgccaaggtagtcga taagatgattgactggaaacgtgcaacaaggagtaacct
Gene Sequence	atgagcgacaagactttaatcaagctgctggagatgctagacacggagatggcacagcgt atgcttgctgacctccagagcgaggaacgccgaacgccgcaactttacaacgcaatcggc aaactgttagaccgccataagttccaaatcagtaagctgacaccggacgagaatatcctc ggtggactggcggcaggtctggaagactacaacaagtggcggcctaatggtctgact gacgatgagactatcacgctacagtaa
GC Content [Percent]	51.69

Preceding Gene	BASYS00045
Following Gene	BASYS00047
Operon Status	Yes
Operon Components	BASYS00044; BASYS00045; BASYS00046
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00046
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_88_residues MSDKTLIKLLEMLDTEMAQRMLADLQSEERRTPQLYNAIGKLLDRHKF- QISKLTPDENIL GGLAAGLEDYNKVVGPNGLTDDDETITLQ >Mature_87_residues SDKTLIKLLEMLDTEMAQRMLADLQSEERRTPQLYNAIGKLLDRHKF- QISKLTPDENILG GLAAGLEDYNKVVGPNGLTDDDETITLQ
No. of Amino Acids	Translated: 88 ; Mature: 87
Cys/Met Content	0.0 %Cys (Translated) 4.5 %Met (Translated) 4.5 %Cys+Met (Translated) 0.0 %Cys (Mature) 3.4 %Met (Mature) 3.4 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 9888 ; Mature: 9757
Theoretical pI	Translated: 4.45 ; Mature: 4.45

Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available



Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/ mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

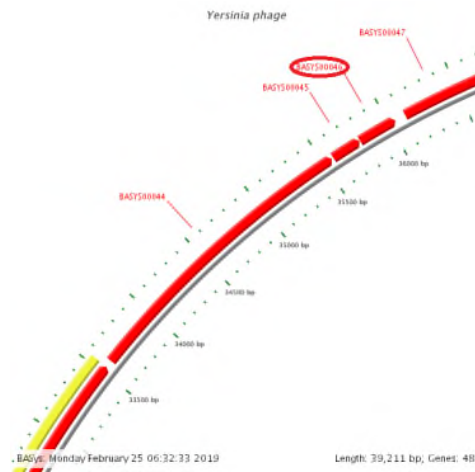


Рисунок 480 - Локализация BASYS00046 в геноме бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f26

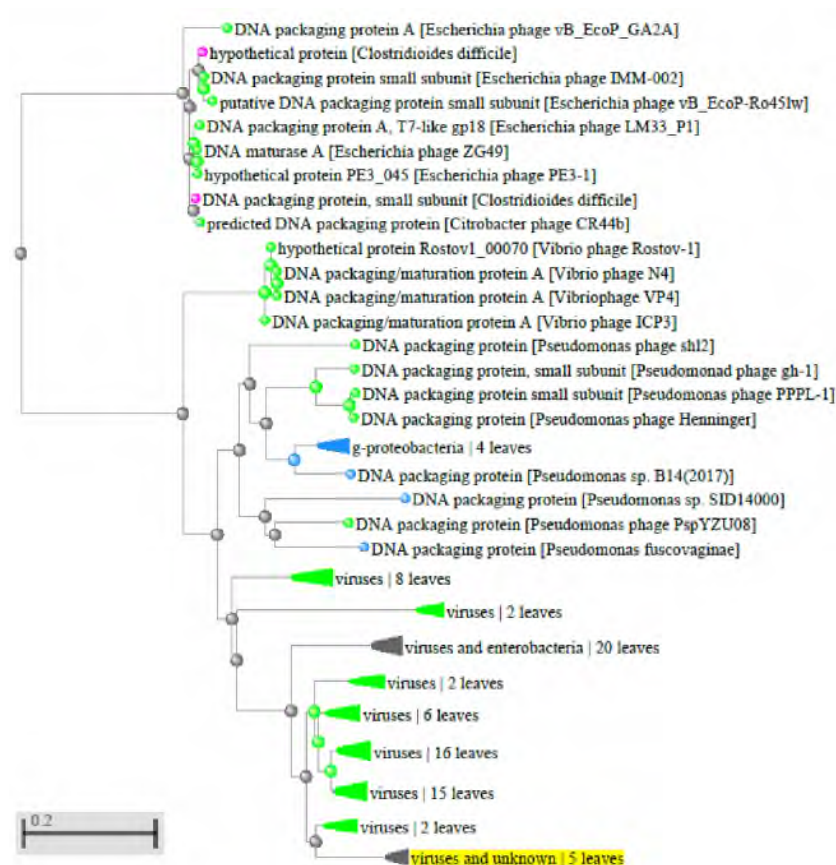


Рисунок 481 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00046 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-6f2

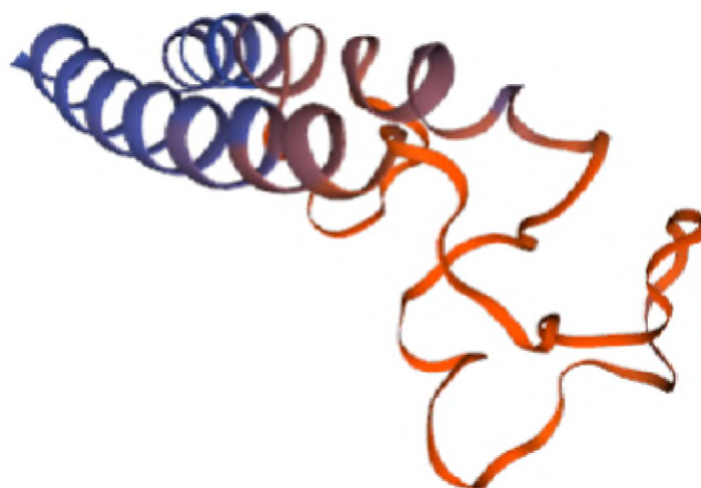


Рисунок 482 - Конформационная структура BASYS00046 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

### **BASYS00047**

Таблица 225 - Данные о протеине BASYS00047 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:31:27 GMT
Entry ID	BASYS00047.1
Accession No.	BASYS00047
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	36119-36586 (Clockwise)
Centisome	92.12

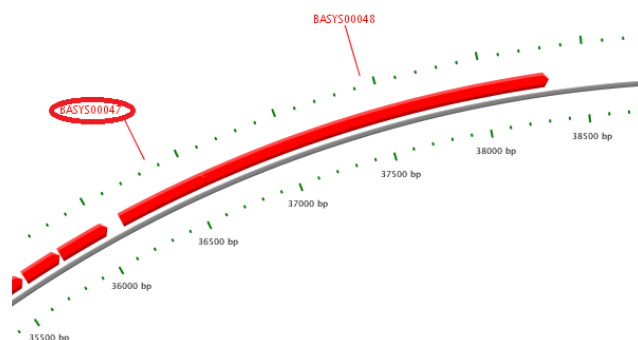
Position	
Gene Name	BASYS00047
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gacgatgagactatcacgctacagtaagtacatactcaaggttctccacgcgggagcct ttatggatgttatttggatcatctatgtgaaatctgaaaa
Gene Sequence	ttgatgggaggtggtatgctaaaacttttacgcagcgactcccttgggtactcgccggg acactctttatgggtggctggcacttaggggtcaacccatgagagagcaaaactggaaggag gtaatccaaaatgaatacattgcgaaaacaaaagcaaccgcagcaactcaggcagaggtc agtcgggtatcccgtgagtaccaagaagagattgcagccattgaaggcagcactgatagg atgcttaatgacctgcgtagcaataataagcggctgtcagtcacatcaaaaccttacc ggactaccagaagataacggtagatgcgagtttaatggctcgagccgaactacacgagtca gatgctaagcgtattatcggaataaccaagctgctgatgctcacgtaagagcgctccag cgtactattaaggagatgcagaatgagcgacaccaagcaaaccgtaa
GC Content [Percent]	48.93
Preceding Gene	BASYS00046
Following Gene	BASYS00048
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein BASYS00047
Alternate Protein Names	Not Available
Sequence	>Translated_155_residues MMGGVMLKLLRSALPWVLAGTLFMGGWHLGSTHERANWKEVIQ-

	<p>NEYIAKTKATAATQAEV  SRVSREYQEEIAAIEGSTDRMLNDLRSNNKRLSVRIKTLTGLPEDNGRCEFNGRAELHES  DAKRIIGITQAADAHVRALQRTIKEMQNERHPSKP  &gt;Mature_134_residues  LFMGGWHLGSTHERANWKEVIQNEYIAKTKATAATQAEVSRVSREYQEEIAAIEGSTDRM  LNDLRSNNKRLSVRIKTLTGLPEDNGRCEFNGRAELHESDAKRIIGITQAADAHVRALQR  TIKEMQNERHPSKP</p>
No. of Amino Acids	Translated: 155 ; Mature: 134
Cys/Met Content	0.6 %Cys (Translated) 3.9 %Met (Translated) 4.5 %Cys+Met (Translated) 0.7 %Cys (Mature) 2.2 %Met (Mature) 3.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 17423 ; Mature: 15196
Theoretical pI	Translated: 9.98 ; Mature: 9.17
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available

PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown
Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/	Not Available

mg]	
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available
Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	10.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 483 – Локализация BASYS00047 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

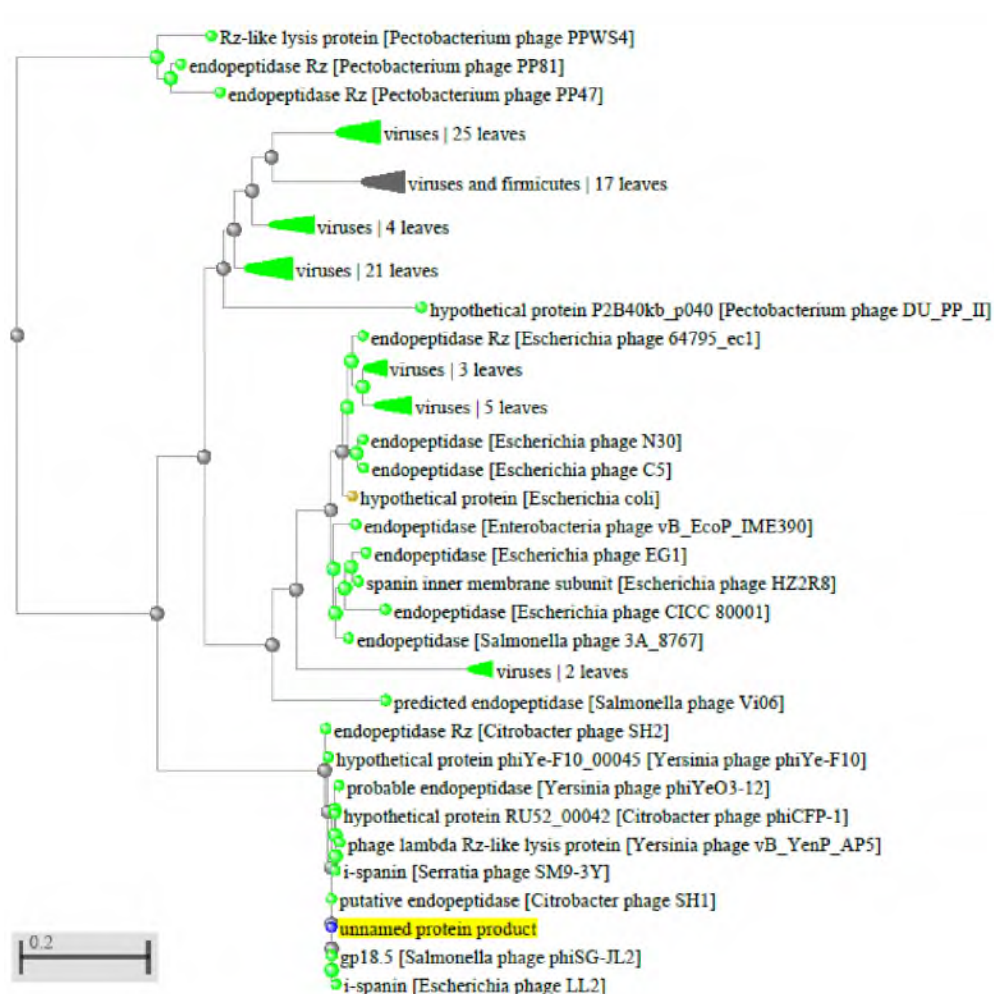


Рисунок 484 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00047 бактериофага *Yersinia phage Ye3-6f2*



**BASYS00048**

Таблица 226 - Данные о протеине BASYS00048 бактериофага Yersinia phage Ye3-f2 6

Creation Date	2019/2/25 6:31:46 GMT
Entry ID	BASYS00048.1
Accession No.	BASYS00048
SWISS PROT (AC and ID)	Not Available
Other Databases	Not Available
Gene Position	36561-38324 (Clockwise)
Centisome Position	93.24
Gene Name	BASYS00048
Alternate Gene Names	Not Available
Upstream 100 Bases	>100_bases gccgaactacacgagtcagatgctaagcgattatcggaataaccaagctgctgatgct cacgtaagagcgctccagcgctactattaaggagatgcaga
Gene Sequence	atgagcgacaccaagcaaaccgtaatgCGCTaatcatcgCGcagcttaagggtgacttc gtggccttctgttcgattgtggaaggcttggctctccgCCGCGactaagtgtcag attgatatggcccgggtgtctggctaacggagacaacaagaagttatcctacaggcttcc cgtggatcggtaagtcatcactgtgCGTTCgttgtgtggacgttatggcgtgac cctcagttgaagatactgattgtctctgcatcaaagaacgtgCGGacgctaactccatc ttcatcaagaacatcattgacctgctGCCcttctggctgagttaaagcctCGCCCCggt cagcgtgactctgtgattagttcgatgttggcctGCCaagcctgaccactctccgtct gtgaagtcgggtgggtatcactggtcagttgactggtagtcgtgctgatcatcatagcg

	<p>gatgacgttgagattccgtctaactccgcaactcaaggtgcccgtagagaagctgtggact  ctggtgcaggaattgctgcgcttctgaaaccgctgccgacttctcgcttatctacctt  ggtacgcctcaaaccgaaatgaccttgtaacaaggaactcgaagataaccgtgggtacacc  acaatcatctggcctgcgctctatccgctagccgtgaggaagactgtactatggcgac  cgtctggccccgatgctccgcaagagttcaacgatgggttcgagatgctccaaggtcaa  ccgactgaccccgctgcgcttcgatatggaagacctccgggagcgtgagttggaatacggg  aaggctggcttcactttgagttcatgctcaacccgaacctgagtgatgccgagaagtac  cccttacgcctccgtgacgctatcgtgtgcggtctggacttcgagaaagccccaatgcat  taccagtggcttccgaaccgtcagaatcgaatgaagagcttctaactgggccttaag  ggtgatgatattcatagctatcattcgtgcagccagaacactggacagtaccagcaacgc  atcctagtgattgaccctagtggtcgcggttaaggacgagactggttacgcagtggttgc  accctgaatggctacatctatctgatggaagctggcgggtccgcatggttattccgat  aagacccttgagtccctcgtcgaagaaagcgaagcagtggaaggttcagacagtggtcttc  gagagtaacttcggggatggtatgtttgtaaggtattcagccctgtgctcctgaaacac  catgcagccgctatggaagagattcgtgctcgtggtatgaaggaactacgcatttgat  acgctggagcctgtactctctacgcaccgccttgattcgtgacgaggtgattcgtgag  gactaccagactgcccgtagcgtgatggcaagcatgacgttcgctattcgctgttctac  cagttgaccgtaggctcgtgagaagggcgctgtggcacatgatgaccgacttgatgcg  ttagcattgggtgtagagttctacgctctacgatggaactggacgccgtaaggtgag  gctgaggtgcttgaggcgttcttagaggaacacatggagcacccaatccattcggctggt  cacgtagttaccgctatggttgacgggatggaactctattgggaggatgacgatgtgaat  agtaacaggttcattgactggtag</p>
GC Content [Percent]	52.49
Preceding Gene	BASYS00047
Following Gene	BASYS00001
Operon Status	Not Available
Operon Components	Not Available
Protein Name	Hypothetical Protein Aasi
Alternate	None

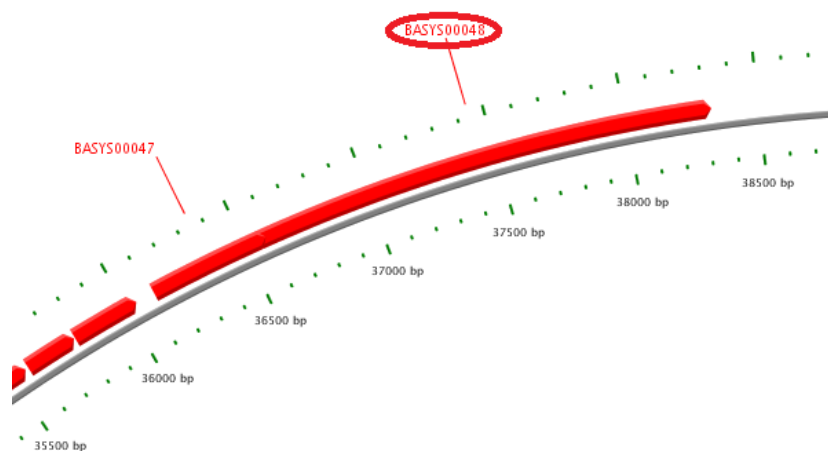
Protein Names	
Sequence	<p>&gt;Translated_587_residues</p> <p>MSDTQANRNALIIAQLKGFVAFLFVLWKALALPPPTKCQIDMARC- LANGDNKKFILQAF</p> <p>RGIGKSFITCAFVWTLWRDPQLKILIVSASKERADANSIFIKNIIDLLP- FLAELKPRPG</p> <p>QRDSVISFDVGPAPDHSPSVKSVGITGQLTGSRADIIIADDVEIPNSATQ- GAREKLWT</p> <p>LVQEFAALLKPLPTSRVIYLGTPQTEMTLYKELEDNRGYTTIWPALYPRS- REEDLYYGD</p> <p>RLAPMLREEFNDGFEMLQGQPTDPVRFDMEDLRERELEYG- KAGFTLQFMLNPNLSDAEKY</p> <p>PLRLRDAIVCGLDFEKAPMHYQWLPNRQNRNEELPNVGLKGDDIH- SYHSCSQNTGQYQQR</p> <p>ILVIDPSGRGKDETGYAVLFTLNGYIYLMEAGGFRDGYSDKTLESLAK- KAKQWKVQTVVF</p> <p>ESNFGDGMFGKVFSPVLLKHHAAAMEEIRARGMKELRICDT- LEPVLSTHRLVIRDEVIRE</p> <p>DYQTARDADGKHDVRYSLFYQLTRMAREKGAVAHDRLDALAL- GVEFLRSTMELDAVKVE</p> <p>AEVLEAFLEEHMEHPIHSAGHVVTAMVDGMELYWEDDDVNSNRFDW</p> <p>&gt;Mature_555_residues</p> <p>LPPPTKCQIDMARCLANGDNKKFILQAFRGIGKSFIT- CAFVWTLWRDPQLKILIVSASK</p> <p>ERADANSIFIKNIIDLLPFLAELKPRPGQRDSVISFDVGPAPDHSPSVKSV- GITGQLTG</p> <p>SRADIIIADDVEIPNSATQGAREKLWTLVQEFAALLKPLPTSRVIYLGTPQ- TEMTLYKE</p> <p>LEDNRGYTTIWPALYPRSREEDLYYGDRLAPMLREEFNDG- FEMLQGQPTDPVRFDMEDL</p> <p>RERELEYGKAGFTLQFMLNPNLSDAEKYPLRLRDAIVCGLDFEKAPM- HYQWLPNRQNRNE</p> <p>ELPNVGLKGDDIHSYHSCSQNTGQYQQRILVIDPSGRGKDETGYAVLFTLN- GYIYLMEAG</p> <p>GFRDGYSDKTLESLAKKAKQWKVQTVVFESNFGDGMFGKVFSPVLLKH- HAAAMEEIRARG</p> <p>MKELRICDTLEPVLSTHRLVIRDEVIREDYQTARDADGKHDVRYSLFYQLTR-</p>

	MAREKGAV AHDDRLDALALGVEFLRSTMELDAVKVEAEVLEAFLEEHEHPIH- SAGHVVTAMVDGMEL YWEDDDVNSNRFIDW
No. of Amino Acids	Translated: 587 ; Mature: 555
Cys/Met Content	1.0 %Cys (Translated) 2.9 %Met (Translated) 3.9 %Cys+Met (Translated) 1.1 %Cys (Mature) 2.9 %Met (Mature) 4.0 %Cys+Met (Mature)
Molecular Weight [Daltons]	Translated: 66673 ; Mature: 63125
Theoretical pI	Translated: 5.17 ; Mature: 5.09
Pfam Domain/Function	Not Available
Signals	Not Available
Transmembrane Regions	Not Available
Secondary Structure	Not Available
PROSITE Motif	Not Available
Specific Function	Unknown

Metabolic Importance	Not Available
COG Function	Not Available
COG ID	Not Available
Gene Ontology	Not Available
Cell Location	Cytoplasmic
Similarity	Not Available
Homologues	Not Available
Paralogues	Not Available
PDB Accession	Not Available
Resolution	Not Available
Structure CLASS	Not Available
Cofactors	Not Available
Metal Ions	Not Available
EC Number	Not Available
Kcat Value [1/min]	Not Available
Specific Activity [micromol/min/mg]	Not Available
Km Value [mM]	Not Available
Substrates	Not Available

Products	Not Available
Specific Reaction	Not Available
General Reaction	Not Available
Inhibitors	Not Available
Copy Number	Not Available
Structure Determination Priority	9.0
TargetDB Status	Not Available
Availability	Not Available
References	Not Available

*Yersinia phage*



BASys: Monday February 25 06:32:33 2019

Length: 39,211 bp; Genes: 48

Рисунок 485 - Локализация BASYS00048 в геноме бактериофага *Yersinia phage Ye3-f26*

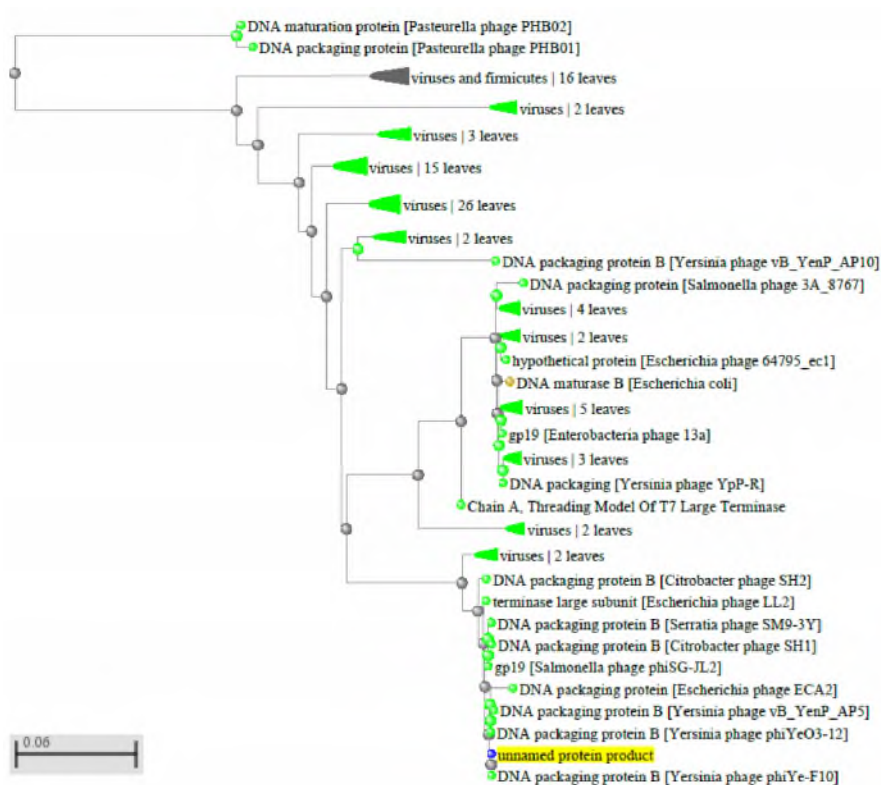


Рисунок 486 - Филогенетическое дерево гомологов BASYS00048 бактериофага *Yersinia phage Ye3-6f2*

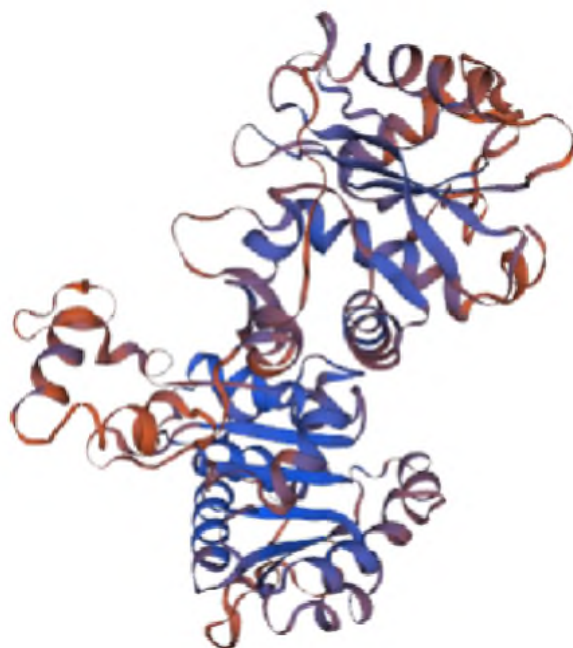


Рисунок 487 - Конформационная структура BASYS00048 бактериофага *Yersinia* phage Ye3-f2 (согласно данным аналогиям <https://swissmodel.expasy.org/interactive>)

При анализе соответствия протеомного состава *Yersinia* phage Ye3-f2, количества белков и распределения их по молекулярным массам в биоинформационных приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность (рис. 488).

В результате проведенного анализа протеомов выделенных бактериофагов нами были получены данные:

- при разделении выделенных и сконцентрированных белков бактериофагов в ПААГ методом вертикального электрофореза для *Proteus* phage Pr 4 – УГСХА было выявлено 3 белка (67 кДа, 77 кДа и 94 кДа), для *Enterobacter* phage E7 - 4 белка (73 кДа, 81 кДа, 98 кДа, 124 кДа), для *Yersinia* phage *Yersinia* phage Ye3-f2 – 3 белка (72 кДа, 115 кДа, 128 кДа);

- при анализе протеома бактериофага *Proteus* в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 50 белков с молекулярными массами от 5,5 до 140 кДа; приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных



секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 55 белков с молекулярными массами от 3,4 до 140 кДа. При анализе соответствия протеомного состава, количества белков и распределения их по молекулярным массам в биоинформационных приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность;

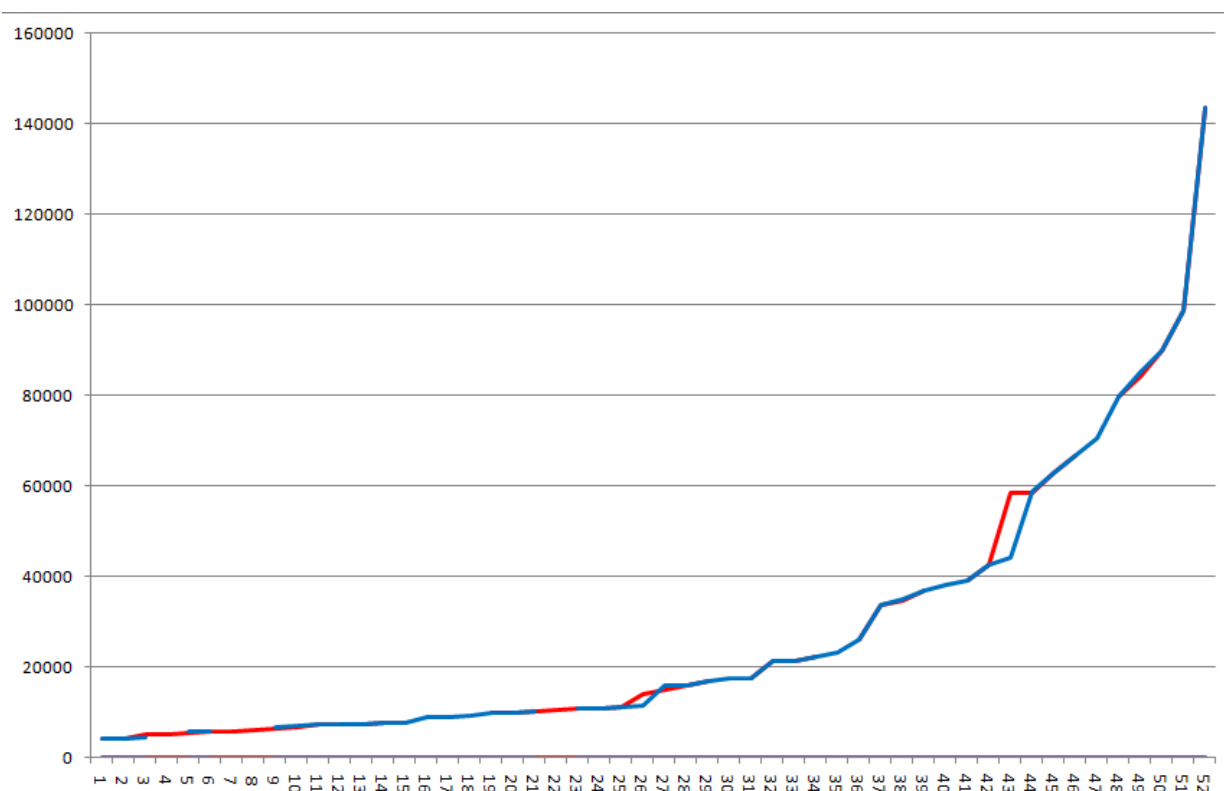


Рисунок 488 - Сравнительный график распределения белкового состава *Yersinia phage Ye3-f2* по молекулярной массе по данным приложений SnapGene Viewer 4.1.9 (красный цвет) и BASys version 1.0 (синий цвет)

- при анализе протеома бактериофага *Enterobacter E7* в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты был выявлен 50 белков с молекулярными массами от 5,5 до 139 кДа; в приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты был выявлен 41 белок с молекулярными массами от 4,1 до 143 кДа. При анализе соответствия протеомного состава *Enterobacter phage E7*, количества белков и

распределения их по молекулярным массам в биоинформационных приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность;

- при анализе протеома бактериофага *Yersinia Ye3-f2* в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 46 белков с молекулярными массами от 4,1 до 144 кДа; в приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 48 белков с молекулярными массами от 4,1 до 143 кДа. При анализе соответствия протеомного состава *Yersinia phage Ye3-f2*, количества белков и распределения их по молекулярным массам в биоинформационных приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность.

Проведено биоинформационное исследование фаговых протеомов. Определено количество протеомов исследуемых бактериофагов, их локализация в геноме, филогенетическое положение среди аннотированных белков, возможная конформационная структура каждого из них.

## **9.РАЗРАБОТКА СИСТЕМ ПЦР-ДЕТЕКЦИИ ИССЛЕДУЕМЫХ ГРУПП БАКТЕРИОФАГОВ**

Для целей возможной типизации выделенных бактериофагов по группам нами было построено филогенетическое дерево соответствия их генетической организации между собой (рис. 489, таб.227-228).

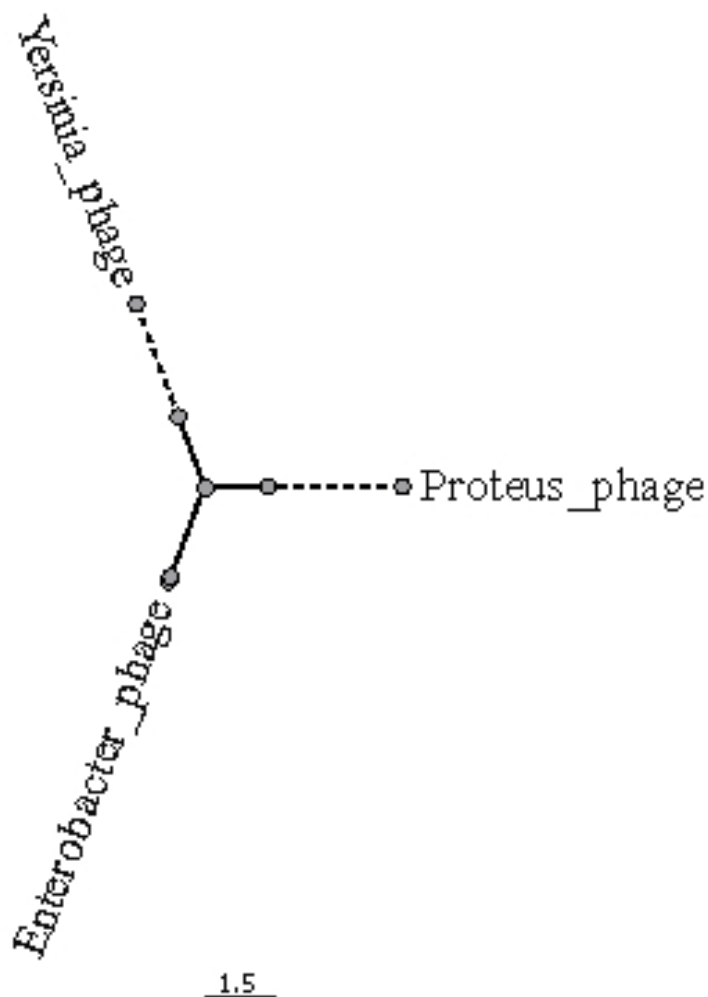


Рисунок 489 - Филогенетическое дерево соответствия генетической организации Proteus phage (Pr 4 – УГСХА), Enterobacter phage (E7) и Yersinia phage (Ye3-f2)

Таблица 227 - Соответствие геномов Proteus phage (Pr 4 – УГСХА), Enterobacter phage (E7) и Yersinia phage (Ye3-f2)

	Yersinia_phage	Proteus_phage	Enterobacter_phage
Yersinia_phage	39210	12274	10032
Proteus_phage	12274	44580	10596
Enterobacter_phage	10032	10596	36030

Таблица 228 - Относительное соответствие геномов Proteus phage (Pr 4 – УГСХА), Enterobacter phage (E7) и Yersinia phage (Ye3-f2)

	Yersinia_phage	Proteus_phage	Enterobacter_phage
Yersinia_phage	100%	31%	26%
Proteus_phage	28%	100%	24%
Enterobacter_phage	28%	29%	100%

Поскольку соответствие между геномами Proteus phage (Pr 4 – УГСХА), Enterobacter phage (E7) и Yersinia phage (Ye3-f2) составляет от 24 до 31%, организация их в общую группу не представляется целесообразной. Исходя из этого нами были разработаны системы для ПЦР типирования групп бактериофагов в соответствии с их филогенетическим родством.

На основании сиквенсовых данных было построено филогенетическое дерево соответствия ДНК Proteus phage (Pr 4 – УГСХА) возможным аналогиям (рис. 490).

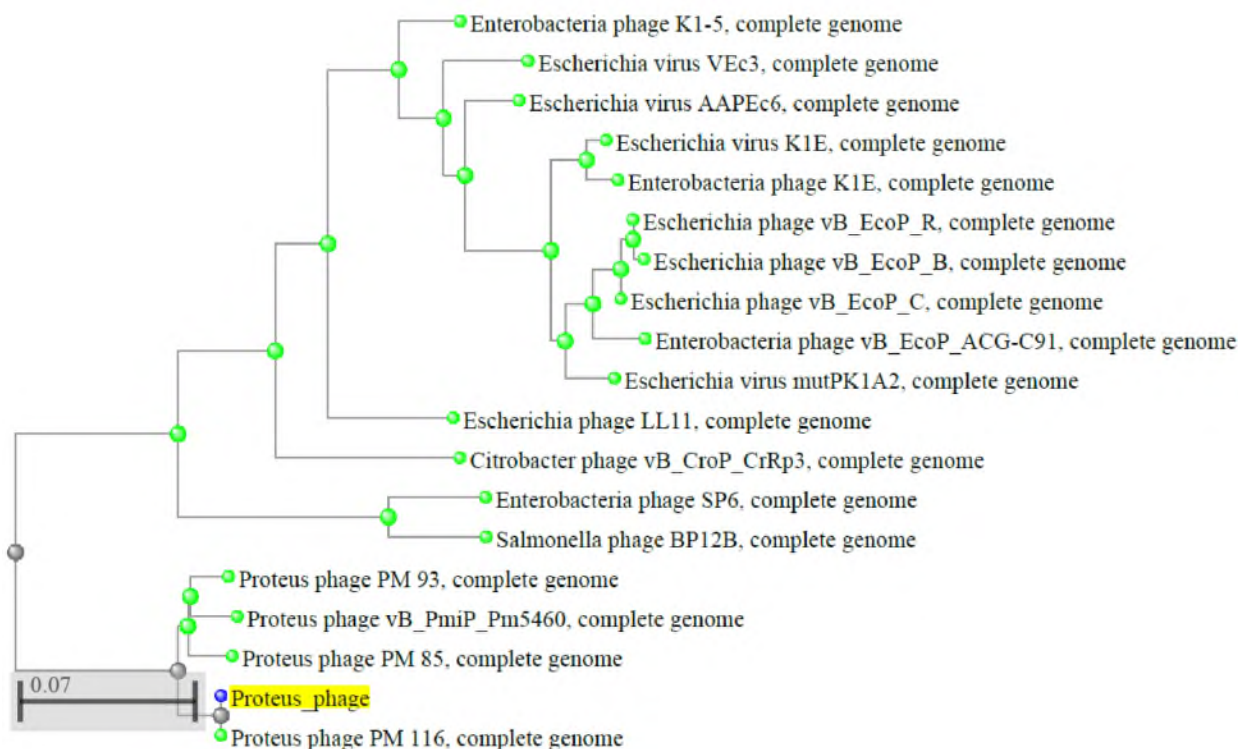


Рисунок 490 - Филогенетическое дерево соответствия ДНК Proteus phage (Pr 4 – УГСХА) возможным аналогиям

Затем был определен фрагмент для разработки системы праймеров для целей генетической идентификации и определения типовой принадлежности к группе бактериофагов, активных в отношении *Proteus* spp. Специфичный фрагмент расположен в области генома 3700-4500 п.н. (рис. 491).

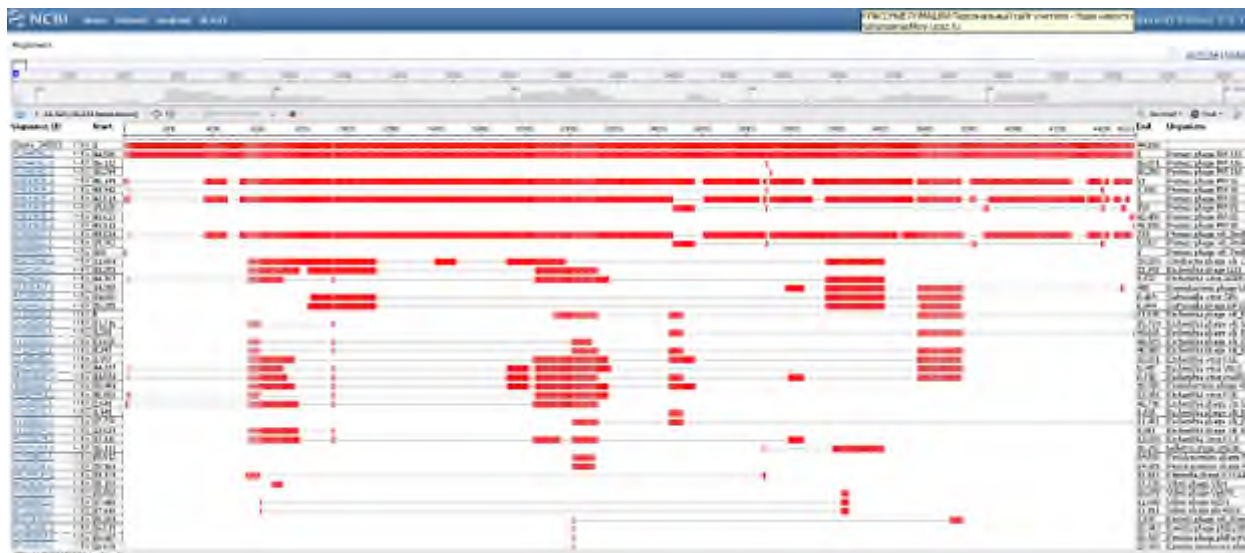


Рисунок 491 - Множественное выравнивание последовательности ДНК *Proteus* phage Pr 4 – УГСХА

При использовании системы BLAST были определены несколько пар праймеров (рис. 492-493).



Рисунок 492 - Системы праймеров на последовательности ДНК *Proteus* phage Pr 4 – УГСХА

После синтеза праймеров были проведены эксперименты (рис. 494) по индикации определяемых фрагментов генома *Proteus* phage Pr 4 – УГСХА, позволяющие проводить скрининг наличия бактериофага непосредственно в материале без этапов выделения и очистки.

Primer pair 1										
	Sequence (5'→3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity	
Forward primer	AGCGCCCAATACCATACTTATCA	Plus	23	4364	4386	59.67	43.48	4.00	2.00	
Reverse primer	TGGTGCTCGTAACTCTATGC	Minus	20	4488	4469	57.42	50.00	3.00	2.00	
Internal oligo	TCAGCAGGGGTACACCTTGAC	Plus	23	4417	4439	58.58	56.52			
Product length	125									
Products on intended target										
▶K0946987.1 Proteus phage PM 116, complete genome										
product length = 125										
Forward primer	1	AGCGCCCAATACCATACTTATCA	23							
Template	40217	.....	40195							
Reverse primer	1	TGGTGCTCGTAACTCTATGC	20							
Template	40093	.....	40112							
Primer pair 2										
	Sequence (5'→3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity	
Forward primer	GGCGCCCAATACCATACTTATCA	Plus	22	4365	4386	58.33	45.45	4.00	2.00	
Reverse primer	GGTGCTCGTAACTCTATGC	Minus	21	4490	4470	58.19	52.38	3.00	1.00	
Internal oligo	TCAGCAGGGGTACACCTTGAC	Plus	23	4417	4439	58.58	56.52			
Product length	126									
Products on intended target										
▶K0946987.1 Proteus phage PM 116, complete genome										
product length = 126										
Forward primer	1	GGCGCCCAATACCATACTTATCA	22							
Template	40216	.....	40195							
Reverse primer	1	GGTGCTCGTAACTCTATGC	21							
Template	40091	.....	40111							
Primer pair 3										

Рисунок 493 - Дизайн праймеров на последовательности ДНК Proteus phage Pr 4 – УГСХА

### Качественный анализ

Номер лунки	Идентификатор пробирки	Ср. Fam	Ср. Hex	Результат
A1	Образец_1	13,4		+
A2	Образец_2	13,9		+
A3	Образец_3	16,8		+
B2	Образец_4			-
D7	Образец_5			-
D8	К-			-

### Зависимость флуоресценции канала FAM от номера

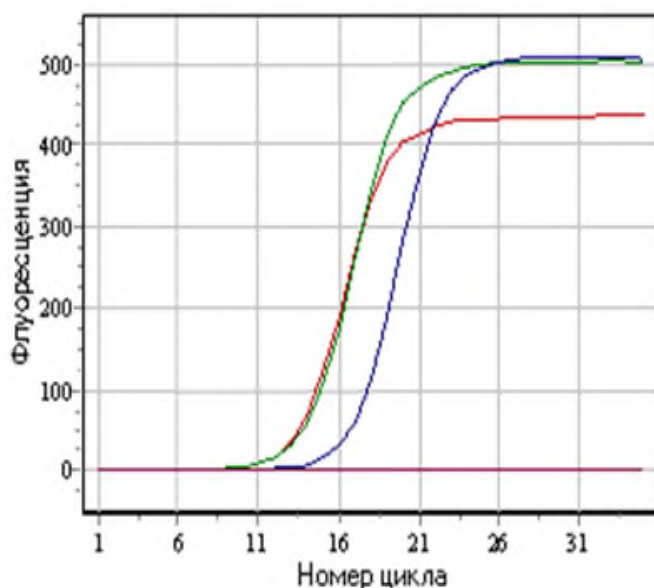


Рисунок 494 - График амплификации специфических фрагментов при идентификации ДНК Proteus phage: образец 1 - Pr 4 – УГСХА, образец 2 – Pr 6 – УГСХА, образец 3 – Pr 7 – УГСХА

На основании сиквенсовых данных было построено филогенетическое дерево соответствия ДНК Enterobacter phage (E7) возможным аналогиям (рис. 495).

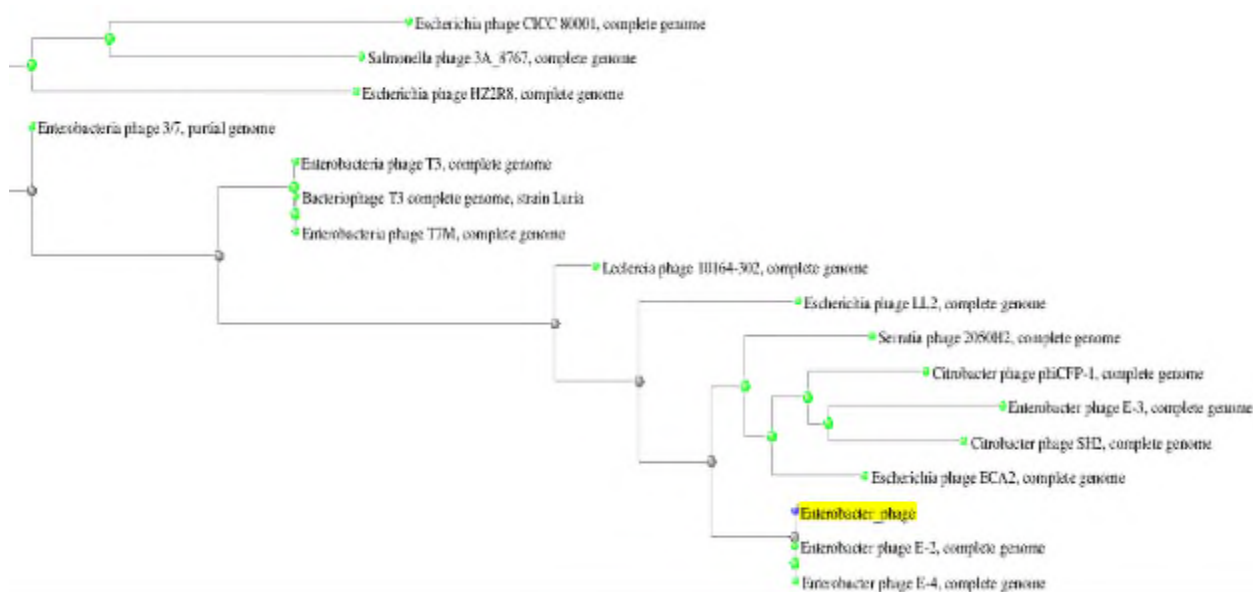


Рисунок 495 - Филогенетическое дерево соответствия ДНК Enterobacter phage E7 возможным аналогиям

Затем был определен фрагмент для разработки системы праймеров для целей генетической идентификации и определения типовой принадлежности к группе бактериофагов, активных в отношении Enterobacter spp. Высокоспецифичного фрагмента, характерного только Enterobacter phage E7 в геноме не выявлено, однако существуют области, при совместном использовании ПЦР для которых, позволит детектировать только геном данной группы. На рис. 496 четко выделены две области 17500-18000 п.н. и 26500-27500 п.н., одновременное выявление которых характерно только для Enterobacter phage.

При помощи BLAST были определены 2 системы праймеров для одновременного выявления фрагментов генома, характерных для группы бактериофагов, активных в отношении Enterobacter (рис. 497-500)



Рисунок 496 - Множественное выравнивание последовательности ДНК Enterobacter phage E7



Рисунок 497 - Системы праймеров на последовательности ДНК Enterobacter phage в области 17500-18000 п.н.

Primer pair 1	Sequence (5'>3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	ACCGGCAATTCCTCCAGTT	Plus	20	17619	17638	59.89	50.00	4.00	1.00
Reverse primer	CGATGTGTTAGCGAGCGTG	Minus	20	17912	17893	59.98	55.00	4.00	0.00
Internal oligo	GATGCCAGCCAGTCTCCCG	Plus	20	17973	17892	60.11	70.00		
Product length			294						
<b>Products on intended target</b>									
->KP791807.1 Enterobacter phage E-4, complete genome									
product length = 294									
Forward primer 1	ACCGGCAATTCCTCCAGTT	20							
Template	17619	17638							
Reverse primer 1	CGATGTGTTAGCGAGCGTG	20							
Template	17912	17893							
->KP791805.1 Enterobacter phage E-2, complete genome									
product length = 294									
Forward primer 1	ACCGGCAATTCCTCCAGTT	20							
Template	17619	17638							
Reverse primer 1	CGATGTGTTAGCGAGCGTG	20							
Template	17912	17893							
<b>Products on potentially unintended templates</b>									
->MF295001.1 Senftenberg phage 2050H2, complete genome									
product length = 294									
Forward primer 1	ACCGGCAATTCCTCCAGTT	20							
Template	4574	4555							
Reverse primer 1	CGATGTGTTAGCGAGCGTG	20							
Template	4261	4308							
->MH177709.1 Escherichia phage LL2, complete genome									
product length = 294									
Forward primer 1	ACCGGCAATTCCTCCAGTT	20							
Template	4008	3989							
Reverse primer 1	CGATGTGTTAGCGAGCGTG	20							
Template	3715	3734							

Рисунок 498 - Дизайн праймеров на последовательности ДНК Enterobacter phage в области 17500-18000 п.н.



Рисунок 499 - Системы праймеров на последовательности ДНК Enterobacter phage в области 26500-27500 п.н.



Primer pair 1									
	Sequence (5'-3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CACCATCTACTCGTCGGTCG	Plus	20	26644	26663	59.97	60.00	3.00	3.00
Reverse primer	GTACGACCGCGCTATCAAGA	Minus	20	27074	27055	59.97	55.00	4.00	2.00
Internal oligo	TCCGCGATTGCTCGCTGCACA	Plus	20	27003	27022	60.04	60.00		
Product length	431								
<b>Products on intended target</b>									
> <a href="#">KP791807.1</a> Enterobacter phage E-4, complete genome									
product length	= 431								
Forward primer	1 CACCATCTACTCGTCGGTCG 20								
Template	29735 .....								
Reverse primer	3 GTACGACCGCGCTATCAAGA 20								
Template	38165 .....								
> <a href="#">KP791805.1</a> Enterobacter phage E-2, complete genome									
product length	= 431								
Forward primer	1 CACCATCTACTCGTCGGTCG 20								
Template	26644 .....								
Reverse primer	1 GTACGACCGCGCTATCAAGA 20								
Template	27874 .....								
<b>Products on potentially unintended templates</b>									
> <a href="#">K0130726.1</a> Escherichia phage EOA2, complete genome									
product length	= 431								
Forward primer	1 CACCATCTACTCGTCGGTCG 20								
Template	9252 .....								
Reverse primer	1 GTACGACCGCGCTATCAAGA 20								
Template	8822 .....								
> <a href="#">KT008108.1</a> Yersinia phage phiYe-F10, complete genome									
product length	= 431								
Forward primer	1 CACCATCTACTCGTCGGTCG 20								
Template	32013 .....								
Reverse primer	1 GTACGACCGCGCTATCAAGA 20								
Template	31583 .....								

Рисунок 500 - Дизайн праймеров на последовательности ДНК Enterobacter phage в области 26500-27500 п.н.

После синтеза праймеров были проведены эксперименты (рис. 501) по индикации определяемых фрагментов генома Enterobacter phage E7 (обязательное наличие фрагментов, фланкируемых двумя системами праймеров), позволяющие проводить скрининг наличия бактериофага непосредственно в материале без этапов выделения и очистки.

На основании сиквенсовых данных было построено филогенетическое дерево соответствия ДНК Yersinia phage Ye3-f2 возможным аналогиям (рис. 502).

Затем был определен фрагмент для разработки системы праймеров для целей генетической идентификации и определения типировой принадлежности к группе бактериофагов, активных в отношении Yersinia spp. Высокоспецифичного фрагмента, характерного только Yersinia phage Ye3-f2 в геноме не выявлено, однако существуют области, при совместном использовании ПЦР для которых, позволит детектировать только геном данной группы. На рис. 503 четко выделены две области 2000-2500 п.н. и

24100-24300 п.н., одновременное выявление которых характерно только для *Yersinia* phage.

**Качественный анализ**

Номер лунки	Идентификатор пробирки	Ср. Fam	Ср. Hex	Результат
A1	Образец 1	19.2		+
A2	Образец 2			-
A3	Образец 3	22.1		+
A4	Образец 4	21.9		+
B3	Образец 1	13.5		+
B4	Образец 2	14.2		+
B5	Образец 3	17.7		+
B6	Образец 4	21.0		+
C4	К-			-

**Зависимость флуоресценции канала FAM от номера**

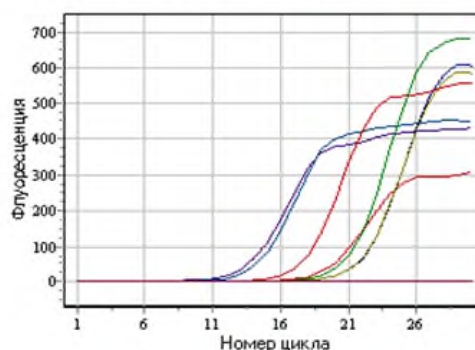


Рисунок 501 - График амплификации специфических фрагментов при идентификации ДНК *Enterobacter* phage в областях 17500-18000 п.н. и 26500-27500 п.н.: образец 1 – E3, образец 2 – E4, образец 3 – E6, образец 4 – E7

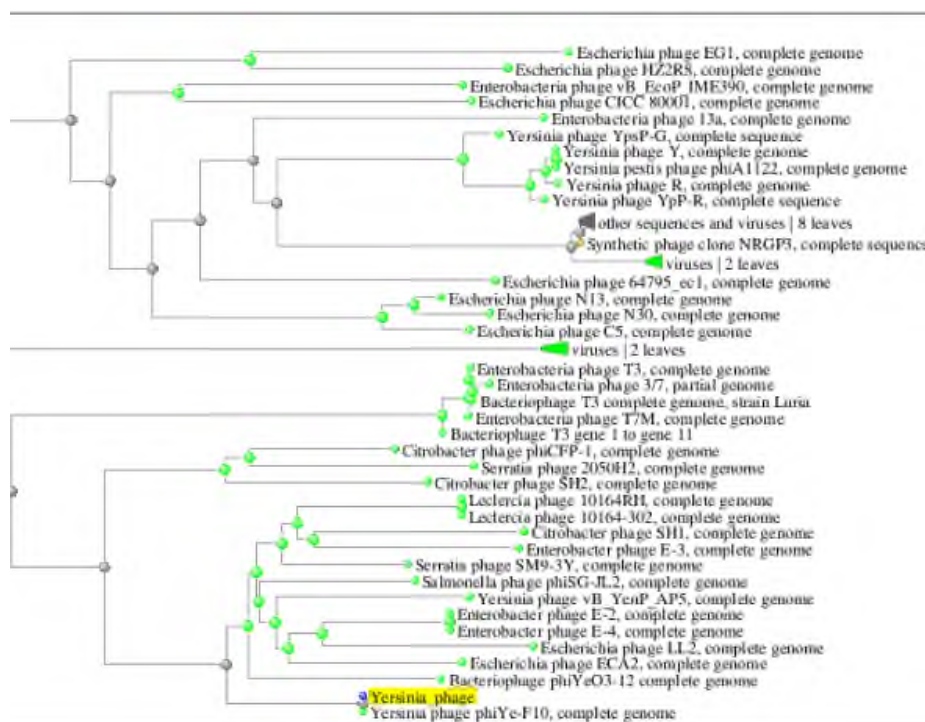


Рисунок 502 - Филогенетическое дерево соответствия ДНК *Yersinia* phage Ye3-f2 возможным аналогиям

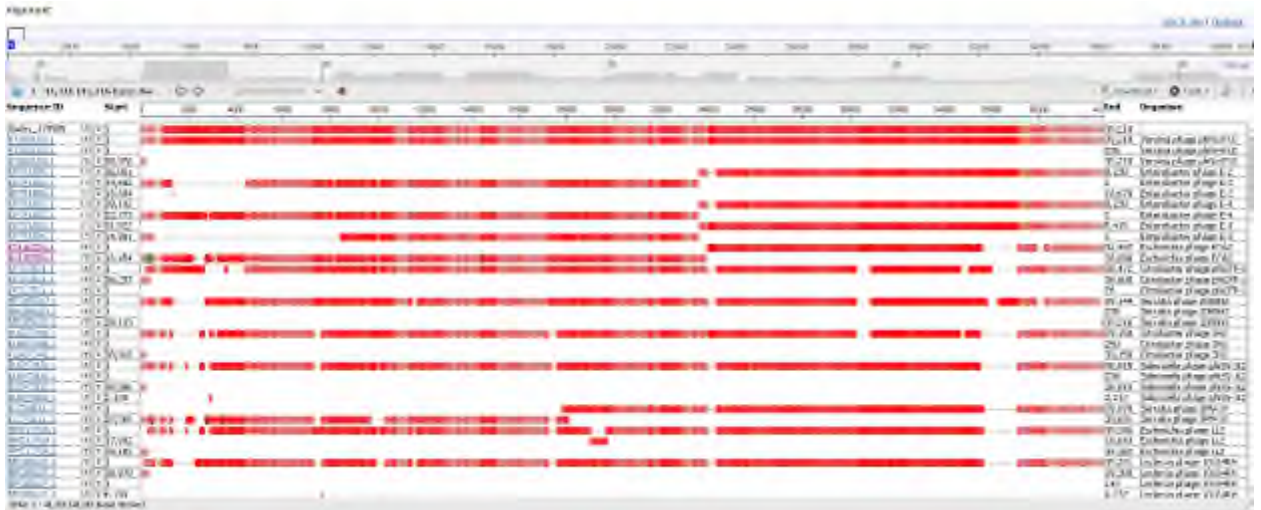


Рисунок 503 Множественное выравнивание последовательности ДНК *Yersinia* phage Ye3-f2

При помощи BLAST были определены 2 системы праймеров для одновременного выявления фрагментов генома, характерных для группы *Yersinia* phage (рис. 504-507).



Рисунок 504 Системы праймеров на последовательности ДНК *Yersinia* phage в области 2000-2500 п.н.

Primer pair 1									
	Sequence (5'→3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	TACGGCTGTATGGAGGTGA	Plus	20	2060	2079	60.03	55.00	6.00	1.00
Reverse primer	ATCAATCATTCAGCCCGCA	Minus	20	2285	2266	60.11	50.00	5.00	1.00
Internal oligo	CCACGGGTCAATGGGAAGCACC	Plus	22	2149	2170	59.99	63.64		
Product length	226								
Products on intended target									
->ICT008108.1 Yersinia phage phiYe-F10, complete genome									
product length =	226								
Forward primer 1	TACGGCTGTATGGAGGTGA	20							
Template	2060	.....	2079						
Reverse primer 1	ATCAATCATTCAGCCCGCA	20							
Template	2285	.....	2266						
Primer pair 2									
	Sequence (5'→3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GTACGGCTGTATGGAGGTGA	Plus	20	2059	2078	59.90	60.00	6.00	0.00
Reverse primer	AGTCCGATTAOTCCTCCAT	Minus	20	2493	2474	60.11	50.00	3.00	2.00
Internal oligo	AGCAACATGTGCGGGCTGGA	Plus	20	2257	2276	59.27	60.00		
Product length	435								
Products on intended target									
->ICT008108.1 Yersinia phage phiYe-F10, complete genome									
product length =	435								
Forward primer 1	GTACGGCTGTATGGAGGTGA	20							
Template	2059	.....	2078						
Reverse primer 1	AGTCCGATTAGTCCCAT	20							
Template	2493	.....	2474						

Рисунок 505 - Дизайн праймеров на последовательности ДНК *Yersinia* phage в области 2000-2500 п.н.

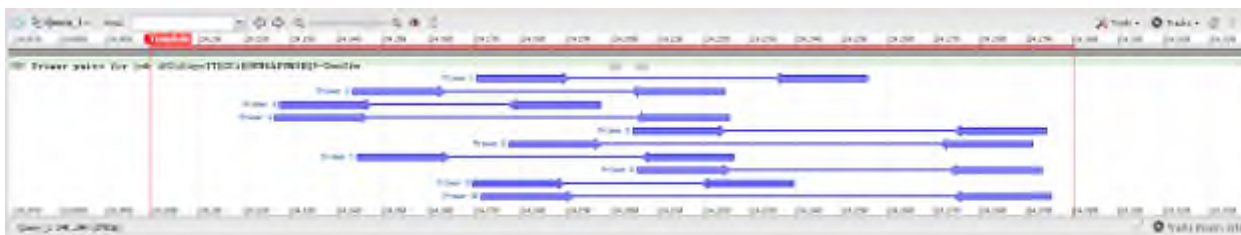


Рисунок 506 - Системы праймеров на последовательности ДНК *Yersinia* phage в области 24100-24300 п.н.

Primer pair 1									
	Sequence (5'→3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	ACCTTCGGATGGTAAACGGTG	Plus	20	24171	24190	59.75	55.00	7.00	1.00
Reverse primer	AGGTTGACCGATTGGTCGTT	Minus	20	24255	24236	59.60	50.00	8.00	2.00
Internal oligo	ACCOCGAAAGTGGTTGTGCAGA	Plus	21	24213	24233	59.17	57.14		
Product length	85								
<b>Products on intended target</b>									
->KT008108.1 <i>Yersinia</i> phage phiYe-F10, complete genome									
product length = 85									
Forward primer	1 ACCTTCGGATGGTAAACGGTG	20							
Template	24171 .....	24190							
Reverse primer	1 AGGTTGACCGATTGGTCGTT	20							
Template	24255 .....	24236							
<b>Products on potentially unintended templates</b>									
->MF285670.1 <i>Serratia</i> phage 2050H2, complete genome									
product length = 85									
Forward primer	1 ACCTTCGGATGGTAAACGGTG	20							
Template	23947 .....	23966							
Reverse primer	1 AGGTTGACCGATTGGTCGTT	20							
Template	24031 .....	24012							
->CP313531.1 <i>Citrobacter</i> phage phiCFP-1, complete genome									
product length = 85									
Forward primer	1 ACCTTCGGATGGTAAACGGTG	20							
Template	23387 .....	23406							
Reverse primer	1 AGGTTGACCGATTGGTCGTT	20							
Template	23471 .....	23452							

Рисунок 507 - Дизайн праймеров на последовательности ДНК *Yersinia* phage в области 24100-24300 п.н.

После синтеза праймеров были проведены эксперименты (рис. 508) по индикации определяемых фрагментов генома бактериофагов, активных в отношении *Yersinia* (обязательное наличие фрагментов, фланкируемых двумя системами праймеров), позволяющие проводить скрининг наличия бактериофага непосредственно в материале без этапов выделения и очистки.

В результате проведенных исследований были разработаны системы праймеров для ПЦР типирования бактериофагов *Protes*, *Enterobacter* и *Yersinia* групп. Данные системы позволяют определять наличие бактериофагов, относящихся к определенным группам в материале, полученном из объектов окружающей среды и патологического материала.

### Качественный анализ

Номер пункти	Идентификатор пробирки	Ср. Fam	Ср. Hex	Результат
A1	Образец_1	13,6		+
A2	Образец_2	13,7		+
A3	Образец_3	16,9		+
A4	Образец_4	16,3		+
B1	Образец_1	19,0		+
B2	Образец_2			-
D6	Образец_3			-
D7	Образец_4			-
D8	К-			-

### Зависимость флуоресценции канала FAM от номера

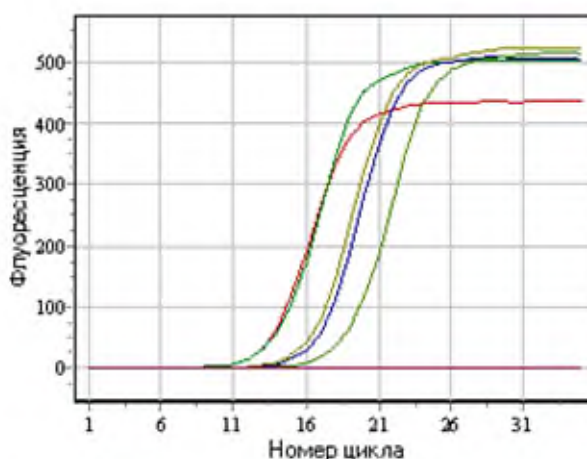


Рисунок 508 - График амплификации специфических фрагментов при идентификации ДНК *Yersinia phage* в областях 2000-2500 п.н. и 24100-24300 п.н.: образец 1 - Ye3-f2, образец 2 – Ye2-f3, образец 3 – Ye1-f4, образец 4 – Ye2-f5

Данная характеристика, наряду с высокой специфичностью, характерной для всех типов молекулярно-генетических исследований, позволяет использовать разработанные системы при скринингах бактериофагов указанных групп при детекции фрагмента генома размером 125 п.н. в области 3700-4500 п.н. ДНК *Proteus phage* (Pr 4 – УГСХА); размерами 294 и 431 п.н. в областях 17500-18000 и 26500-27500 п.н. соответственно ДНК *Enterobacter phage* (E7) и размерами 226 и 85 п.н. в



Таблица 229 – Характеристика праймеров к участкам гена *ail* генома фагов, активных в отношении *Yersinia enterocolitica*

Параметр	Характеристика
<i>участок гена ail</i>	
Прямой праймер (f) 5'-3'	AATGTGTACGCTGCGAGTGA
Обратный праймер (r) 5'-3'	CGGCCCCCAGTAATCCATAAA
Расчетная температура плавления прямого праймера	60,0°C
Расчетная температура плавления обратного праймера	59,9°C
Теоретическая специфичность	<i>Yersinia enterocolitica ail gene</i>
Длина амплифицируемого участка (п.о.)	292

Результаты экспериментальных исследований индикации специфического фрагмента гена *ail* культур *Yersinia enterocolitica* с разработанными системами олигонуклеотидов представлены на рисунок 510.

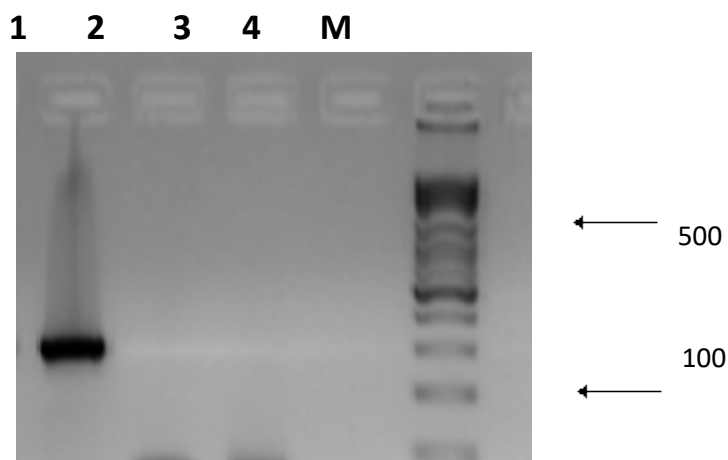


Рисунок 510 - Индикация фрагмента гена *ail* культур *Yersinia enterocolitica*. М – маркер молекулярного веса, 1 – положительный контроль, 2 – отрицательный контроль, 3-4 – ДНК бактериофага *Ye3-f2*, специфичного в отношении *Yersinia enterocolitica*

### *Proteus spp.*

Для *Proteus spp.* был выбран фрагмент гена *toxin RelE*. Данные по подобранным праймерам представлены на рисунке 511 и в таблице 230.

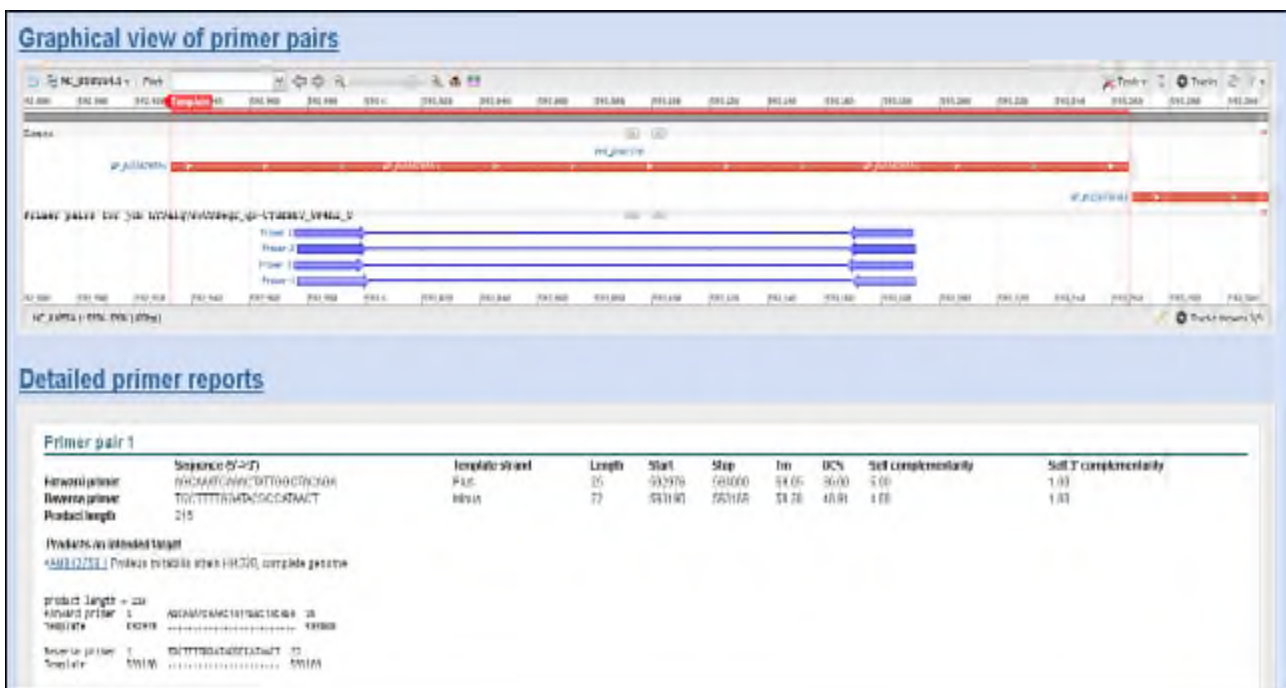


Рисунок 511 - Варианты праймерных систем для амплификации гена *toxin RelE* генома фагов, активных в отношении *Proteus spp.*

Результаты экспериментальных исследований индикации специфического фрагмента гена *RelE* культур *Proteus spp.* с разработанными системами олигонуклеотидов представлены на рисунке 512.

Таблица 230 – Характеристика праймеров к участкам гена *toxin RelE* генома фагов, активных в отношении *Proteus spp.*

Параметр	Характеристика
<b>участок гена <i>toxin RelE</i></b>	
Прямой праймер (f) 5'-3'	AGCAAATCAAAC TATTGGCTACAGA
Обратный праймер (r) 5'-3'	TGCTTTTGGATACGCCATAACT
Расчетная температура плавления прямого праймера	60,0°C
Расчетная температура плавления обратного праймера	59,9°C
Теоретическая специфичность	<i>Proteus mirabilis, Proteus vulgaris RelE gene</i>
Длина амплифицируемого участка (п.о.)	215



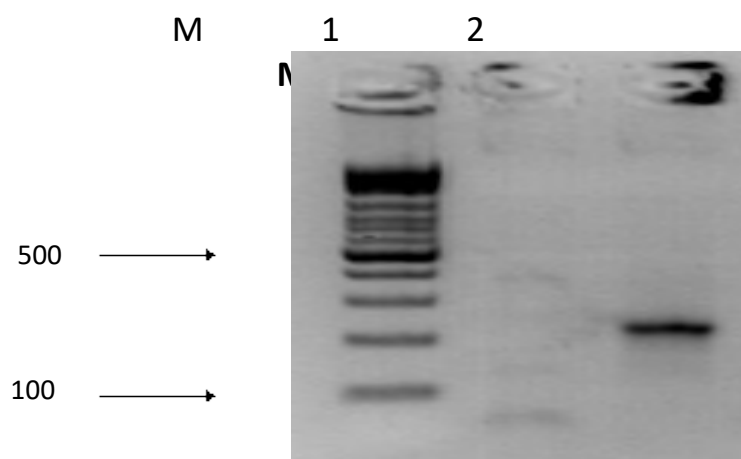


Рисунок 512 - Индикация фрагмента гена *RelE*: М – маркер молекулярного веса, 1 – ДНК бактериофага *Pr – 4 УГСХА*, специфичного в отношении *Proteus spp.*, 2- положительный контроль

### *Enterobacter spp.*

Для *Enterobacter spp.* был также выбран фрагмент гена *toxin RelE*, кодирующего локус гена инвазивного белка. Данные по подобранным праймерам представлены на рисунке 513 и в таблице 231.

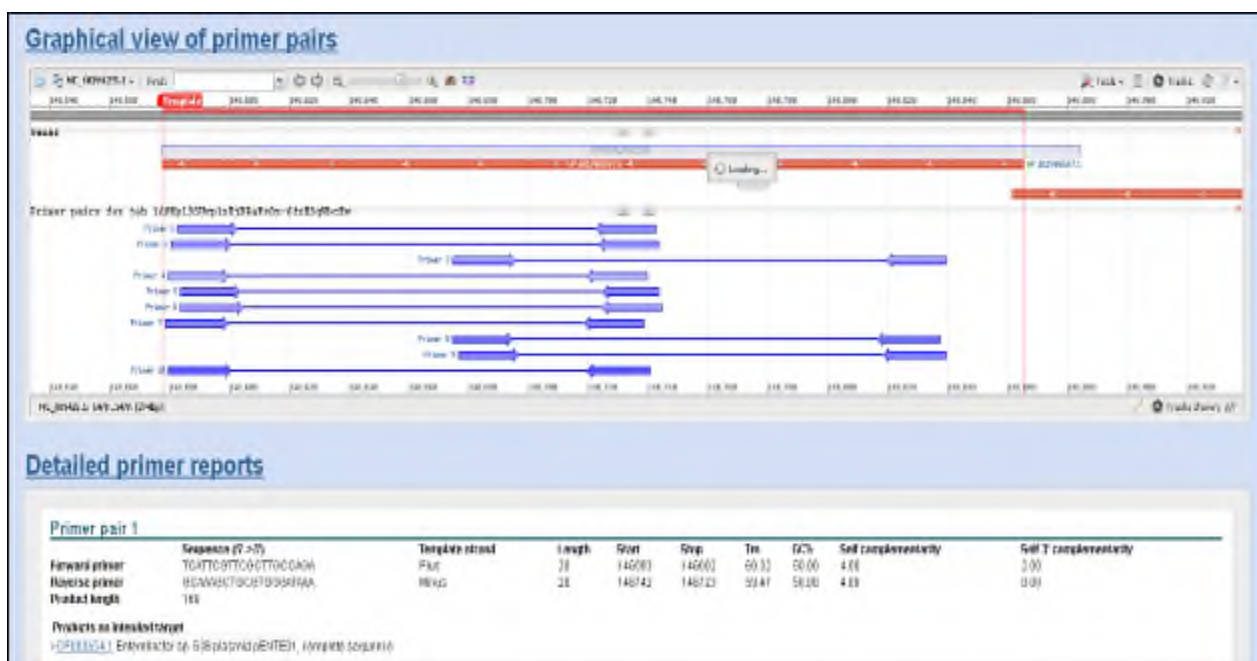


Рисунок 513 - Варианты праймерных систем для амплификации гена *toxin RelE* генома фагов, активных в отношении *Enterobacter spp.*

Таблица 231 – Характеристика праймеров к участкам гена *toxin RelE* генома фагов, активных в отношении *Enterobacter spp.*

Параметр	Характеристика
<b>участок гена <i>toxin RelE</i></b>	
Прямой праймер (f) 5'-3'	TCATTCGTTTCGCTTGCCAGA
Обратный праймер (r) 5'-3'	GCAAAGCTGCGTGGGATAAA
Расчетная температура плавления прямого праймера	59.0°C
Расчетная температура плавления обратного праймера	59.0°C
Теоретическая специфичность	<i>Enterobacter sp. plasmid pENTE01 toxin RelE gene</i>
Длина амплифицируемого участка (п.о.)	160

Результаты экспериментальных исследований индикации специфического фрагмента гена *RelE* культур *Enterobacter spp.* с разработанными системами олигонуклеотидов представлены на рисунке 514.

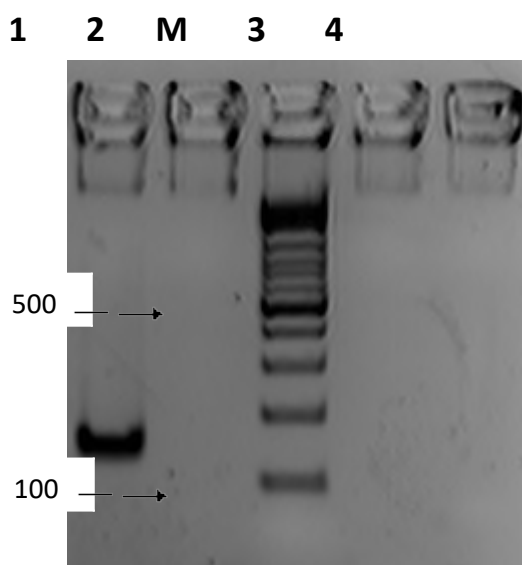


Рисунок 514 - Индикация фрагмента гена *RelE*: М – маркер молекулярного веса, 1- положительный контроль, 2- отрицательный контроль, 3-4 – ДНК бактериофагов Е4 и Е7, специфичного в отношении *Enterobacter spp.* ,

Были разработаны системы ПЦР-детекции основных факторов патогенности, которые могут потенциально нести в себе геномы исследуемых бактериофагов. Так для *Yersinia* phage был выбран фрагмент гена *ail*, кодирующего локус гена инвазивного белка, для *Proteus* phage был выбран фрагмент гена *toxin RelE*, для *Enterobacter* phage был также выбран фрагмент гена *toxin RelE*, кодирующего локус гена инвазивного белка.

В результате проведенных экспериментов в геномах выделенных и селектированных бактериофагов, перспективных в отношении обработки пищевых продуктов, локусов патогенности выявлено не было.

# 11. КЛАССИФИКАЦИОННАЯ БАЗА ИССЛЕДОВАННЫХ БАКТЕРИОФАГОВ НА ОСНОВЕ КРИТЕРИЕВ БИОЛОГИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИКИ ОСОБЕННОСТЕЙ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ФАГ-ХОЗЯИН И ОСОБЕННОСТЕЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ОРГАНИЗАЦИИ И ХАРАКТЕРИСТИКИ ПРОТЕОМА БАКТЕРИОФАГОВ

Таблица 232 - Классификационная база исследованных бактериофагов

Характеристика бактериофага	Название бактериофагов рода <i>Proteus</i>								Название бактериофагов рода <i>Enterobacter</i>							Название бактериофагов <i>Y. enterocolitica</i>					Название бактериофагов рода <i>Citrobacter</i>				
	Pr - 1 УГ-	Pr - 2 УГ-	Pr - 3 УГ-	Pr - 4 УГ-	Pr - 5 УГ-	Pr - 6 УГ-	Pr - 7 УГ-	Pr - 8 УГ-	E 1	E 2	E 3	E 4	E 5	E 6	E 7	Ye2-f1	Ye3-f2	Ye2-f3	Ye1-f4	Ye2-f5	СП-1	СП-2	СП-3	СП-4	
Биологические и биотехнологические характеристики бактериофагов и особенности их взаимодействия в системе фаг-хозяин																									
Морфология бляшкообразующих единиц, см	0,3±0,1	0,2±0,1	0,4±0,1	0,4±0,1	0,3±0,1	0,5±0,1	0,6±0,1	0,3±0,1	до 0,1	0,4±0,	до 0,1	0,4±0,	0,4±0,	0,4±0,	0,4±0,	до 0,1	0,8±0,	1,0±0,	0,7±0,	0,3±0,	1,0±0,	3,5±1,	2,3±0,	2,0±0,	2,1±0,
Соотношение фаг- культура для культивирования, мл	0,3 / 0,3	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,3 / 0,3	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,5	0,2 / 0,2	0,2 / 1,0	0,2 / 0,5	0,2 / 0,5	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2	0,2 / 0,2
Время пассажа системы фаг- культура, ч	3,5	3,0	3,5	3,5	3,5	3,5	3,0	3,5	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0
Литическая активность, БОЕ/мл	2,3±0,1x10 <sup>8</sup>	1,7±0,2x10 <sup>7</sup>	4,5±0,1x10 <sup>8</sup>	1,9±0,1x10 <sup>9</sup>	5,6±0,3x10 <sup>7</sup>	1,3±0,2x10 <sup>9</sup>	4,2±0,2x10 <sup>6</sup>	3,9±0,1x10 <sup>8</sup>	7,4±0,2x 0 <sup>8</sup>	1,2±0,2 x	1,6±0,2 x	3±0,2 x 10 <sup>9</sup>	3±0,2 x 10 <sup>8</sup>	2,8±0,2 x 10 <sup>9</sup>	1,8±0,2x 10 <sup>10</sup>	1,2±0,1x10	1,5±0,1x10	3,8±0,1x10	2,8±0,1x10	1,9±0,1x10	6,0±0,1x10	6,0±0,1x10	3,0±0,1x10	3,0±0,1x10	

Литическая активность по Апельману	10 <sup>-7</sup>	10 <sup>-6</sup>	10 <sup>-7</sup>	10 <sup>-8</sup>	10 <sup>-6</sup>	10 <sup>-8</sup>	10 <sup>-5</sup>	10 <sup>-7</sup>	10 <sup>-8</sup>	10 <sup>-6</sup>	10 <sup>-7</sup>	10 <sup>-9</sup>	10 <sup>-7</sup>	10 <sup>-9</sup>	10 <sup>-10</sup>	10 <sup>-7</sup>	10 <sup>-9</sup>	10 <sup>-8</sup>	10 <sup>-6</sup>	10 <sup>-6</sup>	10 <sup>-4</sup>	10 <sup>-6</sup>	10 <sup>-8</sup>	10 <sup>-7</sup>
Специфичность, %	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
Спектр литического действия, количество анализируемых культур/ процент лизиса	42/28,6	42/40,5	42/42,9	42/78,6	42/42,9	42/71,4	42/50,0	42/45,2	21/38	21/52	21/19	21/76	21/62	21/57	21/81	37/64?8	37/56?7	37/91?9	37/32?4	37/37?8	8,8	14,7	17,6	11,8
Устойчивость к воздействию трихлорметана в соотношении 1:10, мин	10	10	10	15	10	15	10	15	40	40	40	40	40	40	40	40	40	40	40	40	10	10	40	10
Устойчивость к воздействию температуры в течение 30 мин, °С	66	64	66	70	66	66	66	64	80	80	80	80	80	80	85	70	58	60	80	58	83	83	86	83
Показатель литической активности через 12 месяцев хранения при t =-2-4°С				3,1±0,2x10 <sup>8</sup>		6,3±0,1x10 <sup>8</sup>	2,1±0,1x10 <sup>5</sup>					0,7±0,2 x		1,9±0,2 x	0,9±0,2 x 10 <sup>10</sup>	0,6±0,1x1	0,7±0,1x1	1,9±0,1x1						
Показатель литической активности через 24 месяцев хранения при t =-2-4°С				2,9±0,2x10 <sup>7</sup>		0,3±0,1x10 <sup>8</sup>	2,4±0,1x10 <sup>4</sup>					6,3±0,2 x		1,2±0,2 x	6,9±0,2 x 10 <sup>8</sup>		3,2±0,1x1	4,1±0,1x1						
Показатель литической активности через 32 месяца хранения при t =-2-4°С				1,2±0,1x10 <sup>7</sup>		0,5±0,1x10 <sup>7</sup>	0,9±0,1x10 <sup>4</sup>					2,2±0,2 x		1,3±0,2 x	1,5±0,2 x 10 <sup>8</sup>	1,2±0,1x10	4,7±0,1x10	7,8±0,1x10						

Константа скорости адсорбции, см <sup>3</sup> /мин <sup>-1</sup>				4,2		4,1	4,4				4,4		5,8	4,8	4,04	4,4	6,1				
Латентный период, мин				24-25		24-25	24-25				19-20		24-25	24-25	19	44-45	39-40				
Урожайность, вирусных частиц на одну микробную клетку				52,7		52,7	52,7				110,4		124,6	101,4	239,4	72	62,14				
Особенности генетической организации и характеристика протеома бактериофагов																					
Длина цепи, п.н.				44 580										36 030		39 210					
G/C-состав, %				39,21										50,64		50,70					
Молекулярный вес, кДа				13712										11103		12145					
Молярный коэффициент, I/mol				484 40 9 600										382 13 7 600		429 40 5 100					

Температура плавления, °С				80,96											85,64		85,67							
µg/OD <sub>260</sub>				28,31											29,05		28,28							
A, %				29,2											23,1		26,1							
C, %				22,6											27,0		23,7							
G, %				16,6											23,7		27,0							
T, %				31,6											26,3		23,2							
Количество белков, выявленных электрофоретическим методом, ед				3											4		3							
Молекулярная масса белков, выявленных электрофоретическим методом, кДа				67, 77, 94											73, 81, 98, 124		72, 115,							

Количество белков, установленных в приложении SnapGene Viewer 4.1.9, ед			50											50		46							
Молекулярная масса белков, установленных в приложении SnapGene Viewer 4.1.9., кДа			5,5 до 140											5,5 до 139		4,1 до 144							
Количество белков, установленных в приложении BASys (Bacterial Annotation System), ед			55											41		48							
Молекулярная масса белков, установленных в приложении BASys (Bacterial Annotation System), кДа			от 3,4 до 140											4,1 до 143		4,1 до 143							



Разработана классификационная база исследованных бактериофагов на основе критериев биологических характеристики особенностей взаимодействия фаг-хозяин (морфология бляшкообразующих единиц, соотношение фаг-культура для культивирования, время пассажа системы фаг-культура, литическая активность, специфичность, спектр литического действия, устойчивость к воздействию трихлорметана в соотношении 1:10, устойчивость к воздействию температуры в течение 30 мин, показатель литической активности через 12-32 месяца хранения при  $t = 2-4^{\circ}\text{C}$ , константа скорости адсорбции, латентный период, урожайность, вирусных частиц на одну микробную клетку) и особенностей генетической организации и характеристики протеома бактериофагов (длина цепи, G/C-состав, молекулярный вес, молярный коэффициент, температура плавления,  $\mu\text{g}/\text{OD}_{260}$ , A, C, G, T, количество белков и их молекулярная масса, выявленных электрофоретическим методом, количество белков, установленных в приложении SnapGene Viewer 4.1.9, и их молекулярная масса; количество белков, установленных в приложении BASys (Bacterial Annotation System), и их молекулярная масса).

## **12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПО ОСОБЕННОСТЯМ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ, ХРАНЕНИЯ, ОЧИСТКИ И КОНЦЕНТРАЦИИ БАКТЕРИОФАГОВ, АКТИВНЫХ В ОТНОШЕНИИ ЭНТЕРОБАКТЕРИЙ, ИМЕЮЩИХ ВАЖНОЕ ЗНАЧЕНИЕ ДЛЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОЙ ВЕТЕРИНАРИИ**

### **Подготовка помещения и оборудования**

Перед началом дезинфекции проверяют эффективность вентиляционного оборудования и НЕРА фильтров. Боксированное помещение и ламинар обрабатывают при помощи аламинола. Дезинфекцию оборудования, предназначенного для розлива и укупорки флаконов с ТВС, а также поддонов для флаконов и емкости для крышек, проводят 70 % раствором спирта.

## Приготовление материалов

Перед стерилизацией осуществляют мойку стеклянной посуды. Стерилизацию лабораторной посуды осуществляют по следующему режиму: сухожаровой шкаф – 1 ч при 200 °С. Стерилизацию емкостей большого объема и частей перистальтического насоса (силиконовый шланг) проводят в автоклаве под давлением пара 1,2 атмосферы и рабочей температуре 121 °С, время стерилизации – 20 мин. Сухая стерилизация гамма-лучами стеклянных флаконов и крышек производится по контракту по следующей схеме: 18,5 кГр при скорости конвейера 3,0см/сек.

### 1.1 Параметры культивирования бактериофагов

Экспериментально установлено, что пассирование бактериофагов с применением следующих параметров: определенное соотношение культуры и фага (таблица 233-235) в 4,5 мл стерильного МПБ, культивирование в течение определенного времени (таблица 233-235) при  $(36\pm 1)^{\circ}\text{C}$ , позволяет получить достаточное количество фаголизата для исследований.

Таблица 233 –Количественные соотношения выделенных фагов и индикаторных культур и технологические параметры их культивирования

№ пп	Фаг	Технологические параметры культивирования		Оптимальное соотношение выделенного бактериофага и $18\pm 2$ часовой индикаторной культуры при концентрации микробных клеток равной не ниже $n \times 10^6$ (КОЕ/мл)
		временной интервал, ч	температурный режим, °С	
1.	Ye2-f1	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,5 мл
2.	Ye3-f2	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 0,2 мл
3.	Ye2-f3	6	$36\pm 1$	0,2 мл / 1,0 мл

### 1.2 Очистка бактериофагов

Очистку иерсиниозных и энтеробактерных бактериофагов от бактериальных клеток, эндотоксина и балластных веществ рекомендуется осуществлять методом стерилизующей фильтрации с помощью фильтрующей насадки фирмы «MilliporeMillex-GP» с полиэфирсульфоновым наполнителем и диаметром пор 0,22 мкм.

Таблица 234 –Количественные соотношения выделенных фагов и индикаторных культур и технологические параметры их культивирования

№	Название фага / индикаторная бактериальная культура	Технологические параметры культивирования		Оптимальное количественное соотношение выделенного бактериофага и 18±2 часовой индикаторной культуры при концентрации микробных клеток равной не ниже $n \times 10^6$ (КОЕ/мл)
		временной интервал, ч	температурный режим, °С	
1	Pr - 4 УГСХА	3,5	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
2	Pr - 6 УГСХА	3,5	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
3	Pr - 7 УГСХА	3,0	36±1	0,3 мл / 0,3 мл

Таблица 235 –Количественные соотношения выделенных фагов и индикаторных культур и технологические параметры их культивирования

№ пп	Фаг	Технологические параметры культивирования		Оптимальное соотношение выделенного бактериофага и 18±2 часовой индикаторной культуры при концентрации микробных клеток равной не ниже $n \times 10^6$ (КОЕ/мл)
		временной интервал, ч	температурный режим, °С	
1.	E4	6	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
2.	E6	6	36±1	0,2 мл / 0,2 мл
3.	E7	6	36±1	0,2 мл / 0,2 мл

Очистку бактериофагов *Proteus* от бактериальных клеток, эндотоксина и балластных веществ рекомендуется осуществлять осветляющей микрофильтрацией через мембраны Владипор марки МФАС-ОС-3 с размером пор 0,8 мкм, затем МФАС-ОС-2 с размером пор 0,45 мкм, которые представляют собой мелкопористый пленочный материал, изготовленный на основе смеси ацетатов целлюлозы. Затем фаголизаты подвергать стерилизующей фильтрации с помощью фильтрующей насадки фирмы «MilliporeMillex-GP» с полиэфирсульфоновым наполнителем и диаметром пор 0,22 мкм.

### 1.3 Концентрирование бактериофагов

Фаголизаты бактериофагов получали способом, запатентованным в РФ - патент №2525141 [110] 4,5 мл 18-часовой бактериальной культуры штамма-

хозяина в титре  $10^9$  КОЕ/мл засевают в матрац для культивирования – скошенная плотная питательная среда толщиной слоя от 10 мм до 25 мм, культивируют в течение 3,5 ч при оптимальной температуре для роста культуры штамма хозяина -  $36 \pm 1$  °С, затем на полученный газон культуры штамма-хозяина засевают маточный бактериофаг в титре  $10^6$ – $10^7$  БОЕ/мл, герметично закрывают сосуд для культивирования. Культивируют в течение 4–5 ч при оптимальной температуре для роста культуры штамма бактериофага и толщине слоя воздуха над поверхностью плотной питательной среды от 25 мм до 40 мм, получают фаголизат при суспендировании бактериофага с поверхности плотной питательной среды физиологическим раствором или буферным раствором с рН 7,0–7,2 в количестве 9–10 мл, отсасывают фаголизат в стерильную емкость, центрифугируют в течение 30 мин при 5000 об./мин, проводят трехступенчатую очистку (1.2), отбирают надосадочную жидкость в стерильные пробирки и проверяют титр по Грациа.

#### Протокол исследования титра фага по Грациа

1. Накануне опыта по чашкам Петри разливают 1,5% мясопептонный агар (МПА) в ламинарном боксе. Для подавления роста микрофлоры, которая может попасть из воздуха, к расплавленному МПА перед разливом добавляют 0,04% спиртовой раствор генцианвиолета из расчета 0,1 мл на каждые 100 мл МПА. Чашки с МПА ставят в термостат при  $(36 \pm 1)$  °С для проверки на стерильность на 6-16 часов.

2. Индикаторную культуру выращивают в условиях термостата в течение 16-18 часов при  $(28 \pm 1)$  °С на МПБ.

3. Стерильный 0,7% МПА, разлитый в пробирки по 2,5 мл, расплавляют на водяной бане и остужали до 46-48 °С.

4. Опыт. В пробирку с 2,5 мл 0,7% МПА вносят 0,2 мл индикаторной культуры и 0,2 мл фильтрата, исследуемого на наличие фага, круговыми движениями перемешивают в ладонях содержимое и выливают на слой 1,5 % МПА. Осторожными круговыми движениями распределяют

исследуемый материал по поверхности МПА, чашки Петри оставляют на горизонтальной поверхности до полного застывания верхнего слоя МПА.

5. Контроль культуры. В пробирку с 2,5 мл 0,7% МПА вносят 0,2 мл индикаторной культуры и 0,2 мл стерильного МПБ, круговыми движениями перемешивают в ладонях содержимое и выливают на слой 1,5 % МПА. Осторожными круговыми движениями распределяют исследуемый материал по поверхности МПА, чашки Петри оставляют на горизонтальной поверхности до полного застывания верхнего слоя МПА.

6. Контроль исследуемого субстрата. В пробирку с 2,5 мл 0,7% МПА вносят 0,2 мл фильтрата, исследуемого на наличие фага, и 0,2 мл стерильного МПБ, круговыми движениями перемешивают в ладонях содержимое и выливают на слой 1,5 % МПА. Осторожными круговыми движениями распределяют исследуемый материал по поверхности МПА, чашки Петри оставляют на горизонтальной поверхности до полного застывания верхнего слоя МПА.

7. Инкубируются посевы в условиях термостата при  $(36 \pm 1) ^\circ\text{C}$  в течение 18 часов.

Полученные отдельно бактериофаги в титре не менее  $10^{11}$  БОЕ/мл смешиваются в стерильной емкости, в равных объемах.

#### 1.4 Фасовка и хранение бактериофагов в жидком виде

Фаговый биопрепарат фасуют в асептических условиях по 100 мл в стеклянные флаконы и закрывают резиновыми пробками с алюминиевыми фиксаторам, объемом  $100 \pm 10$  мл по ГОСТ Р 53416-2009 [124]. Очищенные бактериофаги хранят в условиях бытового холодильника при температуре 2-4  $^\circ\text{C}$ .

#### 1.5 Фасовка и хранение бактериофагов в лиофилизированном виде

Подготовка стартерных культур пары бактериофаг – штамм-хозяин для хранения

Штаммы бактерий, используемые для наработки бактериофагов (таблица 236-238), лиофилизируют, используя сублимационную сушку

CoolSafe110 FreezeDryer. Штаммы бактерий в соотношении 1:1 смешивают с защитной средой (сахароза 20 %, желатин 1 %), разливают во флаконы по 2 мл и высушивают в течение 12 ч при давлении  $\leq 0,03$  гПа и при постепенном повышении температуры от -50 до +20°C.

Таблица 236 – Штаммы индикаторных бактерий для наработки бактериофагов *Y. enterocolitica*

Бактериофаг	Штамм
Ye2-f1	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2
Ye3-f2	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 3
Ye2-f3	<i>Y. enterocolitica</i> Ye – 2

Таблица 237 – Штаммы индикаторных бактерий для наработки *Enterobacter* бактериофагов

Бактериофаг	Штамм
E4	<i>E. dissolvens</i> 1
E6	<i>E. dissolvens</i> 3
E7	<i>E. cloacae</i> 1

Таблица 238 – Штаммы индикаторных бактерий для наработки *Proteus* бактериофагов

Бактериофаг	Штамм
Pr - 4 УГСХА	<i>Proteusvulgaris</i> 16
Pr - 6 УГСХА	<i>Proteusvulgaris</i> 28
Pr - 7 УГСХА	<i>Proteus vulgaris</i> 38

Фенотипически и молекулярно-генетически охарактеризованные штаммы бактериофагов лиофилизируют по схеме, соответствующей изложенной ниже, используя следующую защитную среду: сахароза 20 %, желатин 8 %.

Перед процессом лиофилизации проводят уборку помещения. Столы и оборудование протирают смесью из 70% спирта и 1% хлорамина. Включают бактерицидные лампы на 15 минут.

Ампулы, шприцы, иглы, хлопковая ткань, пробирки перед работой автоклавируются. Дно одной из сторон ампулы разбивают с помощью стеклянного пробойника и укладывают в штативы. Стабилизаторы и суспензии в соотношении 1:1 смешивают в стерильных пробирках. Перед разливом в ампулы пробирку слегка встряхивают для смешивания получившейся массы. Разливают по 1 мл в ампулы с помощью шприцов с металлическими иглами. После из ампул составляют «пучки» и сверху накрывают их хлопковой тканью для сохранения стерильности. Далее ампулы ставят на предварительную заморозку в холодильную камеру при температуре  $-45^{\circ}\text{C}$  на 18 часов. Достав ампулы из холодильника, переносят их в камеру лиофильной сушилки, предварительно положив мини холодильники под нижнюю полку камеры для поддержания еще большей минусовой температуры. Между ампулами также устанавливают датчик температуры для контроля. Накрывают колпаком и включают вакуум.

Для осуществления режима первичного высушивания в камере сублиматора создается вакуум для того, чтобы обеспечить свободную диффузию водяных паров от замороженной массы к охлажденной поверхности конденсатора. В общей сложности процесс лиофилизации длится 24 часа. Первые 12-14 часов температура возрастала от  $-30^{\circ}\text{C}$  до  $0^{\circ}\text{C}$ .

На протяжении большей части цикла сублимации высушиваемый продукт находится при значительно более низкой температуре, чем полки сублиматора. Лишь к концу этого цикла температура продукта сравнивается с температурой полок. Конечное содержание воды после первичного высушивания обычно составляет от 7 до 10%. Следовательно, для достижения влаги в диапазоне от 1 до 3%, необходим цикл вторичного высушивания. Эта дополнительная стадия высушивания называется десорбцией. При осуществлении данной стадии необходимо избежать эффекта пересушки, т.е. снижения допустимого содержания влаги ниже 1%. В промежутке времени 15-24 ч. температура повышалась от  $0^{\circ}\text{C}$  до  $+18^{\circ}\text{C}$ .

Досушивание препаратов проводят с помощью инфракрасной лампы для удаления остаточной влаги, доводя температуру датчика до 28°C.

После чего отключают конденсор, спускают вакуум, снимают колпак, убирают датчик и достают полки с ампулами.

Высушенные препараты запаивают под вакуумом. На разбитый конец ампулы надевают резиновый вакуум-шланг, который присоединяют к вакуум-насосу. С помощью газовой горелки, когда внутри ампулы достигнуто необходимое разрежение, не отключая вакуум-насоса, обогревают вкруговую наиболее узкое место ампулы. Стекло размягчается и под влиянием наружного атмосферного давления сплавляется, закрывая просвет в трубке. После этого, узким пламенем размягчают стекло на наружной части ампулы и растягивают выше места спая участок сплошного стекла. Наружную часть растянутой трубки оттягивают и закругляют на пламене горелки. Хранили запаянные ампулы в условиях бытового холодильника при температуре 4-6°C.

После досушивания и запайки ампул осматривают внешний вид препарата и оценивают по следующим критериям:

1. окраска сухого препарата равномерная;
2. отсутствие сокращения объема материала, по сравнению с исходными ампулами перед досушиванием;
3. растворимость высушенного материала;
4. отсутствие пузырьков на поверхности материала, как результат наличия в замороженной массе некоторого количества жидкости,

Высушенные препараты бактериофагов проверяют на отсутствие посторонней микрофлоры. Для этого ампулы протирают ватным тампоном, смоченным спиртом, и вскрывают с использованием специальной режущей пластинки. Далее с помощью шприца набирают буферный раствор в объеме 1 мл. Высушенная суспензия должна хорошо растворяться со стабилизатором. После пипеткой отбирают 1 мл растворенной суспензии бактериофагов и



выливают на чашку с МПА и растирают шпателем. Чашки Петри с посевами инкубируют при температуре  $36\pm 1^{\circ}\text{C}$  24 часа.

Лиофилизированные бактериофаги хранят в условиях бытового холодильника при температуре  $+4\pm 2^{\circ}\text{C}$ .

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Анализ литературных данных свидетельствуют что в настоящее время в мировой практике проблеме выделения и селекции бактериофагов специфичных к бактериям малоизученных в ветеринарии родов семейства Enterobacteriaceae: *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Yersinia*, *Proteus* не уделяется должного внимания. Подобные работы, соответствующие целям нашего исследования не найдены. Проблеме изучения основных биологических свойств бактериофагов, включающий комплекс (морфология негативных колоний, литическая активность, спектр литического действия, специфичность, характеристика генома и анализ протеома), который необходимо изучать у бактериофагов с целью конструирования терапевтических фаговых биопрепаратов, также в научных исследованиях незначительно отражены. Нами установлены единичные работы [DOI: 10.1111/jam.12722, DOI: 10.1515/biol-2016-0038], где приводятся данные по исследованию только литической активности. Изучению геномики бактериофагов в зарубежной науке уделяется значительное внимание, о чем свидетельствует обзор научных исследований следующих авторов [DOI: 10.3389/fmicb.2016.01023, DOI: 10.1002/jmv.24401, DOI: 10.3390/v8040111, DOI: 10.1128/JVI.01783-12, DOI: 10.1038/srep28338, DOI: 10.3389/fmicb.2014.00506].

Из объектов внешней среды и микробиоты патологического материала (трупов новорожденных и погибших в первые часы жизни сельскохозяйственных животных, маститного молока, речной рыбы с признаками бактериальных заболеваний, вод открытых водоемов, фекалий и смывов животноводческих и птицеводческих хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям) нами выделены 24 вирулентных бактериофага изучаемой группы бактерий. Создана коллекция вирулентных бактериофагов – 8 изолятов фагов, специфичных для бактерий рода *Proteus*, обладающих перекрестным лизисом, 7 изолятов фагов, специфичных для

бактерий рода *Enterobacter*, обладающих перекрестным лизисом, 5 изолятов фагов, специфичных для бактерий вида *Yersinia enterocolitica*, 4 изолята специфичных для бактерий рода *Citrobacter*.

Изучены основные биологические свойства 24 новых изолятов бактериофагов: морфология негативных колоний, литическая активность, ее спектр, степень специфичности в отношении широкого спектра гетерологичных видов, родов и семейств бактерий, устойчивость к воздействию физических и химических факторов по которым проводится отбор фагов в ветеринарии для терапевтических целей.

На основании полученных результатов по изучению основных биологических свойств выделенных бактериофагов, отобраны 7 бактериофагов (Pr – 4, Pr – 6, Ye3-f2, E4, E7, СІТ-3, СІТ-4) активных в отношении бактерий родов *Proteus*, *Enterobacter*, *Citrobacter* и вида *Yersinia enterocolitica*.

Проанализированы и апробированы ряд методик по выделению фагового генома исходя их критериев трудоемкости и эффективности. Подобрана комбинация методов при использовании которой нами наблюдался максимальный выход нуклеиновых кислот с минимальным эффектом деградаци и отсутствием необратимой сорбции.

В процессе проведения этого этапа исследований получены данные о размерности геномов коллекции бактериофагов патогенных энтеробактерий, выделенных и селекционированных за первый год выполнения данного проекта. Описана методика с конкретными физическими параметрами проведения данных экспериментов – используемый буферный раствор, плотность геля, сила тока, напряжение и время электрофореза нуклеиновых кислот.

Получены данные о размере фаговых нуклеиновых кислот для целей их классификации. Наличие значительных различий в размерности геномов бактериофагов изучаемых бактерий, проявляющих сходные биологические свойства, позволяет провести их классификационное разделение по

указанным показателям.

Получены данные сиквенса бактериофаговых геномов, которые позволили провести биоинформационный анализ сравнения выделенных групп бактериофагов, наличия в них локусов патогенности и их регуляторных областей. Сравнение полученных данных нуклеотидных последовательностей позволило нам провести сравнительный анализ с аннотированными в информационных базах генетическими данными, определить открытые рамки считывания и соответствие исследованным ранее генам.

Проведены исследования с использованием MALDI-TOFF-профилирования для бактериальных культур.

Проведены исследования профилограмм структурных протеомов бактериофагов, выделенных и селекционированных в процессе выполнения первого этапа работ по данному проекту. С использованием данных сиквенса геномов бактериофагов проведен биоинформационный анализ их протеомов, а данные сопоставлены с профилограммами структурных протеинов.

Разработаны экспериментальные модели, а затем усовершенствованы систем ПЦР-детекции групп бактериофагов.

Данное исследование обладает существенной научной новизной, поскольку объектами исследования являются малоизученные в Российской Федерации *Yersiniaphage*, *Enterobacterphage* и *Proteusphage*. Установлено, что на текущий период группа ученых из ГНЦ ПМБ Роспотребнадзора (Комисарова Е.В., Кисличкина А.А., Красильникова В.М., Богум А.Г., Фурсова Н.К., Воложанцев Н.В.) занимается исследованиями в области изучения геномики и протеомики бактериофагов *Klebsiella pneumoniae* (<https://elibrary.ru/item.asp?id=31071161>), К.Мирошников (Институт биоорганической химии им. акад. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН) изучает фаги фитопатогенов (<https://elibrary.ru/item.asp?id=29143088>), объектом исследований А. Летарова и Е. Куликова (Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского РАН) являются бактериофаги *E. coli*

(<https://elibrary.ru/item.asp?id=31052873>,<https://elibrary.ru/item.asp?id=3102842>)

В результате проведенных исследований были составлены карты линейных ДНК выделенных и селекционированных бактериофагов, специфичных в отношении бактерий родов *Proteus*, *Enterobacter* и вида *Yersinia enterocolitica*. В соответствии с известными аналогами были определены продукты экспрессии их генов. Качественный состав протеинов изучаемых бактериофагов соответствует таковым у аннотированных аналогов, имеет четкие гомологии нуклеотидного и аминокислотного наборов. В структуре протеинов наблюдается закономерность, присущая данным вирусным частицам – это наличие структурных и неструктурных компонентов. Также выявлены продукты генов, не имеющие четко определенных функциональных характеристик, так называемые гипотетические белки, имеющие аналогии в аннотированных геномах бактериофагов, активных в отношении изучаемых видов бактерий.

В результате проведенного секвенирования бактериофагов, активных в отношении *Proteus*, *Enterobacter* и *Yersinia enterocolitica*, были получены биоинформационные данные нуклеотидных последовательностей и размеры фаговых геномов: *Proteusphage* Pr – 4 УГСХА(44 580 bp), *Enterobacterphage* E7 (36 030 bp) и *Yersiniaphage* Ye3-f2 (39 210 bp). Эти данные были использованы для анализа протеомов указанных бактериофагов. Коллективом исследователей из института биологии и физиологии микроорганизмов им. Г. К. Скрыбина РАН, ФГБНУ СКНИИЖ, Университета Тайчжоу, Института математических проблем РАН - филиала Института Прикладной математики РАН были проведены аналогичные исследования бактериофагов родственных сальмонеллезному бактериофагу P22 (<https://elibrary.ru/item.asp?id=29883253>).

Для исследования протеомов бактериальных культур было проведено их MALDI-TOFF-профилирование и подтверждено их соответствие определяемым видам. Так культура Prot2 определена как *Proteus mirabilis*, Ye3 – как *Yersinia enterocolitica*, En2 – *Enterobacter cloacae*, Cit2 – *Citrobacter*

*freundii*.

В результате проведенного анализа протеомов выделенных бактериофагов, активных в отношении *Proteus*, *Enterobacter* и *Yersinia enterocolitica*, было установлено, что при разделении выделенных и сконцентрированных белков бактериофагов в ПААГ методом вертикального электрофореза для *Proteusphage* было выявлено 3 белка (67 кДа, 77 кДа и 94 кДа), для *Enterobacterphage* - 4 белка (73 кДа, 81 кДа, 98 кДа, 124 кДа), для *Yersiniaphage* – 3 белка (72кДа, 115 кДа, 128кДа). При протеомном анализе соответствия секвенированных геномов определенным белкам и открытым рамкам считывания для *Proteusphage* было выявлено 50 белков с молекулярными массами от 5,5 до 140 кДа, для *Enterobacterphage* - 41 белок с молекулярными массами от 4 до 143 кДа, для *Yersiniaphage* - 46 белков с молекулярными массами от 4 до 144 кДа. При анализе протеомов (всех белков, продуцируемых бактериофагом) было определено их количество, локализация в геноме, филогенетическое положение среди аннотированных белков (сравнение с базами биоинформационных данных в приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0), возможная конформационная структура каждого из них.

В результате проведенных исследований при разработке первых вариантов систем ПЦР-типирования обнаруженных групп бактериофагов были определены специфические фрагменты геномов выделенных и селекционированных *Yersiniaphage*, *Enterobacterphage* и *Proteusphage* – это характерный для всех изучаемых бактериофагов ген терминазы. Проведено сравнение с аннотированными аналогами в базе NCBI (GenBank) и построено филогенетическое древо каждого из них. В системе Blast были определены специфичные праймеры для индикации и идентификации *Yersiniaphage*, *Enterobacterphage* и *Proteusphage*. Результаты проведенных экспериментов подтверждают специфическую работу сконструированных праймерных систем.

При разработке усовершенствованных ПЦР-систем в рамках данного

этапа проекта нами были разработаны усовершенствованные системы для ПЦР-детекции групп бактериофагов на основе регистрации экспоненциального роста флуоресцентного сигнала олигонуклеотидных зондов. Были определены их основные характеристики и доказана их специфичность в отношении выделенных и селекционированных *Yersiniaphage*, *Enterobacterphage* и *Proteusphage*.

Корейские ученые, во главе с Cha, Kyoungun изучали воздействие коктейля, содержащего два новых изолированных фага *Acinetobacter baumannii* на мышей. Изучение ими штаммы фагов (в т.ч. и их геном), по данным авторов могут быть расценены как потенциально перспективные для создания терапевтического препарата при лечении инфекций вызываемых *Acinetobacter baumannii* [WOS:000429563500001].

Группа польско-канадских исследователей [WOS:000429379600030] изучили последовательность, организацию генома и протеомику термофильного бактериофага TP-84 лизирующего *Geobacillus stearothermophilus*. По результатам исследований ученые предложили Международному комитету по таксономии вирусов классифицировать его как представителя нового рода Tr84virus.

Индийские ученые [WOS:000428572200015] Sritha, K. S., Bhat, Sarita G. изучили несколько сальмонеллезных бактериофагов. Наибольшее внимание они уделили фагу Stp1, который эффективно поражал серовары *Salmonella enteritidis* и *Salmonella typhimurium*. Данное исследование не только дало представление о характеристиках генома бактериофага, но также информацию о белках, кодируемых бактериофагами, поэтому способствовало пониманию разнообразия фагов. Анализ последовательности также доказал отсутствие вирулентности, что подтвердило перспективность бактериофага Stp1, как терапевтического агента против сальмонеллезной инфекции.

Американские ученые [WOS:000428538800022] изучали геномы шигеллезных бактериофагов, изолированных после вспышки дизентерии в

2016 году в Мичигане. Исследователи представили всесторонний анализ диапазонов, геномов и структур этих фагов, выявляющих размеры генома и свойства капсида, которые оказались довольно редкими по сравнению с ранее описанными бактериофагами.

Mantynen, Sari, со своими коллегами из Финляндии [WOS:000427657200036] из образцов окружающей среды выделили большое количество dsRNA-фагов. Шесть из них (*Pseudomonas phages* phi8, phi12, phi13, phi2954, phiNN и phiYY) были полностью секвенированы. Все эти фаги были активны в отношении бактерий *Pseudomonas*, в первую очередь растительного патогена *Pseudomonas syringae*. Авторы описывают изрядное генетическое и структурное сходство с *Pseudomonas phage* phi6 и предлагают, чтобы эти вирусы были включены в род цистовируса (и, следовательно, в семейство *Cystoviridae*). До этого времени *Cystoviridae* - семейство бактериальных вирусов (бактериофагов) с трехсегментным геномом dsRNA, включало в себя один род цистовирус, который имел только один признанный вирус - *Pseudomonas* phi6.

Иранские ученые [WOS:000429657700014] изучили новый вирулентный шигеллезный бактериофаг vB\_SsoS-ISF002, активный в отношении различных изолятов как *Shigella sonnei*, так и *Shigella flexneri*. Согласно сравнительному геномному и филогенетическому анализу определили его как T1 подобный фаг. Кроме того, ученые отметили, что vB\_SsoS-ISF002 фаг имеет потенциальные перспективы в качестве терапевтического агента против шигеллеза.

Американцы Halter, Mathew C. и Zahn, James A. WOS:000425286000002 охарактеризовали новый литический бактериофаг DTL, который способен к быстрой литической инфекции штамма K12 *Escherichia coli*, используемого для коммерческого производства 1,3-пропандиола (PDO). Геном бактериофага был секвенирован и аннотирован.

Латвийские ученые Kaspars Tars и Andris Kazaks [<https://www.nature.com/articles/s41598-017-15774-y#author-information>]



изучали геном бактериофага Enc34 лизирующего бактерии вида *Enterobacter cancerogenus* и установили, что он содержит несколько белков с неизвестными функциями.

Мексиканские ученые [https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2017.01355/full] выделили и охарактеризовали phiLLS, новый фаг активный в отношении *Escherichia coli*, в т.ч. штаммов обладающих полирезистентностью. Геномное секвенирование и биоинформационный анализ показали, что phiLLS - это новый бактериофаг, который наиболее тесно связан с T5-подобными фагами. Более того, изучаемый фаг показал многообещающие результаты в биоконтроле роста бактерий в условиях *in vitro*, что указывает на то, что он может оказаться полезным в качестве альтернативного агента для борьбы с патогенами пищевого происхождения.

Белорусские ученые [https://elibrary.ru/item.asp?id=28839821] проанализировали полную нуклеотидную последовательность бактериофага Pf-10, входящего в состав биопестицида «Мультифаг». В результате чего, установили, что его геном является уникальным и состоит из фрагмента ДНК фага широкого круга хозяев Phi-S1, в пределах которого локализованы детерминанты, определяющие синтез ранних белков, и фрагмента ДНК фага узкого круга хозяев phiIBB-PF7A, содержащего гены, детерминирующие синтез поздних белков.

Изучив результаты исследований зарубежных коллег в интересующей нас области, можно с уверенностью сказать, что проводимые нами исследования актуальны и, несомненно, обладают новизной. Кроме приведенных аннотаций и ссылок, нами установлено, что подобные исследования проводятся в отношении литических фагов *Pseudomonas spp*, *Aeromonas spp*, *Staphylococcus spp*, *Enterococcus faecalis* и др. Однако, нами не обнаружена информация о группах ученых занимающихся на настоящий момент бактериофагами *Enterobacter*, *Proteus* и *Yersinia enterocolitica*.

## ВЫВОДЫ

1. Получено 28 новых полевых штаммов бактерий из объектов внешней среды и микробиоты патологического материала (трупов новорожденных и погибших в первые часы жизни сельскохозяйственных животных, маститного молока, речной рыбы с признаками бактериальных заболеваний, вод открытых водоемов, фекалий и смывов животноводческих и птицеводческих хозяйств, неблагополучных по желудочно-кишечным заболеваниям) и идентифицированы как *Proteus vulgaris* - 9, *Proteus mirabilis* - 7, *Yersinia enterocolitica* - 3, *Enterobacter cloacae* - 1, *Enterobacter dissolvens* - 5, *Citrobacter freundii* - 3.

2. Проведены исследования по оптимизации методов выделения и селекции бактериофагов специфичных к *Proteus spp.*, *Yersinia enterocolitica*, *Enterobacter spp.*, *Citrobacter spp.* С использованием усовершенствованных методик, нами были получены 24 новых изолята бактериофагов малоизученных в ветеринарии бактерий родов семейства *Enterobacteriaceae*. Нами создана коллекция вирулентных бактериофагов изучаемой группы бактерий – 8 изолятов фагов, специфичных для бактерий рода *Proteus*, обладающих перекрестным лизисом, 7 изолятов фагов, специфичных для бактерий рода *Enterobacter*, обладающих перекрестным лизисом, 5 изолятов фагов, специфичных для бактерий вида *Yersinia enterocolitica*, 4 изолята специфичных для бактерий рода *Citrobacter*.

3. У новых выделенных штаммов бактериофагов бактерий родов *Proteus*, *Enterobacter*, *Citrobacter* и вида *Yersinia enterocolitica*, изучены основные биологические свойства, включающие морфологию негативных колоний, литическую активность, ее спектр, степень специфичности в отношении широкого спектра гетерологичных видов, родов и семейств бактерий, устойчивость к воздействию физических и химических факторов по которым проводится отбор фагов в ветеринарии для терапевтических целей.

4. Из 24 новых изолятов бактериофагов, нами отобраны 3 бактериофага (Pr – 4 УГСХА, Ye3-f2, E7), обладающих уникальными свойствами необходимыми для конструирования фаговых лечебных биопрепаратов. Бактериофаги рода *Citrobacter* для

5. Проведена селекция методов экстракции фаговых геномов. Модифицирован метод пробоподготовки по P.D. Kadam, 2016. В результате проведенных исследований и расчетов коэффициента чистоты НК в растворе трис-ЭДТА было сделано заключение, что использование фенольно-хлороформной экстракции приводит к наилучшему выходу матричной НК, а это отвечает целям эксперимента. Определена оптимальная методика выделения фаговых геномов, исходя из критериев трудоемкости, эффективности и отсутствие деградации при исследовании и хранении нуклеиновых кислот.

6. В результате проведенного секвенирования бактериофагов, активных в отношении *Proteus*, *Enterobacter* и *Yersinia* нами были получены биоинформационные данные нуклеотидных последовательностей и размеры фаговых геномов: *Proteus* phage Pr 4 - УГСХА (44 580 bp), *Enterobacter* phage E7 (36 030 bp) и *Yersinia* phage Ye3-f2 (39 210 bp). В дальнейшем эти данные будут использованы для анализа протеомов указанных бактериофагов. Проведено секвенирование фаговых геномов и определены размеры и общие характеристики нуклеиновых кислот для целей классификации исследуемых бактериофагов.

7. Протеомный анализ изучаемых бактериальных культур MALDI-TOFF-профилированием подтвердил их соответствие определяемым видам. Так культура Prot2 определена как *Proteus mirabilis*, Ye3 – как *Yersinia enterocolitica*, En2 – *Enterobacter cloacae*, Cit2 – *Citrobacter freundii*.

8. В результате проведенного анализа протеомов выделенных бактериофагов нами были получены данные:

- при разделении выделенных и сконцентрированных белков бактериофагов в ПААГ методом вертикального электрофореза для *Proteus*

phage Pr 4 – УГСХА было выявлено 3 белка (67 кДа, 77 кДа и 94 кДа), для *Enterobacter* phage E7 - 4 белка (73 кДа, 81 кДа, 98 кДа, 124 кДа), для *Yersinia* phage *Yersinia* phage Ye3-f2 – 3 белка (72 кДа, 115 кДа, 128 кДа);

- при анализе протеома бактериофага *Proteus* в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 50 белков с молекулярными массами от 5,5 до 140 кДа; в приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 55 белков с молекулярными массами от 3,4 до 140 кДа. При анализе соответствия протеомного состава, количества белков и распределения их по молекулярным массам в биоинформационных приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность

- при анализе протеома бактериофага *Enterobacter* E7 в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты был выявлен 50 белков с молекулярными массами от 5,5 до 139 кДа; в приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты был выявлен 41 белок с молекулярными массами от 4,1 до 143 кДа. При анализе соответствия протеомного состава *Enterobacter* phage E7, количества белков и распределения их по молекулярным массам в биоинформационных приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность.

- при анализе протеома бактериофага *Yersinia* Ye3-f2 в приложении SnapGene Viewer 4.1.9 соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 46 белков с молекулярными массами от 4,1 до 144 кДа; в приложении BASys (Bacterial Annotation System) соответственно данных секвенирования его нуклеиновой кислоты было выявлено 48 белков с молекулярными массами от 4,1 до 143 кДа. При анализе соответствия протеомного состава *Yersinia* phage Ye3-f2, количества белков и распределения их по молекулярным массам в биоинформационных

приложениях SnapGene Viewer 4.1.9 и BASys version 1.0 выявлена их идентичность.

Проведено биоинформационное исследование фаговых протеомов. Определено количество протеомов исследуемых бактериофагов, их локализация в геноме, филогенетическое положение среди аннотированных белков, возможная конформационная структура каждого из них.

9. В результате проведенных исследований были разработаны системы праймеров для ПЦР типирования бактериофагов *Protes*, *Enterobacter* и *Yersinia* групп. Данные системы позволяют определять наличие бактериофагов, относящихся к определенным группам в материале, полученном из объектов окружающей среды и патологического материала. Данная характеристика, наряду с высокой специфичностью, характерной для всех типов молекулярно-генетических исследований, позволяет использовать разработанные системы при скринингах бактериофагов указанных групп при детекции фрагмента генома размером 125 п.н. в области 3700-4500 п.н. ДНК *Proteus phage* (Pr 4 – УГСХА); размерами 294 и 431 п.н. в областях 17500-18000 и 26500-27500 п.н. соответственно ДНК *Enterobacter phage* (E7) и размерами 226 и 85 п.н. в областях 2000-2500 и 24100-24300 п.н. соответственно *Yersinia phage* (Ye3-f2).

10. Исследование взаимодействия фаг-хозяин и при определении факторов, оказывающих влияние на данный процесс, мы проводили на девяти бактериофагах-кандидатах *Protes*, *Enterobacter* и *Yersinia* групп, что позволило установить, что латентный период внутриклеточного развития фага Ye2-f1 на клетках *Y. enterocolitica* равен 19 минутам. Средняя урожайность бактериофага Ye2-f1 равна  $16704:69,77=239,4$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Y. enterocolitica* Ye – 2. Установлено, что фаг Ye2-f1 за 6 минут адсорбировался на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 2 в количестве 70,3%, константа скорости адсорбции  $K= 4,04 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$  Латентный период внутриклеточного развития фага Ye3-f2 на клетках *Y. enterocolitica* Ye3 равен 44-45 минутам. Средняя урожайность бактериофага

Ye3-f2 равна  $8423:116,38=72$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Y. enterocolitica* Ye – 3. Определено, что бактериофаг Ye3-f2 за 8 минут адсорбировался на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 3 в количестве 83,2%, константа скорости адсорбции  $K= 4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ . Латентный период внутриклеточного развития фага Ye2-f3 на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 2 равен 39-40 минутам. Средняя урожайность бактериофага Ye2-f3 равна  $7432:119,59=62,14$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Y. enterocolitica* Ye – 2. Фаг Ye2-f3 за 7 минут адсорбировался на клетках *Y. enterocolitica* Ye – 2 в количестве 87,7%, константа скорости адсорбции  $6,1 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ . В результате исследований было установлено, что прогревание индикаторных культур *Y. enterocolitica* в течение 30 минут при температуре 58 °C ведет к их полной инаktivации, однако бактериофаги Ye3-f2, Ye2-f5 и Ye2-f3 так же не обладают термостабильностью и погибают при воздействии температуры выше 60°C. Установлено, что в течение 32 месяцев показатели литической активности исследуемых бактериофагов снижались в среднем на 1-2 порядка. Последующее 3-5 кратное пассирование бактериофагов с индикаторными культурами на плотной питательной среде позволяло восстановить исходный титр фага, который был установлен при укуפורивании в стерильные флаконы.

Латентный период внутриклеточного развития фага E4 на клетках *E. dissolvens* 1 равен 19-20 минутам. Средняя урожайность бактериофага E4 равна  $11390:103,2=110,4$  вирусных частиц на одну микробную клетку *E. dissolvens* 1. В результате проведенных исследований было установлено, фаг E4 за 6 минут адсорбировался на клетках *E. dissolvens* 1 в количестве 83,4%, константа скорости адсорбции  $K= 4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ . Латентный период внутриклеточного развития фага E6 на клетках *E. dissolvens* 3 равен 24-25 минутам. Средняя урожайность бактериофага E6 равна  $8123:65,2=124,6$  вирусных частиц на одну микробную клетку *E. dissolvens* 3. Бактериофаг E6 за 7 минут адсорбировался на клетках *E. dissolvens* 3 в количестве 79,9%, константа скорости адсорбции  $5,8 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$  Латентный период

внутриклеточного развития фага E7 на клетках *E.cloacae* I равен 24-25 минутам. Средняя урожайность бактериофага E7 равна  $1774:17,5=101,4$  вирусных частиц на одну микробную клетку *E.cloacae* I. Фаг E7 за 7 минут адсорбировался на клетках *E.cloacae* I в количестве 81,6%, константа скорости адсорбции  $4,8 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ . Установлено, что в течение 32 месяцев показатели литической активности исследуемых бактериофагов *Enterobacter* снижались в среднем на 2 порядка. Последующее 2-3 кратное пассирование бактериофагов на индикаторных культурах позволяло восстановить исходный титр фага, который был установлен при укупоривании в стерильные флаконы. В результате исследований было установлено, что прогревание индикаторных культур в течении 30 минут при температуре 60 °C ведет к их полной инактивации, в то время как тридцатиминутное воздействие на бактериофаги *Enterobacter* даже температурой 80 °C оставляет их жизнеспособными.

Установлено, что латентный период внутриклеточного развития фага Pr - 4 УГСХА и *Proteus vulgaris* 16 УГСХА равен 25-26 минут. Ср. урожайность бактериофага Pr - 4 УГСХА равна  $6862:149,2=46,0$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Proteus vulgaris* 16 УГСХА. Определено, что латентный период внутриклеточного развития фага Pr - 6 УГСХА и *Proteus vulgaris* 28 УГСХА равен 25-26 минут. Ср. урожайность бактериофага Pr - 6 УГСХА равна  $4616:104,9=44,0$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Proteus vulgaris* 28 УГСХА. В экспериментах нами было выяснено, что латентный период внутриклеточного развития фага Pr - 7 УГСХА и *Proteus vulgaris* 38 УГСХА равен 25-26 минут. Ср. урожайность бактериофага Pr - 7 УГСХА равна  $6784:246,6=27,5$  вирусных частиц на одну микробную клетку *Proteus vulgaris* 38 УГСХА. В результате проведенных исследований было установлено, что изучаемый бактериофаг Pr - 4 УГСХА имел показатель скорости адсорбции: равный  $K= 4,2 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ ; бактериофаг Pr - 6 УГСХА -  $K= 4,1 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ , фаг Pr - 7 УГСХА -  $K= 4,4 \text{ см}^3/\text{мин}^{-1}$ . Проведенные исследования по изучению изменения титра литической активности при хранении в условиях бытового холодильника (2-4 °C) позволили нам

установить, что изучаемые бактериофаги снижали показатель литической активности за анализируемый период (32 месяца) в среднем на 3 порядка, однако после проведения пассирования бактериофагов с индикаторными культурами на МПБ в определенном соотношении, мы наблюдали повышение данного показателя в среднем на 2 порядка. Определено, что в течение 30 минут при  $62 \pm 2$  °С инактивируется индикаторная культура, а бактериофаг остается жизнеспособным в пределах температурного воздействия  $+66$  °С для фагов Р-6 УГСХА и Р-7 УГСХА, и  $+70$  °С для фага Pr - 4 УГСХА.

11. Были разработаны системы ПЦР-детекции основных факторов патогенности, которые могут потенциально нести в себе геномы исследуемых бактериофагов. Так для *Yersinia phage* был выбран фрагмент гена *ail*, кодирующего локус гена инвазивного белка, для *Proteus phage* был выбран фрагмент гена *toxin RelE*, для *Enterobacter phage* был также выбран фрагмент гена *toxin RelE*, кодирующего локус гена инвазивного белка. В результате проведенных экспериментов в геномах выделенных и селектированных бактериофагов, перспективных в отношении обработки пищевых продуктов, локусов патогенности выявлено не было.

12. Разработана классификационная база исследованных бактериофагов на основе критериев биологических характеристики особенностей взаимодействия фаг-хозяин (морфология бляшкообразующих единиц, соотношение фаг-культура для культивирования, время пассажа системы фаг-культура, литическая активность, специфичность, спектр литического действия, устойчивость к воздействию трихлорметана в соотношении 1:10, устойчивость к воздействию температуры в течение 30 мин, показатель литической активности через 12-32 месяца хранения при  $t = 2-4$  °С, константа скорости адсорбции, латентный период, урожайность, вирусных частиц на одну микробную клетку) и особенностей генетической организации и характеристики протеома бактериофагов (длина цепи, G/C-состав, молекулярный вес, молярный коэффициент, температура плавления,  $\mu\text{g}/\text{OD}_{260}$ , A, C, G, T, количество белков и их молекулярная масса,



выявленных электрофоретическим методом, количество белков, установленных в приложении SnapGene Viewer 4.1.9, и их молекулярная масса; количество белков, установленных в приложении BASys (Bacterial Annotation System), и их молекулярная масса).

13. Разработаны методические рекомендации по особенностям культивирования, хранения, очистки и концентрации бактериофагов, активных в отношении энтеробактерий, имеющих важное значение для сельскохозяйственной ветеринарии.

## БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Allen H.K., Levine U.Y., Looft T., Bandrick M., Casey T.A. Treatment, promotion, commotion: antibiotic alternatives in food-producing animals // *Trends Microbiol.* - 2013. - Vol. 21. - № 3. - P. 114-9.
2. Angebault C., Andremont A. Antimicrobial agent exposure and the emergence and spread of resistant microorganisms: issues associated with study design // *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* – 2013. - Vol. 32. - № 5. - P. 581-95.
3. Seal B.S., Lillehoj H.S., Donovan D.M., Gay C.G. Alternatives to antibiotics: a symposium on the challenges and solutions for animal production // *Anim Health Res Rev.* - 2013. - Vol. 14. - № 1. - P. 78-87.
4. Verraes C., Van Boxtael S., Van Meervenne E., Van Coillie E., Butaye P., Catry B., deSchaezen M.A., Van Huffel X., Imberechts H., Dierick K., Daube G., Saegerman C., De Block J., Dewulf J., Herman L. Antimicrobial resistance in the food chain: a review // *Int J Environ Res Public Health.* - 2013. - Vol. 10. - № 7. - P. 2643-69.
5. D’Herelle F. On an invisible microbe antagonistic toward dysenteric bacilli: brief note by Mr. // F. D’Herelle, presented by Mr. Roux. 1917 // *Res Microbiol.* - 2007. - Vol. 158. - № 7. - P. 553-554.
6. Knoll B.M., Mylonakis E. Antibacterial bioagents based on principles of bacteriophage biology: an overview // *Clin Infect Dis.* - 2014. - Vol. 58. - № 4. - P. 528-534.
7. Rolain J.M. Food and human gut as reservoirs of transferable antibiotic resistance encoding genes // *Front Microbiol.* - 2013. - Vol. 4. — P. 173.
8. Collignon P., Aarestrup F.M., Irwin R., McEwen S. Human deaths and third-generation cephalosporin use in poultry, Europe // *Emerg Infect Dis.* - 2013. - Vol. 19. - № 8. - P. 1339-1340.
9. Endersen L., O’Mahony J., Hill C., Ross R.P., McAuliffe O., Coffey A. Phage Therapy in the Food Industry // *Annu Rev Food Sci Technol.* - 2014. – P.24.

10. Adhya S., Merrill C.R., Biswas B. Therapeutic and prophylactic applications of bacteriophage components in modern medicine // Cold Spring Harb Perspect Med. - 2014. - Vol. 4. - № 1. – P. 12518.
11. Brussow H. Editorial commentary: phage therapy: quo vadis? // Clin Infect Dis. - 2014. - Vol. 58. - № 4. - C. 535-536.
12. Krylov V.N. Bacteriophages of *Pseudomonas aeruginosa*: long-term prospects for use in phage therapy // Adv Virus Res. - 2014. - Vol. 88. - P. 227-278.
13. Wittebole X., De Roock S., Opal S.M. A historical overview of bacteriophage therapy as an alternative to antibiotics for the treatment of bacterial pathogens // Virulence. - 2014. - Vol. 5. - № 1. - P. 226-235.
14. Smith H.L., Thieme H.R. Persistence of bacteria and phages in a chemostat // J Math Biol. - 2012. - Vol. 64. - № 6. - P. 951-979.
15. Cooper C.J., Denyer S.P., Maillard J.Y. Stability and purity of a bacteriophage cocktail preparation for nebulizer delivery // Lett Appl Microbiol. - 2014. - Vol. 58. - № 2. - P. 118-22.
16. Golkar Z., Bagasra O., Pace D.G. Bacteriophage therapy: a potential solution for the antibiotic resistance crisis // J Infect Dev Ctries. - 2014. - Vol. 8. - № 2. -- P. 129-36.
17. Korehei R., Kadla J.F. Encapsulation of T4 bacteriophage in electrospun poly(ethylene oxide)/cellulose diacetate fibers // Carbohydr Polym. - 2014. - Vol. 100. - P. 150-157.
18. Bourdin G., Navarro A., Sarker S.A., Pittet A.C., Qadri F., Sultana S., Cravioto A., Talukder K.A., Reuteler G., Brussow H. Coverage of diarrhoea-associated *Escherichia coli* isolates from different origins with two types of phage cocktails // Microb Biotechnol. - 2014. - Vol. 7. - № 2. - P. 165-176.
19. Drilling A., Morales S., Boase S., Jervis -Bardy J., James C., Jardeleza C., Tan N.C., Cleland E., Speck P., Vreugde S., Wormald P.J. Safety and efficacy of topical bacteriophage and ethylenediaminetetraacetic acid treatment of

*Staphylococcus aureus* infection in a sheep model of sinusitis // Int Forum Allergy Rhinol. - 2014. – P. 56.

20. Jun J.W., Shin T.H., Kim J.H., Shin S.P., Han J.E., Heo G.J., De Zoysa M., Shin G.W., Chai Park S.C. Bacteriophage Therapy of a *Vibrio parahaemolyticus* Infection Caused by a Multiple Antibiotic Resistant O3:K6 Pandemic Clinical Strain // J Infect Dis. - 2014. – P.11.

21. Goncalves G.A., Donato T.C., Baptista A.A., Correa I.M., Garcia K.C., Filho R.L. Bacteriophage-induced reduction in *Salmonella enteritidis* counts in the crop of broiler chickens undergoing preslaughter feed withdrawal // Poult Sci. - 2014. - Vol. 93. - № 1. - P. 216-20.

22. Kutter E., Sulakvelidze A. Bacteriophages : biology and applications. - Boca Raton, FL : CRC Press, 2005. - 510 p.

23. Kittler S., Fischer S., Abdulmawjood A., Glunder G., Klein G. Effect of bacteriophage application on *Campylobacter jejuni* loads in commercial broiler flocks // Appl Environ Microbiol. - 2013. - Vol. 79. - № 23. - P. 7525-33.

24. Fischer S., Kittler S., Klein G., Glunder G. Impact of a single phage and a phage cocktail application in broilers on reduction of *Campylobacter jejuni* and development of resistance // PLoS One. - 2013. - Vol. 8. - № 10. - P. e78543.

25. Janez N., Loc-Carrillo C. Use of phages to control *Campylobacter spp* // J Microbiol Methods. - 2013. - Vol. 95. - № 1. - P. 68-75.

26. Jaiswal A., Koley H., Ghosh A., Palit A., Sarkar B. Efficacy of cocktail phage therapy in treating *Vibrio cholerae* infection in rabbit model // Microbes Infect. - 2013. - Vol. 15. - № 2. - P. 152-156.

27. Chan B.K., Abedon S.T., Loc-Carrillo C. Phage cocktails and the future of phage therapy //Future Microbiol. - 2013. - Vol. 8. - № 6. - P. 769.

28. Lake R.J., Horn B.J., Dunn A.H., Parris R., Green F.T., McNickle D.C. Cost-effectiveness of interventions to control *Campylobacter* in the New Zealand poultry meat food supply // J Food Prot. - 2013. - Vol. 76. - № 7. - P. 1161-1167.

29. Li H., Ma M.L., Xie H.J., Kong J. Biosafety evaluation of bacteriophages for treatment of diarrhea due to intestinal pathogen *Escherichia coli* 3-2 infection of chickens // World J Microbiol Biotechnol. - 2012. - Vol T. 28. - № 1. - C. 1-6.
30. Huff W.E., Huff G.R., Rath N.C., Donoghue A.M. Method of administration affects the ability of bacteriophage to prevent colibacillosis in 1-day-old broiler chickens // Poult Sci. - 2013. - Vol. 92. - № 4. - C. 930-4.
31. Seal B.S. Characterization of bacteriophages virulent for *Clostridium perfringens* and identification of phage lytic enzymes as alternatives to antibiotics for potential control of the bacterium // Poult Sci. - 2013. - Vol. 92. - № 2. - C. 526-33.
32. Kwiatek M., Parasion S., Mizak L., Gryko R., Bartoszcze M., Kocik J. Characterization of a bacteriophage, isolated from a cow with mastitis, that is lytic against *Staphylococcus aureus* strains // Arch Virol. - 2012. - Vol. 157. - № 2. - C. 225-34.
33. Hudson J.A., Billington C., Cornelius A.J., Wilson T., On S.L., Premaratne A., King N.J. Use of a bacteriophage to inactivate *Escherichia coli* O157:H7 on beef // Food Microbiol. - 2013. - Vol. 36. - № 1. - C. 14-21.
34. Hong Y., Pan Y., Ebner P.D. Development of bacteriophage treatments to reduce *E. coli* O157:H7 contamination of beef products and produce // J Anim Sci. - 2014. - Vol. 12. - № 4. - P. 123-125.
35. Orquera S., Golz G., Hertwig S., Hammerl J., Sparborth D., Joldic A., Alter T. Control of *Campylobacter spp.* and *Yersinia enterocolitica* by virulent bacteriophages // J Mol Genet Med. - 2012. - Vol.6. - P. 273-8.
36. Jaiswal A., Koley H., Ghosh A., Palit A., Sarkar B. Efficacy of cocktail phage therapy in treating *Vibrio cholerae* infection in rabbit model // Microbes Infect. - 2013. - Vol. 15. - № 2. - P. 152-6.
37. Cha S.B., Yoo A.N., Lee W.J., Shin M.K., Jung M.H., Shin S.W., Cho Y.W., Yoo H.S. Effect of bacteriophage in enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC) infected pigs // J Vet Med Sci. 2012. - Vol. 74. - № 8. - P. 1037.

38. Madsen L., Bertelsen S.K., Dalsgaard I., Middelboe M. Dispersal and survival of *Flavobacterium psychrophilum* phages in vivo in rainbow trout and in vitro under laboratory conditions: implications for their use in phage therapy // *Appl Environ Microbiol.* - 2013. - Vol. 79. - № 16. - P. 4853-61.
39. Matulkova P., Gobin M., Taylor J., Oshin F., O'Connor K., Oliver I. Crab meat: a novel vehicle for *E. coli* O157 identified in an outbreak in South West England, August 2011 // *Epidemiol Infect.* - 2013. - Vol. 141. - № 10. - P. 2043-50.
40. Zhang H., Wang R., Bao H. Phage inactivation of foodborne *Shigella* on ready-to-eat spiced chicken // *Poult Sci.* - 2013. - Vol. 92. - № 1. - P. 211-217.
41. Henry M., Debarbieux L. Tools from viruses: bacteriophage successes and beyond // *Virology.* - 2012. - Vol. 434. - № 2. - P. 151-161.
42. Gomez P., Buckling A. Bacteria-phage antagonistic coevolution in soil // *Science.* - 2011. - Vol. 332. - № 6025. - P. 106-109.
43. Bager F., Madsen M., Christensen J., Aarestrup F.M. Avoparcin used as a growth promoter is associated with the occurrence of vancomycin -resistant *Enterobacter faecium* on Danish poultry and pig farms // *Prev Vet Med.* - 1997. - Vol. 31. - № 1-2. - P. 95-112.
44. Dias R.S., Eller M.R., Duarte V.S., Pereira A.L., Silva C.C., Mantovani H.C., Oliveira L.L., Silva Ede A., De Paula S.O. Use of phages against antibiotic-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from bovine mastitis // *J Anim Sci.* - 2013. - Vol. 91. - № 8. -C. 3930.
45. Filloux A. The rise of the Type VI secretion system // *F1000Prime Rep.* - 2013. - Vol. 5. - P. 52.
46. Gomez P., Buckling A. Real-time microbial adaptive diversification in soil // *Ecol Lett.* - 2013. - Vol. 16. - № 5. - P. 650-5.
47. Looft T., Allen H.K., Cantarel B.L., Levine U.Y., Bayles D.O., Alt D.P., Henrissat B., Stanton T.B. Bacteria, phages and pigs: the effects of in-feed antibiotics on the microbiome at different gut locations // *ISME J.* - 2014. - № 5. – P.166-168.

48. McCallin S., Alam Sarker S., Barretto C., Sultana S., Berger B., Huq S., Krause L., Bibiloni R., Schmitt B., Reuteler G., Brussow H. Safety analysis of a Russian phage cocktail: from metagenomic analysis to oral application in healthy human subjects // *Virology*. - 2013. - Vol. 443. - № 2. - P. 187-96.
49. McDonald L.C., Chen M.T., Lauderdale T.L., Ho M. The use of antibiotics critical to human medicine in food-producing animals in Taiwan // *J Microbiol Immunol Infect.* - 2001. - Vol. 34. - № 2. - P. 97-102.
50. Meaden S., Koskella B. Exploring the risks of phage application in the environment // *Front Microbiol.* - 2013. - Vol. 4. - P. 358.
51. Miller R.W., Skinner E.J., Sulakvelidze A., Mathis G.F., Hofacre C.L. Bacteriophage therapy for control of necrotic enteritis of broiler chickens experimentally infected with *Clostridium perfringens* // *Avian Dis.* - 2010. - Vol. 54. - № 1. - P. 33-40.
52. Owens J., Barton M.D., Heuzenroeder M.W. The isolation and characterization of *Campylobacter jejuni* bacteriophages from free range and indoor poultry // *Vet Microbiol.* - 2013. - Vol. 162. - № 1. - P. 144-50.
53. Pantosti A., Del Grosso M., Tagliabue S., Macri A., Caprioli A. Decrease of vancomycin resistant *Enterococci* in poultry meat after avoparcin ban // *Lancet.* - 1999. - Vol. 354. - № 9180. - P.741-742.
54. Pirisi A. Phage therapy--advantages over antibiotics? // *Lancet.* - 2000. - Vol. 356. - № 9239. - P. 1418.
55. Seal B.S., Lillehoj H.S., Donovan D.M., Gay C.G. Alternatives to antibiotics: a symposium on the challenges and solutions for animal production // *Anim Health Res Rev.* - 2013. - Vol. 14. - № 1. - P. 78-79.
56. Хапцева, О.Ж. О действии подкислителей на микрофлору желудочно-кишечного тракта телят / О.Ж. Хапцева, З.Ю. Хапцев, Е.А. Фауст, О.С. Ларионова, А.А. Щербаков // *Научная жизнь.* - 2015. - № 2. - С. 103-109.
57. Шахов, А.Г. Формирование кишечного микробиоценоза у телят с синдромом гипотрофии в молочный период / А.Г. Шахов, Л.Ю. Сашнина,

Д.В. Федосов, Т.Е. Ерина, Ю.Н. Алехин // Сельскохозяйственная биология. - 2014. - № 2. - С. 105-111.

58. Нифонтова, В.В. Получение бактериофагов и их применение в ветеринарии // В.В. Нифонтова, О.Е. Чугунова // Вестник Пермского научного центра. – № 2. – 2015. – С. 54-59.

59. Чугунова, О.Е. Изучение свойств протейных фагов / О.Е. Чугунова, Н.А. Татарникова // Пермский аграрный вестник. - № 3(15). – 2016. – С. 108-122.

60. Золотухин, С.Н. Малоизученные энтеробактерии и их роль в патологии животных / С.Н. Золотухин. – Ульяновск: Копиринг, 2004. – С.29–37 (130с).

61. Сбойчаков, В.Б. Эпидемиология, клиника и лабораторная диагностика бактериальных и вирусных диарей / В.Б. Сбойчаков, С.М. Захаренко, Ю.П. Финогеев, В.Ф. Крумгольц // Лечение и профилактика. - 2012. - № 3. - С. 77-81.

62. Мирошников, К.А. Геномика и протеомика литических бактериофагов *Pseudomonas aeruginosa*: автореф. дис. ...докт. хим. наук: 03.01.04, 03.01.06 /Мирошников Константин Анатольевич. – Москва, 2013. – С.5 (169с).

63. Нестабильность генома фагов вида EL *Pseudomonas aeruginosa*: исследование мутантов, проявляющих вирулентность / С.В. Крылов, Е.А. Плетенева, М.В. Буркальцева, О.В. Шабурова, К.А. Мирошников, Р. Лавинь, А. Корнелиссен, В.Н. Крылов // Генетика. - 2011. - Т. 47. - № 2. - С. 183-189.

64. Crystal structure and location of gp131 in the bacteriophage phiKZ virion / L.V. Sycheva, M.M. Shneider, N.N. Sykilinda, M.A. Ivanova, K.A. Miroshnikov, P.G. Leiman // Virology. – 2012. - Vol. 434. - P.257-265.

65. Jungblut, P. R. Proteomics of microbial pathogens / P. R. Jungblut, M. Hecker // Proteomics. - 2004. - Vol. 4. - № 10. - P.2829–2830.



66. Polyphasic analysis of strains of the genus *Capnocytophaga* and Centers for Disease Control group DF-3 / P. Vandamme, M. Vancanneyt, A. van Belkum et al. // *Int. J. Syst. Bacteriol.* - 1996. - Vol. 46. - № 3. - P. 782-791.
67. Cash, P. Proteomics in the study of the molecular taxonomy and epidemiology of bacterial pathogens / P. Cash // *Electrophoresis.* - 2009. - Vol. 1. - P. 133-141.
68. Tiwari, V. Quantitative proteomics to study carbapenem resistance in *Acinetobacter baumannii* / V. Tiwari, M. Tiwari // *Front. Microbiol.* - 2014. - Vol. 5. - № 512. – P.1-7.
69. Integrated microanalytical technology enabling rapid and automated protein identification / S. Ekström, P. Onnerfjord, J. Nilsson et al. // *Anal. Chem.* – 2000. – Vol. 72. - № 2. – P. 286-293.
70. Bacteriophages. Methods and Protocols, Volume 3 / Martha R.J. Clokie, A. M. Kropinski, R. Lavigne. - Humana Press, 2018. – 311 p.
71. Hanlon, G.W. Bacteriophages: an appraisal of their role in the treatment of bacterial infections / G.W. Hanlon // *Int. J. Antimicrob. Agents.* – 2007. – Vol.30. – P. 118-128.
72. The phage therapy paradigm: prêt-à-porter or surmesure? / J.P. Pirnay, D. De Vos, G. Verbeken, M. Merabishvili, N. Chanishvili, M. Vaneechoutte, M. Zizi, G. Laire, R. Lavigne, I. Huys, G. Van den Mooter, A. Buckling, L. Debarbieux, F. Pouillot, J. Azeredo, F. Kutter, A. Dublanche, A. Górski, R. Adamia // *Pharm. Res.* – 2011. – Vol. 28. – P. 934-937.
73. Isolation and characterization of KP34 - a novel  $\phi$ KMV-like bacteriophage for *Klebsiella pneumoniae* / Z. Drulis-Kawa, P. Mackiewicz, A. Kesik-Szeloch, E. Maciaszczyk-Dziubinska, B. Weber-Dabrowska, A. Dorotkiewicz-Jach, D. Augustyniak, G. Majkowska-Skrobek, T. Bocer, J. Empel, A.M. Kropinski // *Applied Microbiol. Biotechnol.* – 2011. – Vol. 90. – P. 1333-1345.

74. Bernhardt, T.G. Genetic evidence that the bacteriophage fX174 lysis protein inhibits cell wall synthesis / T.G. Bernhardt, W.D. Roof, R. Young // Proc. Natl. Acad. Sci. – 2000. – Vol. 97. – P. 4297-4302.

75. Leclerc, H. Bacteriophages as indicators of enteric viruses and public health risk in groundwaters / H. Leclerc, S. Edberg, V. Pierzo, J.M. Delattre // J. Appl. Microb. – 2000. – Vol. 88. – P. 5-21.

76. Gill, J.J. Phage choice, isolation, and preparation for phage therapy / J.J. Gill, P. Nyman // Curr. Pharm. Biotechnol. – 2010. – Vol. 11. - P. 2-14.

77. Мирошников, К.А. Геномика и протеомика литических бактериофагов *Pseudomonas aeruginosa*: автореф. дис. ...докт. хим. наук: 03.01.04, 03.01.06 /Мирошников Константин Анатольевич. – Москва, 2013. – С.5 (169с).

78. Легоцкий, С.А. Получение, изучение свойств, стабилизация рекомбинантного эндолизина бактериофага S-394 и разработка способа эффективного лизиса грамотрицательных бактерий: дис. ...канд. биол. наук: 03.01.04, 03.01.06 /Легоцкий Сергей Александрович. – Москва, 2016. – С.85-94 (151с).

79. Лукин, О.А. Особенности диагностики протеоза среди новорожденных телят / О.А. Лукин, О.В. Поворова // Вестник Башкирского государственного аграрного университета. – № 3 (23). - 2012. – С. 34-36.

80. Габидуллин, Ю.З. Особенности некоторых биологических свойств монокультур бактерий родов *Enterobacter spp.*, *Citrobacter spp.*, *Serratia spp.*, *Proteus spp.* и их совместно сокультивируемых вариаций / Ю.З. Габидуллин, Р.С. Суфияров, З.Г. Габидуллин, Р.З. Суфиярова, М.Г. Зайнуллина М.Г. // Человек. Спорт. Медицина. - 2013. - Т. 13. - № 1. - С. 96-101.

81. Гибазов, Н.Н. Сравнительная характеристика некоторых морфологических и биологических особенностей диссоциативных форм бактерий рода *Proteus*: автореф. дис. ...канд. мед. наук: 03.02.03 / Нуршат Нургарифанович Гибазов. – Оренбург, 2012. – С. 7-9.

82. Насибуллин, Н.Х. Сравнительная характеристика некоторых биологических свойств у бактерий рода *Proteus* и культур *Staphylococcus aureus*, выделенных при гнойно-воспалительных заболеваниях у больных, находящихся на стационарном лечении в онкологических больницах г.г. Куватова г. Уфы / Н.Х. Насибуллин, Ю.З. Габидуллин, З.Г. Габидуллин, Р.С. Суфияров, Р.Р. Суфияров // Медицинский вестник Башкортостана. - 2008. - Т. 3. - № 4. - С. 25-29.

83. Сятчихина, Е.Н. Критерии отбора бактериальных штаммов и бактериофагов для формирования производственной коллекции, специфически лизирующих бактерии родов: *Klebsiella*, *Echerichia*, *Proteus*, *Pseudomonas*, *Staphylococcus* / Е.Н. Сятчихина, П.А. Набатников, С.А. Коровкин, А.В. Катлинский, Г.М. Игнатъев // Биопрепараты. Профилактика. Диагностика. Лечение. – 2016. – Т. 16. - № 2 (58). – С.90-95.

84. Феоктистова, Н.А. Выделение и изучение биологических свойств бактериофагов рода *Proteus*, конструирование на их основе биопрепарата и разработка параметров практического применения: автореф. дис. ...канд. биол. наук: 03.00.07, 03.00.23 / Феоктистова Наталья Александровна. – Саратов, 2006. – С.8–10 (21с).

85. Феоктистова, Н.А. Биологические особенности бактерий рода *Proteus* и их роль в патологии животных // Региональные проблемы народного хозяйства: Матер. Всерос. науч.- практ. конф. молодых ученых, 8-9 апреля 2004 г. – Ульяновск, 2004. – Ч. 1 – С.329-336.

86. Шмидт, Г.О. Биологические свойства микроорганизмов, выделенных из толстого кишечника перепелов в норме и при дисбактериозе / Г.О. Шмидт, Г.О. Плешакова // Ветеринарная патология. - 2012. - Т. 39. - № 1. - С. 61-63.

87. Войтенко, Л.Г. Влияние микробного фактора на возникновение скрытого эндометрита у коров / Л.Г. Войтенко, Т.И. Лапина, И.А. Головань, Д.И. Шилин // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. - 2015. - № 1. - С. 23-25.

88. Золотухин, С.Н. Малоизученные энтеробактерии и их роль в патологии животных / С.Н. Золотухин. – Ульяновск: Копиринг, 2004. – С.29–37.

89. Феоктистова, Н.А. Выделение и изучение биологических свойств бактериофагов рода *Proteus*, конструирование на их основе биопрепарата и разработка параметров практического применения: автореф. дис. ...канд. биол. наук: 03.00.07, 03.00.23 / Феоктистова Наталья Александровна. – Саратов, 2006. – С.8–10.

90. Юкова, Г.В. Санітарно-мікробіологічний контроль кулінарних виробів харчових підприємств м. мариуполь / Г.В. Юкова, Л.П. Голодок, А. Вінніков // Вестник проблем биологии и медицины. - 2014. - Т. 3. - № 4. – С. 315-320.

91. Хапцева, О.Ж. О действии подкислителей на микрофлору желудочно-кишечного тракта телят / О.Ж. Хапцева, З.Ю. Хапцев, Е.А. Фауст, О.С. Ларионова, А.А. Щербаков // Научная жизнь. - 2015. - № 2. - С. 103-109.

92. Шахов, А.Г. Формирование кишечного микробиоценоза у телят с синдромом гипотрофии в молочный период / А.Г. Шахов, Л.Ю. Сашнина, Д.В. Федосов, Т.Е. Ерина, Ю.Н. Алехин // Сельскохозяйственная биология. - 2014. - № 2. - С. 105-111.

93. Каминська, М.В. Сравнительная возрастная динамика становления микробиоценоза слепой кишки кур и перепелов / М.В. Каминська, О.М. Стефаньшин, Г.И. Нечай, Н.И. Борецкая, С.В. Гураль, И.Н. Попык, Н.И. Цепко, В.В. Литвин // Біологія тварин. - 2014. – Т. 16. - № 4. - С. 50-58.

94. Золотухин, С.Н. Малоизученные энтеробактерии и их роль в патологии животных / С.Н. Золотухин. – Ульяновск: Копиринг, 2004. – С.29–37.

95. Куразева, А.В. Состояние кишечного микробиоценоза телят при острых кишечных расстройствах / А.В. Куразева, В.А. Коноплев, Л.А.

Лаврушина, И.С. Шульга // Вестник Красноярского государственного аграрного университета. - 2015. - № 12. - С. 173-177.

96. Куриленко, А.Н. Бактериальные и вирусные болезни молодняка сельскохозяйственных животных / А.Н. Куриленко, В.Л. Крупальник, Н.В. Пименов. - М.: Колосс, 2005. - 296 с.

97. Сбойчаков, В.Б. Эпидемиология, клиника и лабораторная диагностика бактериальных и вирусных диарей / В.Б. Сбойчаков, С.М. Захаренко, Ю.П. Финогеев, В.Ф. Крумгольц // Лечение и профилактика. - 2012. - № 3. - С. 77-81.

98. Феоктистова, Н.А. Методы выделения бактериофагов рода *Bacillus* / Н.А. Феоктистова, В.А. Макеев, М.А. Юдина, А.И. Калдыркаев // Вестник ветеринарии. - 2011.- № 4 (59). - С. 88-89.

99. Феоктистова, Н.А. Выделение и изучение основных биологических свойств бактериофагов бактерий *Bacillus subtilis* / Н.А. Феоктистова / В книге: «Бактериофаги микроорганизмов значимых для животных, растений и человека». - Ульяновск, НИИЦМиБ, 2013. - С. 186-197. (315 с.)

100. Юдина, М.А. Выделение и изучение основных биологических свойств бактериофагов бактерий вида *Bacillus mesentericus* / М.А. Юдина, Н.А. Феоктистова // В книге: «Бактериофаги микроорганизмов значимых для животных, растений и человека». - Ульяновск, 2013. - С. 197-211. (315 с.)

101. Романова, Н.А. Сравнительная эффективность методов выделения фагов *Bacillus megaterium* / Н.А. Романова, Н.А. Феоктистова, С.Н. Золотухин, Д.А. Васильев [и др.] // Вестник ветеринарии. – 2013. - № 1 (64). – С. 26-27.

102. Климушкин, Е.И. Выделение бактериофагов, специфичных к *Bacillus anthracis* / Е.И. Климушкин, Н.А. Феоктистова, Д.А. Васильев [и др.] // БиоКиров-2015: сборник материалов III Международного форума. [Электронный ресурс]. - 2015. - С. 10-12.

103. Золотухин, С.Н. Создание и разработка схем применения диагностических биопрепаратов на основе выделенных и изученных бактериофагов энтеробактерий / автореферат диссертации на соискание ученой степени доктора биологических наук / Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия. – Ульяновск, 2007. – С. 5-8.

104. Акимкин, В.Г. Бактериофаги: исторические и современные аспекты их применения: опыт и перспективы/В.Г. Акимкин, О.С. Дарбеева, В.Ф. Колков//Клиническая практика. - 2010. - №4. - С.48-54.

105. Алешкин, А.В. Биодеконтаминация и продление сроков годности мясных и рыбных полуфабрикатов с помощью бактериофагов/ А.В. Алешкин, Э.Р. Зулькарнеев, Ю.В. Ларина // Астраханский медицинский журнал, г.Астрахань. – 2015. - №4. т.10. – С.40-48.

106. Алешкин, А.В. Возможности применения бактериофагов в качестве пробиотических средств деконтаминации в области питания/ А.В. Алешкин, М.В. Зейгарник // Вопросы диетологии. – 2012. – Т.2. - №4. – С.24 – 34.

107. Алешкин, А.В. Бактериофаги как пробиотики и средства деконтаминации пищевых продуктов / А.В. Алешкин, Н.В. Воложанцев, Э.А. Светоч, В.А. Алешкин, С.С. Афанасьев, А.И. Борзилов, Д.А. Васильев, С.Н. Золотухин, А.В. Караулов, Х.М. Галимзянов, Ю.Ф. Космачев, И.А. Киселева, М.С. Афанасьев, Е.О. Рубальский, М.О. Рубальский // Астраханский мед. журнал. – 2012. – №3 (7), – С.31-39.

108. Байгулина, Ф.А., Способы выделения бактериофагов: патент 2109055 / Ф.А. Байгулина, Н.Л. Киняпина, А.Г. Исрафилов // Вирусология. - 1998. - №12. - С. 115.

109. Бактериофаги зооантропонозных и фитопатогенных бактерий / под ред. Д.А. Васильева и С.Н. Золотухина. – Ульяновск, 2017. – 176 с.

110. Патент №2525141 - Способ получения бактериофага. Авторы: Киселева Ирина Анатольевна (RU), Алешкин Андрей Владимирович (RU), Верёвкин Владимир Васильевич (RU), Светоч Эдуард Арсеньевич (RU),

Афанасьев Станислав Степанович (RU), Рубальский Евгений Олегович (RU), Рубальская Елена Евгеньевна (RU), Рубальский Максим Олегович (RU), Ефимова Ольга Григорьевна (RU), Васильев Дмитрий Аркадьевич (RU), Золотухин Сергей Николаевич (RU). Патентообладатель: Федеральное Бюджетное учреждение науки «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Г.Н. Габричевского» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (RU).

111. Ребриков Д.В., Саматов Г.А., Трофимов Д.Ю. ПЦР «в реальном времени» под ред. д. б. н. ДВ Ребрикова; 2-е изд., испр. и доп. – 2009.

112. Progress with gene-product mapping of the Mollicutes: *Mycoplasma genitalium* / V. C. Wasinger, S. J. Cordwell, A. Cerpa-Poljak et al. // Electrophoresis. – 1995. - Vol. 16. - P. 1090-1094.

113. Jungblut, P. R. (2004). Proteomics of microbial pathogens / P. R. Jungblut, M. Hecker // Proteomics. - 2004. - Vol. 4. - № 10. - P. 2829–2830.

114. Polyphasic analysis of strains of the genus *Capnocytophaga* and Centers for Disease Control group DF-3 / P. Vandamme, M. Vancanneyt, A. van Belkum et al. // Int. J. Syst. Bacteriol. - 1996. - Vol. 46. - № 3. - P. 782-791.

115. Cash, P. Proteomics in the study of the molecular taxonomy and epidemiology of bacterial pathogens / P. Cash // Electrophoresis. - 2009. - Vol. 1. - P. 133-141.

116. Tiwari, V. Quantitative proteomics to study carbapenem resistance in *Acinetobacter baumannii* / V. Tiwari, M. Tiwari // Front. Microbiol. - 2014. - Vol.5. - № 512. - p. 1-7.

117. Sauer, S. Mass spectrometry tools for the classification and identification of bacteria / S. Sauer, M. Kliem // Nat. Rev. Microbiol. - 2010. - Vol. 8. - P. 74-82.

118. Rapid classification and identification of salmonellae at the species and subspecies levels by whole-cell matrix-assisted laser desorption ionization-

time of flight mass spectrometry / R. Dieckmann, R. Helmuth, M. Erhard et al. // Appl. Environ. Microbiol. – 2008. - Vol. 74. - P. 7767-7778.

119. Rapid identification of *Vibrio parahaemolyticus* by whole-cell matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry / T.H. Hazen, R.J. Martinez, Y. Chen et al. // Appl. Environ. Microbiol. – 2009. – Vol. 75. – P. 6745-6756.

120. Species specific identification and differentiation of *Arcobacter*, *Helicobacter* and *Campylobacter* by full-spectral MALDI-TOF MS analysis / M. Alispahic, K. Hummel, D. Jandreski-Cvetkovic et al. // J. Med. Microbiol. – 2010. – Vol. 59. - P. 295-301.

121. Rapid genus and species specific identification of *Cronobacter* spp. by MALDI-TOF Mass spectrometry / R. Stephan, D. Ziegler, V. Pflüger et al. // J. Clin. Microbiol. – 2010. – Vol. 48. – P. 2846-2851.

122. Liquid chromatography/mass spectrometry characterization of *Escherichia coli* and *Shigella* species / R.A. Everley, T. M. Mott, S.A. Wyatt et al. // J. Am. Soc. Mass Spectrom. – 2008. – Vol. 19. – P. 1621-1628.

123. Integrated microanalytical technology enabling rapid and automated protein identification / S. Ekström, P. Onnerfjord, J. Nilsson et al. // Anal. Chem. – 2000. – Vol. 72, № 2. – P. 286-293.

124. ГОСТ Р 53416-2009 Тара стеклянная для лекарственных средств. Общие технические условия – URL: <http://docs.cntd.ru/document/1200075116> - дата обращения 12.01.2018.



## СОДЕРЖАНИЕ

Актуальность проекта.....	3
Цель и задачи фундаментального исследования.....	12
Актуальность и значимость темы научного исследования для региона.....	13
Общий план работ на весь срок выполнения проекта.....	14
Методы и подходы, использованные в ходе выполнения проекта.....	16
Результаты исследований.....	39
1. Бактериофаги рода <i>Proteus</i> .....	39
1.1 Выделение бактерий рода <i>Proteus</i> .....	39
1.2 Выделение бактериофагов рода <i>Proteus</i> и подбор параметров культивирования.....	49
1.3 Изучение биологических свойств бактериофагов рода <i>Proteus</i> .....	59
1.4 Исследование взаимодействия фаг-хозяин и определение факторов, оказывающих влияние на данный процесс.....	68
2. Бактериофаги рода <i>Citrobacter</i> .....	73
2.1 Выделение бактерий рода <i>Citrobacter</i> .....	73
2.2 Выделение бактериофагов <i>Citrobacter</i> .....	78
2.3 Характеристика выделенных фагов бактерий рода <i>Citrobacter</i> .....	82
3. Бактериофаги <i>Yersinia</i> .....	89
3.1 Выделение бактерий вида <i>Y. enterocolitica</i> и изучение их биологических свойств.....	89
3.2 Выделение бактериофагов <i>Y. enterocolitica</i> и подбор параметров культивирования.....	92
3.3 Изучение биологических свойств бактериофагов бактерий вида <i>Y. enterocolitica</i> .....	99
3.4 Исследование взаимодействия выделенных бактериофагов с индикаторными культурами <i>Y. enterocolitica</i> .....	108
4. Бактериофаги рода <i>Enterobacter</i> .....	114
4.1 Выделение и изучение биологических свойств бактерий рода <i>Enterobacter</i> .....	114
4.2 Выделение бактериофагов рода <i>Enterobacter</i> и подбор параметров культивирования.....	117
4.3 Изучение биологических свойств бактериофагов бактерий рода <i>Enterobacter</i> .....	125
4.4 Исследование взаимодействия выделенных бактериофагов с индикаторными культурами энтеробактеров.....	132
5. Исследование оптимальной методики выделения фаговых геномов, исходя из критериев трудоемкости, эффективности и отсутствие деградации при исследовании и хранении нуклеиновых кислот.....	138
6. Секвенирование бактериофагов.....	140
7. Исследование профилограмм структурных протеомов бактериальных штаммов.....	165
8. Анализ протеомов выделенных и селекционированных бактериофагов.....	169

8.1 Proteus phage (Pr 4 - УГСХА).....	173
8.2 Enterobacter phage (E7).....	534
8.3 Yersinia phage (Ye3-f2).....	851
9. Разработка систем ПЦР-детекции исследуемых групп бактериофагов.....	1217
10. Разработка систем генетической детекции наличия локусов патогенности в отобранных фаговых геномах.....	1226
11. Классификационная база исследованных бактериофагов на основе критериев биологических характеристики особенностей взаимодействия фаг- хозяин и особенностей генетической организации и характеристики протеома бактериофагов.....	1235
12. Методические рекомендации по особенностям культивирования, хранения, очистки и концентрации бактериофагов, активных в отношении энтеробактерий, имеющих важное значение для сельскохозяйственной ветеринарии.....	1240
Заключение.....	1249
Выводы.....	1257
Библиографический список.....	1265
Приложение.....	1282

# **ПРИЛОЖЕНИЕ**

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЬПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
**Phagem Proteus vulgaris Pr – 1 УГСХА**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.  
**Номер в других коллекциях:** нет.  
**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).  
**Родословная:** нет.  
**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.  
**Дата, источник и место выделения:** 2016 г. фекалии телят, р.п. Елховка, Самарская область.  
**Где идентифицирован:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.  
**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.  
**Свойства и культуральные особенности:**  
 Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.  
 На индикаторном бактериальном штамме *Proteus vulgaris* 1 формирует прозрачные негативные колонии диаметром  $0,3 \pm 0,1$  см.  
**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Proteus vulgaris* 1 в жидких питательных средах при температуре  $36 \pm 2$  °С в течение 3,5 часов выход фага составляет  $2,3 \pm 0,1 \times 10^8$  БОЕ/мл.  
**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.  
**Литературные ссылки:** нет.  
**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».  
 Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru  
 Авторы: Васильев Д.А., Феоктистова Н.А.  
**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЫПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
**Phagum *Proteus vulgaris* Pr – 2 УГСХА**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.  
**Номер в других коллекциях:** нет.  
**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).  
**Родословная:** нет.  
**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.  
**Дата, источник и место выделения:** 2016 г. фекалии поросят, р.п. Чердаклы, Ульяновская область.  
**Где идентифицирован:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.  
**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.  
**Свойства и культуральные особенности:**  
 Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.  
 На индикаторном бактериальном штамме *Proteus vulgaris* 3 формирует прозрачные негативные колонии диаметром 0,3±0,1 см.  
**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Proteus vulgaris* 3 в жидких питательных средах при температуре 36±2 °С в течение 3,5 часов выход фага составляет 1,7±0,2x10<sup>7</sup> БОЕ/мл.  
**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.  
**Литературные ссылки:** нет.  
**Организация – депозитар:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».  
 Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.  
**Авторы:** Васильев Д.А., Феоктистова Н.А.  
**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЬПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
***Phagum Proteus vulgaris* Pr – 3 УГСХА**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2016 г. фекалии поросят, р.п. Инза, Ульяновская область.

**Где идентифицирован:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.

На индикаторном бактериальном штамме *Proteus vulgaris* 13 формирует прозрачные негативные колонии диаметром 0,4±0,1 см.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Proteus vulgaris* 13 в жидких питательных средах при температуре 36±2 °С в течение 3,5 часов выход фага составляет 4,5±0,1x10<sup>8</sup> БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Феоктистова Н.А.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



*[Handwritten signature]*

В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЫПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
***Phagum Proteus vulgaris* Pr – 4 УТСХА**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2016 г. фекалии поросят, р.п. Котки, Самарская область.

**Где идентифицирован:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.

На индикаторном бактериальном штамме *Proteus vulgaris* 16 формирует прозрачные негативные колонии диаметром 0,4±0,1 см.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Proteus vulgaris* 16 в жидких питательных средах при температуре 36±2 °С в течение 3,5 часов выход фага составляет 1,9±0,1х10<sup>9</sup> БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Феоктистова Н.А.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЫПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
***Phagum Proteus vulgaris* Pr – 5 УТСХА**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.  
**Номер в других коллекциях:** нет.  
**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).  
**Родословная:** нет.  
**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.  
**Дата, источник и место выделения:** 2016 г. фекалии крупного рогатого скота, р.п. Майна, Ульяновская область.  
**Где идентифицирован:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.  
**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.  
**Свойства и культуральные особенности:**  
 Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.  
 На индикаторном бактериальном штамме *Proteus vulgaris* 33 формирует прозрачные негативные колонии диаметром 0,3±0,1 см.  
**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Proteus vulgaris* 33 в жидких питательных средах при температуре 36±2 °С в течение 3,5 часов выход фага составляет 5,6±0,3х10<sup>7</sup> БОЕ/мл.  
**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.  
**Литературные ссылки:** нет.  
**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».  
 Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.  
**Авторы:** Васильев Д.А., Феоктистова Н.А.  
**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев



МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЬПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

Паспорт штамма бактериофага  
Phage *Proteus vulgaris* Pr – 6 УГСХА

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.  
**Номер в других коллекциях:** нет.  
**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).  
**Родословная:** нет.  
**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.  
**Дата, источник и место выделения:** 2016 г. фекалии крупного рогатого скота, р.п. Красный Яр, Самарская область.  
**Где идентифицирован:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.  
**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.  
**Свойства и культуральные особенности:**  
 Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.  
 На индикаторном бактериальном штамме *Proteus vulgaris* 28 формирует прозрачные негативные колонии диаметром 0,5±0,1 см.  
**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Proteus vulgaris* 28 в жидких питательных средах при температуре 36±2 °С в течение 3,5 часов выход фага составляет 1,3±0,2х10<sup>9</sup> БОЕ/мл.  
**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая запитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.  
**Литературные ссылки:** нет.  
**Организация – депозитар:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».  
 Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru  
**Авторы:** Васильев Д.А., Феоктистова Н.А.  
**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЫПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
***Phagum Proteus vulgaris Pr – 7 УГСХА***

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2016 г. фекалии поросят, р.п. Новоспаское, Ульяновская область.

**Где идентифицирован:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.

На индикаторном бактериальном штамме *Proteus vulgaris* 38 формирует прозрачные негативные колонии диаметром  $0,6 \pm 0,1$  см.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Proteus vulgaris* 38 в жидких питательных средах при температуре  $36 \pm 2$  °С в течение 3,5 часов выход фага составляет  $4,2 \pm 0,2 \times 10^6$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Феоктистова Н.А.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЫПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
***Phagum Proteus vulgaris Pr – 8 УГСХА***

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2016 г. фекалии поросят, р.п. Кузоватово, Ульяновская область.

**Где идентифицирован:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Proteus vulgaris* и *Proteus mirabilis*.

На индикаторном бактериальном штамме *Proteus mirabilis* 12 формирует прозрачные негативные колонии диаметром  $0,3 \pm 0,1$  см.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Proteus mirabilis* 12 в жидких питательных средах при температуре  $36 \pm 2$  °С в течение 3,5 часов выход фага составляет  $3,9 \pm 0,1 \times 10^8$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Феоктистова Н.А.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЬПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
**Phage *Citrobacter freundii* СГТ-1**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Citrobacter freundii*.

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2016г. песок детских песочниц, п.Октябрьский, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Citrobacter freundii*.

На индикаторном бактериальном штамме *Citrobacter freundii* Nel формирует прозрачные негативные колонии диаметром до  $5,0 \pm 0,1$  мм.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Citrobacter freundii* Nel в жидких питательных средах при температуре  $37^{\circ}\text{C}$  в течение 16 часов выход фага составляет  $6,0 \times 10^5 \pm 0,1 \times 10^5$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре  $(4-8)^{\circ}\text{C}$ ; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитар:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (884225) 52375, e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Пульчеровская Л.П.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
 ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А.  
 СТОЛЫПИНА  
 КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ, ЭПИЗООТОЛОГИИ И ВЕТЕРИНАРНО-  
 САНИТАРНОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР МИКРОБИОЛОГИИ И  
 БИОТЕХНОЛОГИИ

**Паспорт штамма бактериофага**  
***Phage Citrobacter freundii* СП-2**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Citrobacter freundii*.

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017г. вода из р.Волга, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Citrobacter freundii*.

На индикаторном бактериальном штамме *Citrobacter freundii* №4 формирует прозрачные негативные колонии диаметром до  $3,0 \pm 0,1$  мм.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Citrobacter freundii* №4 в жидких питательных средах при температуре  $37^{\circ}\text{C}$  в течение 16 часов выход фага составляет  $6,0 \times 10^7 \pm 0,1 \times 10^7$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре  $(4-8)^{\circ}\text{C}$ ; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитар:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Пульчеровская Л.П., Золотухин С.Н.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



5 мая 2017 года.

В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
Phage *Citrobacter freundii* СП-3**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Citrobacter freundii*.

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017г. почва, п. Октябрьский, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Citrobacter freundii*.

На индикаторном бактериальном штамме *Citrobacter freundii* №9 формирует прозрачные негативные колонии диаметром до  $2,3 \pm 0,1$  мм.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Citrobacter freundii* №9 в жидких питательных средах при температуре  $37^{\circ}\text{C}$  в течение 16 часов выход фага составляет  $3,0 \times 10^9 \pm 0,1 \times 10^9$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре  $(4-8)^{\circ}\text{C}$ ; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru

**Авторы:** Васильев Д.А., Пульчеровская Л.П., Золотухин С.Н.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЬПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Citrobacter freundii* СП-4**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Citrobacter freundii*.

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2016г. почва из загона для лошадей, п. Октябрьский, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Citrobacter freundii*.

На индикаторном бактериальном штамме *Citrobacter freundii* №9 формирует прозрачные негативные колонии диаметром до  $2,3 \pm 0,1$  мм.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Citrobacter freundii* №9 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 16 часов выход фага составляет  $3,0 \times 10^9 \pm 0,1 \times 10^9$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Пульчеровская Л.П., Золотухин С.Н.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
 УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
 АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
 МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Enterobacter* E1

дата депонирования 5 мая 2017 года

Вид микроорганизма: специфический бактериофаг *Enterobacter*

Номер в других коллекциях: нет.

Основание для депонирования: уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

Родословная: нет.

Патогенность: не патогенен для лабораторных животных.

Дата, источник и место выделения: 2017, сточные воды п.Сурское, Ульяновская область.

Где идентифицирована культура: Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

Методы идентификации: по биологическим свойствам.

Свойства и культуральные особенности:

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Enterobacter*. На индикаторном бактериальном штамме *E.coli* формирует округлые, прозрачные без зоны неполного лизиса, диаметром до 1 мм негативные колонии.

Условия культивирования: при культивировании на штамме *E.coli* в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага составляет  $7,4 \pm 0,2 \times 10^8$  БОЕ/мл.

Условия хранения: в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

Литературные ссылки: нет.

Организация – депозитор: Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru

Авторы: Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

Форма депонирования: хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев



МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
 УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
 АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
 МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Enterobacter* E3

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Enterobacter*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, сточные воды п. Чердаклы, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Enterobacter*. На индикаторном бактериальном штамме *E. dissolvens* 3 формирует округлые, прозрачные без зоны неполного лизиса, диаметром до 1 мм негативные колонии.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *E. dissolvens* 3 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага составляет  $1,6 \pm 0,2 \times 10^8$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЬПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Enterobacter E6***

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Enterobacter*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, патологический материал – кишечник теленка, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Enterobacter*. На индикаторном бактериальном штамме *E. dissolvens 3* формирует округлые, прозрачные без зоны неполного лизиса, диаметром до 1 мм негативные колонии.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *E. dissolvens 3* в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага составляет  $2,8 \pm 0,2 \times 10^9$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение штамма для промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
 УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
 АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
 МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Enterobacter* E2

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Enterobacter*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, патологический материал – кишечник поросенка, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Enterobacter*. На индикаторном бактериальном штамме *E. dissolvens* 3 круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, имеют диаметр до 3-4 мм негативные колонии.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *E. dissolvens* 3 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага составляет  $2,8 \pm 0,2 \times 10^9$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЬПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Enterobacter E4***

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Enterobacter*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, патологический материал – кишечник поросенка, п. Октябрьский, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Enterobacter*. На индикаторном бактериальном штамме *E. dissolvens 1* круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, имеют диаметр до 3-4 мм негативные колонии.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *E. dissolvens 1* в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага  $3 \pm 0,2 \times 10^9$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru

Авторы: Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Enterobacter* E5

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Enterobacter*  
**Номер в других коллекциях:** нет.  
**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).  
**Родословная:** нет.  
**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.  
**Дата, источник и место выделения:** 2017, патологический материал – кишечник теленка, Ульяновская область.  
**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.  
**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.  
**Свойства и культуральные особенности:**  
Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Enterobacter*. На индикаторном бактериальном штамме *E. dissolvens* 3 колонии круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, имеют диаметр до 3–4 мм негативные колонии.  
**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *E. dissolvens* 3 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага  $3 \pm 0,2 \times 10^8$  БОЕ/мл.  
**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая запитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.  
**Литературные ссылки:** нет.  
**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».  
Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.  
**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.  
**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЬПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Enterobacter* E7**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Enterobacter*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, сточные воды животноводческого хозяйства, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Enterobacter*. На индикаторном бактериальном штамме *E.coli* 1 круглые прозрачные без зоны неполного лизиса, имеют диаметр до 3-4 мм негативные колонии.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *E.coli* 1 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага  $1,8 \pm 0,2 \times 10^{10}$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
Phage *Yersinia enterocolitica* Ye2-fl**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Yersinia enterocolitica*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, вода из р. Волга, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Yersinia enterocolitica*. На индикаторном бактериальном штамме *Y. enterocolitica* Ye2 негативные колонии диаметром 0,7-0,8, с прозрачным центром и с широкой зоной неполного лизиса.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Y. enterocolitica* Ye2 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага  $3,2,1 \pm 0,1 \times 10^7$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Yersinia enterocolitica* Ye3-f2**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Yersinia enterocolitica*  
**Номер в других коллекциях:** нет.  
**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).  
**Родословная:** нет.  
**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.  
**Дата, источник и место выделения:** 2017, вода из р. Сура, Ульяновская область.  
**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.  
**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.  
**Свойства и культуральные особенности:**  
Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Yersinia enterocolitica*. На индикаторном бактериальном штамме *Y. enterocolitica* Ye3 негативные колонии диаметром 1,0-1,5, прозрачные, без зоны неполного лизиса.  
**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Y. enterocolitica* Ye3 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага  $1,5 \pm 0,1 \times 10^{10}$  БОЕ/мл.  
**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.  
**Литературные ссылки:** нет.  
**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».  
**Тел.:** (884231) 51175, **факс:** (884225) 52375, **e-mail:** ugsha@yandex.ru.  
**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.  
**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев



**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
*Phagum Yersinia enterocolitica Ye2-f3***

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Yersinia enterocolitica*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, почва с выгульных площадок, г. Ульяновск.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Yersinia enterocolitica*. На индикаторном бактериальном штамме *Y. enterocolitica* Ye2 негативные колонии диаметром 0,5-0,7, прозрачные, с узкой зоной неполного лизиса.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Y. enterocolitica* Ye2 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага  $1,7 \pm 0,1 \times 10^7$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru

**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

**Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Yersinia enterocolitica* Ye1-f4**

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Yersinia enterocolitica*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, вода р. Свига, г. Ульяновск.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Yersinia enterocolitica*. На индикаторном бактериальном штамме *Y. enterocolitica* Ye1 негативные колонии диаметром 0,2-0,3, прозрачные, без зоны неполного лизиса.

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Y. enterocolitica* Ye1 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага  $2,8 \pm 0,1 \times 10^6$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
проректор по научной работе



В.А. Исайчев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
 ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
 УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
 УЛЬЯНОВСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ  
 АКАДЕМИЯ ИМЕНИ П.А. СТОЛЫПИНА  
 НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИННОВАЦИОННЫЙ ЦЕНТР  
 МИКРОБИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

Паспорт штамма бактериофага  
Phagum *Yersinia enterocolitica* Ye2-f5

дата депонирования 5 мая 2017 года

**Вид микроорганизма:** специфический бактериофаг *Yersinia enterocolitica*

**Номер в других коллекциях:** нет.

**Основание для депонирования:** уникальные биологические свойства (литическая активность, диапазон литического действия, специфичность, устойчивость к физическим и химическим факторам), позволяющие использовать бактериофаг в составе препаратов с антибактериальным действием (бактериальных композиций).

**Родословная:** нет.

**Патогенность:** не патогенен для лабораторных животных.

**Дата, источник и место выделения:** 2017, бытовые сточные воды, Ульяновская область.

**Где идентифицирована культура:** Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина» кафедра микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ветеринарно-санитарной экспертизы.

**Методы идентификации:** по биологическим свойствам.

**Свойства и культуральные особенности:**

Обладает литической активностью по отношению к штаммам бактерий *Yersinia enterocolitica*. На индикаторном бактериальном штамме *Y. enterocolitica* Ye2 негативные колонии диаметром 0,9-1,0 с прозрачным центром диаметром и узкой зоной неполного лизиса

**Условия культивирования:** при культивировании на штамме *Y. enterocolitica* Ye1 в жидких питательных средах при температуре 37 °С в течение 6 часов выход фага  $1,9 \pm 0,1 \times 10^5$  БОЕ/мл.

**Условия хранения:** в лиофилизированном состоянии (сахаро-желатиновая защитная среда), хранение при температуре (4-8) °С; перезакладка через 5 лет.

**Литературные ссылки:** нет.

**Организация – депозитор:** Российская Федерация, 432063, г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия имени П.А. Столыпина».

Тел.: (884231) 51175, факс (88422552375), e-mail: ugsha@yandex.ru.

**Авторы:** Васильев Д.А., Сульдина Е.В.

**Форма депонирования:** хранение с целью промышленного производства.

5 мая 2017 года.

Первый проректор –  
 проректор по научной работе



В.А. Исайчев

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации  
ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ

Утверждаю

первый проректор-проректор  
по научной работе



В.А. Исайчев

**МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПО ОСОБЕННОСТЯМ  
КУЛЬТИВИРОВАНИЯ, ХРАНЕНИЯ, ОЧИСТКИ И КОНЦЕНТРАЦИИ  
БАКТЕРИОФАГОВ, АКТИВНЫХ В ОТНОШЕНИИ БАКТЕРИЙ РОДА  
*PROTEUS***

УЛЬЯНОВСК 2019

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации  
ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ



С подтверждаю  
Первый проректор-проректор  
по научной работе  
В.А. Исайчев

**МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПО ОСОБЕННОСТЯМ  
КУЛЬТИВИРОВАНИЯ, ХРАНЕНИЯ, ОЧИСТКИ И КОНЦЕНТРАЦИИ  
БАКТЕРИОФАГОВ, АКТИВНЫХ В ОТНОШЕНИИ БАКТЕРИЙ РОДА  
*ENTEROBACTER***

Ульяновск 2019

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации  
ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ



Сверждаю  
первый проректор-проректор  
по учебной работе  
В.А. Исайчев

**МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПО ОСОБЕННОСТЯМ  
КУЛЬТИВИРОВАНИЯ, ХРАНЕНИЯ, ОЧИСТКИ И КОНЦЕНТРАЦИИ  
БАКТЕРИОФАГОВ, АКТИВНЫХ В ОТНОШЕНИИ БАКТЕРИЙ  
*YERSINIA ENTEROCOLITICA***

Ульяновск 2019