

## Supplemental Tables

Supplemental TABLE SI

*Publicly available quantitation software for quantitative proteomics experiments*

Software	MS instrumentation	Input data format	Labelling strategy	Quantitation strategy	Reference
MSQuant	QSTAR, QTOF, LTQ-FT	Mascot html result file	SILAC ( $^{14}\text{N}/^{15}\text{N}$ possible with extra software)	Area under centroided MS <sup>1</sup> XIC of isotopomers	(Schulze & Mann, 2004)
XPRESS	LCQ, QTOF, MALDI-TOF-TOF	mzXML (part of the Trans-Proteomic Pipeline (TPP)), or in BioWorks package from ThermoFinnigan	ICAT (also SILAC, and metabolic labelling)	Area under MS <sup>1</sup> XIC of isotopomers	(Han <i>et al.</i> , 2001)
ASAPRatio	QTOF, LTQ, LTQ-FT, LTQ-Orbitrap	mzXML, part of TPP	Stable isotopic labelling	Area under MS <sup>1</sup> XIC of isotopomers	(Li <i>et al.</i> , 2003)
MFPaQ	QSTAR	Web-based application, Mascot result file and Analyst .wiff required	ICAT, SILAC	Peak intensity of MS <sup>1</sup> isotopomers	(Bouyssie <i>et al.</i> , 2007)
MaxQuant	High resolution mass spectrometers (LTQ-Orbitrap)	Xcalibur .raw file	Stable isotopic labelling especially SILAC, label free	Intensity of MS <sup>1</sup> 3D-peaks (intensity vs. m/z vs. time) scans of isotopomers	(Cox & Mann, 2008; Graumann <i>et al.</i> , 2008)
RelEx	ThermoFischer (.raw)	DTASelect output files (.out)	$^{14}\text{N}/^{15}\text{N}$ metabolic labelling	Background-subtracted intensity ratio of MS <sup>1</sup> XIC of isotopomers	(MacCoss <i>et al.</i> , 2003)
Census	Low and high-resolution mass spectrometers	DTA Select output, mzXML, pepXML	Label free, stable isotopic labelling, iTRAQ	MS <sup>1</sup> based on RelEx, or MS <sup>2</sup> from single-reaction monitoring (SRM) scans or iTRAQ	(Park <i>et al.</i> , 2008)
QN	High resolution hybrid ion trap mass spectrometer; LTQ-FT	SEQUEST data output	$^{14}\text{N}/^{15}\text{N}$ metabolic labelling	Area under MS <sup>1</sup> XIC of isotopomers	(Andreev <i>et al.</i> , 2006)
MSight	Applied Biosystems, Bruker, Waters, ABI-SCIEX, ThermoFinnigan mass spectrometers	mzXML	Label free	2D representation of LC-MS data, similar to 2DE	(Palagi <i>et al.</i> , 2005)

APEX	Most	protXML, part of TPP	Label free	Absolute quantitation by MS <sup>2</sup> spectral counting, corrected by machine learning-based prior expectation of observing each peptide based on physicochemical properties	(Lu <i>et al.</i> , 2006)
MapQuant	LTQ-FT	.raw file	Label free	MS <sup>1</sup> scans are converted into 2D maps (RT vs. m/z). Quantitation of 2D map features.	(Leptos <i>et al.</i> , 2006)
PEPPer	LTQ-Orbitrap, LTQ-FT	High resolution MS scans	Label free	Spectral feature quantitation by landmark and peak matching of MS <sup>1</sup> , uses MapQuant as part of the PEPPer pipeline	(Jaffe <i>et al.</i> , 2006)
Masic	Most	.raw, mzXML, mzData, CDF and MGF file pairs	Label free	Accurate mass and time tag quantitation from MS <sup>1</sup>	(Monroe <i>et al.</i> , 2008)
msInspect/AMT	Most	mzXML and pepXML, part of TPP	Label free	Accurate mass and time tag quantitation from MS <sup>1</sup>	(May <i>et al.</i> , 2007)
SpecArray	High resolution, high accuracy QTOF or similarly performing analyser	mzXML	Label free	Peptide array, quantitation of MS <sup>1</sup> single ion chromatograms based on ASAPRatio algorithm	(Li <i>et al.</i> , 2005)
ZoomQuant	Ion trap mass spectrometers	DTA Select .out files	<sup>18</sup> O labelling	Isotopomer peak areas from MS <sup>1</sup>	(Halligan <i>et al.</i> , 2005)
ProQuant	QSTAR, QTrap; Applied Biosystems mass spectrometers	Raw data files	iTRAQ (4-plex)	Isotopomer peak area from MS <sup>2</sup> of reporter ions (114-117 m/z for 4-plex)	Applied Biosystems, 2004
ProteinPilot	QSTAR, QTrap; Applied Biosystems mass spectrometers	Raw data files	SILAC, iTRAQ (4-plex and 8-plex)	Isotopomer peak areas from MS <sup>1</sup> for SILAC. Isotopomer peak area from MS <sup>2</sup> of reporter ions (114-117 m/z for 4-plex, 113-121 m/z for 8-plex)	Applied Biosystems, 2006
Multi-Q	Applied Biosystems, Bruker, Waters and ThermoFinnigan mass spectrometers	mzXML	iTRAQ	Peak intensities of reporter ions in MS <sup>2</sup>	(Lin <i>et al.</i> , 2006)
Libra	Most, QTOF, QSTAR, TOF-TOF	mzXML, part of TPP	iTRAQ	Peak intensities of reporter ions in MS <sup>2</sup>	(Keller <i>et al.</i> , 2005)

i-Tracker	Most	.dta or .mgf files	iTRAQ	Area under report ion peaks in MS <sup>2</sup>	(Shadforth <i>et al.</i> , 2005)
<b>Mascot</b>	<b>Most</b>	<b>.dta or .mgf files</b>	<b>SILAC, 14N/15N metabolic labelling, 18O, iTRAQ</b>	<b>Area under MS<sup>1</sup> XIC of isotopmers, area under report ion peaks in MS<sup>2</sup> for iTRAQ, spectral counting.</b>	<b>Matrix Science, 2008</b>

Entries shaded in grey represent software packages available at the commencement of the current study in 2004. Bold entries represent software able to process <sup>14</sup>N/<sup>15</sup>N metabolic labelling experiments.

## Supplemental TABLE SII

*Linear modelling design matrix*

Description of experiments						Indicator variables	
Experiment	Name	<sup>14</sup> N	<sup>15</sup> N	Buffer	Biorep	10°C vs 30°C	buffer
1	A1_1	10°C	30°C	Tris	A	1	0
2	A1_2	10°C	30°C	Tris	A	1	0
3	A2_1	10°C	30°C	Tris	A	1	0
4	A2_2	10°C	30°C	Tris	A	1	0
5	B1_1	30°C	10°C	Tris	B	-1	0
6	B1_2	30°C	10°C	Tris	B	-1	0
7	B2_1	30°C	10°C	Tris	B	-1	0
8	B2_2	30°C	10°C	Tris	B	-1	0
9	C1_1	10°C	30°C	Urea	C	1	1
10	C1_2	10°C	30°C	Urea	C	1	1
11	C2_1	10°C	30°C	Urea	C	1	1
12	C2_2	10°C	30°C	Urea	C	1	1
13	D1_1	30°C	10°C	Urea	D	-1	1
14	D1_2	30°C	10°C	Urea	D	-1	1
15	D2_1	30°C	10°C	Urea	D	-1	1
16	D2_2	30°C	10°C	Urea	D	-1	1
17	E_1	10°C	30°C	Tris	E	1	0
18	E_2	10°C	30°C	Tris	E	1	0
19	F_1	30°C	10°C	Tris	F	-1	0
20	F_2	30°C	10°C	Tris	F	-1	0

The linear model design matrix accounts for experimental variables including the experimental <sup>14</sup>N:<sup>15</sup>N label swap, where some 10°C samples are labeled with <sup>14</sup>N (+1) while others are labeled with <sup>15</sup>N (-1), the Tris (0) or urea (1) protein extraction buffer, and the number of technical replicates in each experiment (two for experiments E-F and four for experiments A-D). The biorep factor groups the experiments into biological replicates, and the technical replicates within each biological replicate are expected to have a higher correlation to each other than between biological replicates.

**Supplemental Table SII. *S. alaskensis* proteins identified using metabolic labeling and a GeLC-MS/MS platform**

2135 proteins were confidently identified in all MS experiments and are shown below.

Proteins were identified using the SEQUEST search algorithm in Bioworks BioBrowser (v 3.3) with the following search parameters against the *S. alaskensis* database: monoisotopic precursor and fragments mass type, fully enzymatic trypsin (KR) enzyme with allowance for one missed cleavage, and variable acrylamide, carbamidomethyl and oxidation modifications. For LCQ data files a 1.2 Da peptide tolerance and 0.6 Da fragment ion tolerance was used, while for LTQ data files a 0.8 Da peptide tolerance and 0.6 Da. The *S. alaskensis* database contains 3208 proteins.

Identifications were filtered using DTA Select based on the following parameters: DeltaCN of at least 0.08, a minimum XCorr of 2.1 for +1, 2.7 for +2, and 3.2 for +3 charged peptides.

The MS/MS were also interrogated against a decoy database (randomised *S. alaskensis*) with <1% false positive identification rate in DTA Select.

For each identified protein the following is shown: RefSeq accession number, locus tag, protein description, sequence coverage (%), number of peptides identified and identified peptides listed.

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615061	Sala_0002	glutathione S-transferase-like protein	62.33%	13	R.IYPAELTPEVQADVIR.I R.IQLWAEAR.A R.HSGLPFEEVTVPLYNQNR.R R.FITYSILPR.F R.REGDEFAPSGGK.V R.FGEGDYLFQDWSAADMMPFVTR.F R.RIYPAELTPEVQADVIR.I R.EDGEFAPSGGK.V K.AYSWSLR.G R.FGEGDYLFQDWSAADMMPFVTR.F R.FGEGDYLFQDWSAADMMPFVTR.F R.EDGEFAPSGKVPILWGDADIVWDSLAIDYLNK.T K.VPILWGDADIVWDSLAIDYLNK.T R.TQELNYFDVGEPPVFR.L K.SAPALQHLVPSVPEIAFAGR.S R.FLINDYLR.G K.SSLNALTNR.N K.ILFSGPIAFK.S R.KLFSGPIAFK.S R.KHPAAHPEVIATSEK.G K.QTVNAGTAPVLSLDFALDR.L K.LTPTTPTVLSWNTTGTQFR.I R.VTAAISSPATNNYQLFAR.D R.DFTQVAPGQLIATSR.I K.SVFDIDYDLEAPNR.S R.LNPAPADPVQAVFK.I K.EVEILETQDDQGITR.L R.LFAPGGTAAAYFASLWTAQGIQLPGAGTVWTANGTK.L R.GSINLVGAR.I R.YTSAGWLGFDTKYWLAIVPAK.G R.IEYSDIANYLITAK.Q K.YWLAIVPAK.G R.YTSAGWLGFDTK.Y R.YKDDKPR.M R.PVDVLAEGQR.I R.LMFFIANR.Q R.LGKPTDPHEVDSWTHVPTGYLDGK.S K.LYKDEK.I K.FPALKAAPAK. R.FQAVVAEYLPFITATPDLAR.V R.ALETEAPFTHYDEL.R.A R.VLIEATSSDKAAAK.R R.VLIEATSSDKA K.WGVSWQITPR.V K.IDIAIEAEAVR.G R.WNELATSEPTAITFYQR.H R.FYGAIVGWITIAHSDPGAPGGVDYR.M R.APTIAAFAALEVAADADGAR.A R.APTIAAFAALEVAADADGAR.A R.FPGLIPATAEDR.G R.EEALLDDAPAL.R R.VVENWGDVDPDGK.I K.ADETVVFSWFEYDPK.Q K.DGETVFSWVEVPSR.E R.ETGATGYVDGVPVPAIAKDR.Y R.VVENWGDVDPDGKITDYAR.A R.MIVGGFETLDDR.G K.VNDFKGAQAK.A K.MASEIFIEHGATR.V R.MVEAVWGDVDPDGK.V R.LFESAILHLAEKDER.L R.EAVEAGLIEAEPK.L R.ALDQAALFAEEAGPPA. R.RPGLIDFIR.G R.LNDAMGDKPVLTDFTVADIAMATVLR.E R.ALDQAALFAE R.PADHFLFQVWQVPLNDGGIR.L R.LNDAMGDKPVLTDFTVADIAMATVLR.E R.LNDAMGDKPVLTDFTVADIAMATVLR.E R.LSPTDFAFDVAIAK.H K.HIDSTPFAYSDAQLR.A R.LDGVWPEVLEGIK.M R.IAVHVGDPITSK.Q K.VGGAFSDQMAADAAVLAASLR.V K.TMILGDADGITFEHAIK.L R.GGADIATATQGFMTQPPK.A K.VGGAFSDQMAADAAVLAASLR.V R.MIFVNLVPTLDR.S R.EAVDQVQDK.A K.ADPTFTQDFGMYGR.S R.SFEDPDGHIWEMWMDPAIIPAGEPAEAAA. R.EAVDQVQDKAVK.A K.IAGLLDGSIEAK.T R.ITGDVYETITTIENGK.V R.ITGDVYETITTIENGKVDGK.L R.VAETAADLEER.Q R.GGPFIPFRGR.G R.FNALQDHEIFVR.T R.NITNDESPGTGDFNNLTSYVNEPR.I R.GLNTDFDLNASQVSLVYDEVLENPLIK.G K.GHGIEAELQAAPAR.G R.EESLQDVPVSVLSGDTLGAITSTGADIR.A R.YGTSQVEVAAGAADDNGFSVR.L K.GFPFDLDRVEVLR.G R.TDRFDVAAFVR.N R.EESLQDVPVSVLSGDTLGAITSTGADIR.A R.VISTADQEEETMSYEAGIK.T R.LQLQYENSPFTGR.V R.DKWVQDGINFQK.L R.FNLTYGYFDTK.D R.VPSLNISSYGR.S R.VFDGSAILFR.A R.PVETRPVFNPNTPVPPQSR.V R.DDNWVDNIATKDDLGYYDIIAAR.L R.LVGLGADTAFER.D R.IWVGEAGVFE. K.DLQTLAVGGTANVASLNVDAK.G K.DDLGGYDIIAAR.L R.GDIDGGFVAVLPVSGPLIPFAAQSDNVPVLDQFTQEIR.I R.LVGLGADTAFERDK.V R.LSGLYQHR.D K.VWQDGINFQK.L R.DDWVDNIATK.D R.YNHDR.D R.ANTQLPQSNR.L K.LLWVASATWEASDAVTFYAR.V R.LSGLYQHRDWVDNIATK.D K.LNTYNAALNLEYDFGAVTAYSTYSWNGNFK.S R.VISTADQEEETMSYEAGIK.T R.FDVAAPVR.N R.DFVAARPVETRPVFNPNTPVPPQSR.V
YP_615062	Sala_0003	GTP-binding	37.44%	7	
YP_615063	Sala_0004	60 kDa inner membrane insertion protein	46.92%	19	
YP_615068	Sala_0009	glutathione S-transferase-like protein	15.91%	2	
YP_615070	Sala_0011	3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase	21.56%	4	
YP_615071	Sala_0012	Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	16.10%	2	
YP_615073	Sala_0014	glutathione S-transferase-like protein	22.42%	4	
YP_615074	Sala_0015	protein of unknown function DUF1428	50.42%	9	
YP_615075	Sala_0016	glutathione S-transferase-like protein	46.88%	9	
YP_615076	Sala_0017	alpha/beta hydrolase fold	36.09%	8	
YP_615078	Sala_0019	Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	48.61%	5	
YP_615083	Sala_0024	protein of unknown function DUF583	25.19%	3	
YP_615084	Sala_0025	peptidase M23B	8.46%	3	
YP_615086	Sala_0027	TonB-dependent receptor	60.61%	35	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615087	Sala_0028	PepSY-associated TM helix	17.13%	4	R.APSVQGR.L K.GFFIFDLDR.V R.LAEGAGAYASQSGEIVTR.W R.TTLWFDAATGDLGAR.D R.GDLATVAATEK.L K.LMAAQGTQGIYADER.F R.SLAPFGQANLQAGLVR.L R.AVPGLEALTIAGFDALWDSTEQR.L R.TPQGVLDISFLDISPVSNNR.E R.NDFEGYNTDAIVR.Y R.AYASVAEGYTPVDVGR.I K.ISIDDYTTLASAGR.T R.VGINLTQGETQDSETLFLFGR.F R.YQTSLGGVSLAVSNLFDQR.Q R.YQTSLGGVSLAVSNLFDQR.Q R.DTFGGEPNPIATFQDAAIAPIGTLFDQSQNR.S R.QYISASDTQRPTDNFFNFAGR.G R.FELEGDGYAAVAGNK.A R.SRDTFGGEPNPIATFQDAAIAPIGTLFDQSQNR.S R.GPLDASATYFVSSSK.K R.TFVSGSPTFDDVLLGGVIVPEMPGIR.A R.SPLYAINGIPQSTPLR.D K.AAGLPTSARPGTPPGVPATNR.T R.ALLQASADNDFSDGEMGK.V R.TFTLGDWYRF. R.LNLAAAYANGPLSAR.V R.DGFTIDGFFVDR.V R.FDASVGAWER.R K.RGPLDASATYFVSSSK.K R.QRVEIEGLEINLAVK.M K.GQLLIARPDGIFDVQR.Q R.VQTQFYLR.T R.VELIFGSNALQIGGGIVNQVTGAPTDGVSGR.A K.MPIDGLTLAGYAHIVYQFDDADGLVETLDGANISPD.R.L R.RVGINLTQGETQDSETLFLFGR.F R.RGVFFDGEGR.R K.LSGAGETLR.G R.TFTLGDWYRF.F R.TESVSLSLDNLGGGNFISQIFWNR.S R.ELGVEVK.R K.VAGLVQYK.A R.VIEGLEINLAVK.M R.TPGVDISFLDISPVSNNRELVEVK.R R.FGAVTDMR.L K.DALDQIAIAGSVTDVATLSPSFSPTR.Q R.TVGEAAQDEVR.A K.LSAAVVEELAR.L K.VAEETAKAEANDK.Q K.VAEETAKAEANDK.Q K.AAEAAADAAEATDAK.G K.AAEAAADAAE K.GAMEEAKK. R.YFAEHAAEWDAIR.S R.LGFSDAQIR.G R.SDQDQPPVSDGGPTK.R R.IVADGPIAIIAIAQADKWPFSAR.E R.GGGHLLIVFAPHEDELR.T R.SDQDQPPVSDGGPTK.R.L R.RSDQDQPPVSDGGPTK.R R.MAEIFAPAR.R R.ILVEAGIVER.R R.GWFAAGLLLETTQTLEGGK.L R.LGHLLDIGTGR.M R.HVAESEVEAAMLAMHNR.R R.EMELAIAGLAVVLDQSQPR.V R.AITQFFSPDSFLR.F R.FRD7AAAGIDAPIPGILPVSNVSTQR.R R.AHPDGYANAVELVAGLK.A R.TLEPLAPSFVSTYAGAGSTR.E R.DTAAAGIDAPIIPGILPVSNVSTQR.R R.AYWDAGVR.H K.MEAGLWDTFR.T K.TLSLSPVWMPFR.E R.NLSGHTVEAFWYVR.H R.NAVYGVGDAEHLSDIPR.G R.ISQADYGAEHLVAGINLASAR.L K.AGIAATLEAEALGR.E R.FVAGVAGPTNK.T K.VLSIDADALVMVYPNAGLPNELGEYDELPTTAEVLR.E R.ELPLMISMTLDSGR.N R.RFVAGVAGPTNK.T R.DYLVAGADIATNTFSANR.I R.KVEGEELSPTER.L R.AVGVALVSDTGR.D R.FAEFAER.L R.YKGTAAQEK.A R.IGSDQLEDYAR.R K.WSVIEAGLK.C R.QQVENGAQIIVNMDEGLLDAEHAMTFLK.L R.ANYDAYLSDKPPAPLQGLHR.F K.AVAHLPTIEASKEPGAK.G R.IDPQYQGVLVHLDASR.A R.GVDLETATR.W R.AWELHGTWPSLLQDEVVGETAR.A K.EGEEQLDHA.K K.ADADAMLQDQIAEQWLTAR.G R.LLADQYAAAEVVAR.Q K.LIAEPTIAR.V R.TACEDVILNR.K R.HGDDIVHIAEEER.H K.ILEAANENDADMIGSLTTPSLDEMVTVAEMQR.A K.GYKNDYAHVR.D K.GQSVLSTIEAR.A R.TTLWGYAGSQLTNEALIKEEYR.G R.FRADKDDYSDILL.A R.NSEQGILTADPEAALITDR.S R.SVFVADWSGEALAGANELGAGLAR.F R.LQDAVDAIGEGEGTIR.I R.IAFVASEPGR.A R.IIGNLFPVQSR.D R.LETSDLVVNAEFR.N R.DKENYSFAIAAEER.K R.VDVSNSFDDTQGTGTNYMIDLPSTGSTR.I R.VDGLVFNMR.V R.ADDGVQLLAFPPDIR.V K.TPHEAASLLETR.G R.TAFSGSSTFSDALAK.A K.AGVVTLVGDWVNGDPVITR.T R.NSVPLVLYWAPGADKPEILPILTPGLMIDK.V R.FAIPASVAIDAPHLFVETQVDVYAAPQR.F R.AAVQAAPDK.A R.FJASREADGAVLATAAALR.Q R.ADETLLWAPTLGTSYR.G R.IDTALDPEALGNEVAEK.L R.AATVIAAANQPR.G K.ARDPQAQVSVAGK.D K.HLLVPTLGLMK.A R.SDFIVALKPR.V R.KAALAEILPR.L K.AALAEILPR.L R.TGVVANNYFDSLVAR.A K.LGLPQLLHGGEGDYLSK.A R.DELAAHPISR.R R.VTPIAEPGVGYATHGSVWDYDR.R R.RATAAQAPK.L R.RAPDMWSVMDR.L R.DPQAQVSVAGKDR.A R.VYCAEDETVPTSSGSGK.Y
YP_615088	Sala_0029	TonB-dependent receptor	80.87%	38	
YP_615089	Sala_0030	Patatin	2.73%	2	
YP_615091	Sala_0032	Entericidin EcnAB	14.29%	2	
YP_615092	Sala_0033	outer membrane protein	22.86%	3	
YP_615093	Sala_0034	transcriptional regulator, ArsR family	56.40%	13	
YP_615094	Sala_0035	5,10-methylenetetrahydrofolate reductase	31.41%	7	
YP_615095	Sala_0036	5-methyltetrahydrofolate--homocysteine S-methyltransferase	47.04%	10	
YP_615096	Sala_0037	5-methyltetrahydrofolate--homocysteine methyltransferase	40.66%	23	
YP_615097	Sala_0038	hypothetical protein	47.32%	9	
YP_615098	Sala_0039	hypothetical protein	19.08%	2	
YP_615102	Sala_0043	thiol:disulfide interchange protein	15.45%	5	
YP_615103	Sala_0044	type I phosphodiesterase/nucleotide pyrophosphatase	64.35%	25	

<b>Accession</b>	<b>Locus tag</b>	<b>Description</b>	<b>Sequence coverage</b>	<b>No. peptides identified</b>	<b>List of peptides identified</b>
					R.QNAWPDAQR.I R.LDATGMNYAVVLTADHGHHDLPER.N R.KDLAGFEQPNVMTVDIMPTLAAALIGLVPDAGAIIDGR.C K.LKYPALVAGALCAGASGTYVQEAAPAAR.R K.DLAGFEQPNVMTVDIMPTLAAALIGLVPDAGAIIDGR.C R.RFLASPEADGAVLATAAARL.Q R.GPLTPEACAAQDIAPLANGASVGTGR.M R.DPQAQVVSAGK.D K.LATATFGGATALLADSGEKPGTLIAQVASK.G R.VAVDPLAAR.E K.GTTQAGLVDLSDGQLAALLTIVLR.A R.WLASGLGADR.V R.LIESYAAAGER.L R.LGLSAEDALK.L R.GRELAELAR.G R.ELAEJARG.G R.ELAEJARG.G R.ELAEJARG.G
YP_615104	Sala_0045	pyrroline-5-carboxylate reductase	40.91%	9	R.DAIITLAHDAGLTVR.E R.GPLTDPATVLAHYAQIEFGLK.A K.GHDQVFLDAAEHR.W R.AAAIADPAFGR.V R.MAMAEELPEELFIAAVK.E K.SSAPASISLWSEYDTR.A R.YTEGGQVHDAQVMPR.G R.EEAYIDQWQDAESGR.L R.DAIITLAHDAGLTVREAYIDQWQDAESGR.L R.VFTDHMVSIR.Y R.LDDGSMALFR.V R.LHPSPVADQDR.A K.SFTIGAGGQGVTEMLK.A K.PASEYQLVITSPVGNFK.S R.LTESFACGTAAVTPVVK.V R.AADPHGVVTR.I K.CGNYAASLQAQR.E R.VFTDHMVSIR.Y R.AADPHGVVTR.I K.SFTIGAGGQGVTEMLK.A R.SVEELTADVAVIGADEATAELEAIADR.Q R.IEVANAQLAQAALSNSEASVK.A K.AGLAEKL.V R.TVGTIGAGGGLLGR.A R.ENGTTLIIGAAGVGLGRELDDGR.D R.LAESPTGVTITLEGDANGAPPDPAAAYK.K R.SAQAFDNPDAVIAIHNYR.W R.NITGGIGHNLPQAPK.A R.NGQQAALQDVIALMDALR.I K.LIWHIASPEWK.F K.AFADAVLQAATPA. R.SIVEAALAQGHNVVATAR.N R.NPAVLEDAAR.Y R.YSQLLAVR.L R.LLYSSIGAR.I R.IATAGVGYYPASK.A R.DPDGVAAMILQVALDDPPSR.I R.EAAQLATETGSAVATDSDGRDAVIAR.V R.VNVTAPYHSAVEAR.Q R.IIVIGSVNGDR.M K.SVILVIGSR.G R.VRESGLDLVNVNAGFALFGDALDLPDDVDR.L R.EAAQLATETGSAVATDSDGR.D R.ESGLDILVNVNAGFALFGDALDLPDDVDR.L R.MPLGMASYSK.S R.HGRPEEVAGMVAWLAGPEAFVTGMHTIDGAFGA. K.VVFTYNGSR.E R.RLEAWQQLAR.L R.VLHSELGFGDDETYDAPVNADFI.R R.GLPIALSILVYVAMAR.R R.ASLGQEGGAALSAR.M R.AEAEQKDHQR.G R.APEAGPAASALALLAHQGLSIR.M R.LATGELIER.R K.JASDEVLSR.D R.NIFGAFALMSDDIVR.A R.DRENLEHSYR.I R.LENLEHSYR.I R.DEVIAEGLSILKPDDELK.I R.DYWNFLVALA.A R.GSAVDALVGGASDHG. R.IILTGPEALSYDEVADR.I K.TGALVAQQLTAR.G R.QTTPAGDEDVPSK.H R.LESGDGDGEDASNIYAITDPATNHK.G R.APYQGDADAPDE. R.TWLDVYSJAQLDR.S R.TGETVQFNGR.D K.SAVEEGAVIK.L R.SEFIENDEQAQAEVASDLAEALDHTLDHYADKLEK.L R.TGETVQFNGRDLLIVEDVE. R.ETMLSLETAALHSAR.T R.SEFIENDEQAQAEVASDLAEALDHTLDHYADK.L R.LAEAWHTYVPYR.Y R.VAHDVTGVR.C K.QSVATLVDR.V R.ETAVALIDAITAAR.A R.AIGIPAAVAVDATGYLR.A R.TDDAFPLVDVAIDK.A R.IPPGQHLVFNPEFLTAPFPNVELADWK.F K.VVWNSFALPK.T R.LTDLFAQDPAAALALQSLALHDYVLPK.G R.FAEPVFAAGLR.T R.TMGDHMEDTAK.A R.LAALKPVFDR.D R.GFFDIALSIPELAR.D R.LPILVITVTDQJIAIGR.S R.AGPVVEVDGVQVMNR.V R.LTVAEALLERPFYHPIIEGLR.T R.LIGPVLVLSFFR.G R.IPMPTATYVISTDGIIR.Y R.SAHSIDSHLGHVFPDGR.D R.HVTQEGGTER.A R.FVHRDDMEAGEYSEFLNQLIEEN. R.VGYSGGDPNATYR.N R.SAIYYADEAQRQETLQTIADVNASGLWPGK.V R.SAIYYADEAQR.E R.ETALQTIADVNASGLWPGK.V R.NHGTHAEATIEINFPDQISYRR.I R.AAWVLSAGER.S R.EDGSPPEPEFAEQVR.L R.LLTVSQQVGSREDSPEPEFAEQVR.L R.KGLPLDADGVLVPTGSLTAPGVFAAGDVTDK.I K.LTGDGQVYLAETLVATGAQAK.W K.MLLGSGPAGLSAIIYAR.A K.VVIGGGNTAVEEALYLTNHSDDVTLIHR.R K.WLGVPEQELGGK.G K.MPSTHTKMLLIGSGPAGLSAIIYAR.A R.FVAGEVSGLVGVLDITVGAASHEPTDGGFVIGHSPSTELFR.G K.LPLDADGVLVPTGSLTAPGVFAAGDVTDKIYR.Q K.VVIGGGNTAVEEALYLTNHSDDVTLIHRR.D R.YLAEAYHAMVDA. K.GVSACATCDGGFYR.G R.NAAYVDPADWNALVDDPGVTLIDTR.N R.NGFVYGSFAGVADPGTK.S R.HGVEDVHLK.G K.IVIVPETALR.I R.GAEYVDFPK.V R.VVEIAAAAQGR.I K.EALHEVGVSTIVTEAK.G
YP_615106	Sala_0047	branched-chain amino acid aminotransferase	65.65%	20	
YP_615108	Sala_0049	hypothetical protein	5.11%	3	
YP_615124	Sala_0065	17 kDa surface antigen	27.15%	2	
YP_615134	Sala_0075	Twin-arginine translocation pathway signal	31.14%	6	
YP_615137	Sala_0078	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	28.98%	6	
YP_615144	Sala_0085	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	64.14%	10	
YP_615146	Sala_0087	hypothetical protein	28.52%	5	
YP_615149	Sala_0090	transcriptional regulator, MarR family	45.03%	7	
YP_615151	Sala_0092	hypothetical protein	18.44%	2	
YP_615152	Sala_0093	NmrA-like protein	9.96%	2	
YP_615157	Sala_0099	hypothetical protein	25.79%	3	
YP_615158	Sala_0100	hypothetical protein	61.33%	7	
YP_615162	Sala_0104	hypothetical protein	31.25%	3	
YP_615164	Sala_0106	protein of unknown function DUF336	33.57%	3	
YP_615166	Sala_0108	oxidoreductase, molybdopterin binding	19.90%	2	
YP_615168	Sala_0110	Acetyl-CoA C-acyltransferase	18.29%	5	
YP_615178	Sala_0121	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase dimerisation region	10.97%	3	
YP_615181	Sala_0124	helix-turn-helix, Fis-type	12.90%	2	
YP_615182	Sala_0125	Protein-methionine-S-oxide reductase	33.33%	3	
YP_615183	Sala_0126	peptide methionine sulfoxide reductase	45.03%	6	
YP_615187	Sala_0130	Endoribonuclease L-PSP	19.23%	2	
YP_615202	Sala_0145	thioredoxin reductase	72.90%	11	
YP_615204	Sala_0147	Rhodanese-like protein	23.14%	3	
YP_615205	Sala_0148	nitrogen regulatory protein P-II	46.43%	4	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615206	Sala_0149	glutamine synthetase, type I	62.55%	27	R.LVPGFEAPVLLAYSSR.N K.SGFEIDDELPTNTR.G.S K.GGYFFVAPVDSAVDIR.A K.ALNAFTNPTTNSYK.R R.IKDNDEIWWDLR.F K.YVVHQVAHAYK.T K.GDVFSKQIEAVVELK.W R.FEQTSPVFEFDMYYSA. R.EALDSLMDHDFLLK.G R.AKGGFFVAPVDSAVDIR.A K.RAEAYLGSSTGIGDVTYVGPAAEFFMDDVR.F K.HHHEVAAQHGLGLTGLTQTADR.M K.ALNAFTNPTTNSYK.R.L K.RLVPGEAPVLLAYSSR.N R.AEAYLGSSTGIGDVTYVGPAAEFFMDDVR.F R.FETGYNK.S K.DQIEAYVELK.W R.FPDAMNPYLCYSALLMAGLDGIQNK.I R.FPDAMNPYLCYSALLMAGLDGIQNK.I R.EALDSLMDHDFLLK.G K.RAEAYLGSSTGIGDVTYVGPAAEFFMDDVR.F K.GKPLFAGNGYAGLSMDCLYFVGGVIK.H R.IPVGAAGAK.A R.FPDAMNPYLCYSALLMAGLDGIQNK.I R.AEMVSTMLEMGLPKDK.H K.PIKDDNGSGMHTHISWEK.G K.GKPLFAGNGYAGLSMDCLYFVGGVIK.H K.LHEVFNAPTEEAASVVLGTAADVDAVAAR.E K.IQGLIQSAIDEGAKLETGGTGLPSNVNR.G R.AGMVAVNSWGPAGPFGYK.A K.VVYEPVIGVMITPWNWPLNQIALK.V K.DFSFTEHGANK.V K.LETGTGLPSNVNR.G K.IQGLIQSAIDEGAK.L K.EREAAYGVK.A R.GYYVKTVESGVTPEMR.I R.EGGLFGLKDFMEVK.A R.VHQLGGK.S K.QHYIGGWVDSK.G K.AMPDGTQVGDPMSEGAHIGPVVVK.A R.EEIFGPVAVVHAYDTLDQAVEIANDTEYGLSAVSGDPK.A R.EAEAVGVK.A K.AQFDKIQGLIQSAIDEGAK.L R.LELLNRIVEEYK.K K.SMAAEMGAPVSFAGTAQVAGIGGFLGTIAALK.D K.SMAAEMGAPVSFAGTAQVAGIGGFLGTIAALK.D K.AQFDKIQGLIQSAIDEGAKLETGGTGLPSNVNR.G R.ALIVNAGNSNAFTGYR.G R.SPLAPAAPDLPEIAGVTR.R R.QVALDLAHQVVR.D R.EAAGFTNATVDSSTVLLFATGQAGHAPLAAR.D R.DDPGADALYAAR.Q K.GAAASAVGSR.T K.DGLAVDGYDEAPVAHLK.G R.IGADLGLGGR.A K.TAAGEDANWGR.V K.FIEVQVTR.A R.VALAIAANSPLVK.T R.QVALDLAHQVVRDGEASK.F R.TVIVAGIAK.G R.AGVAAALTA.P R.AGVAAALTA.P R.AGVAAALTA.P K.MIGPALEISDELAK.V K.NGEIADTK.V K.SALKGWLEGAL. R.GIPTMILFKNKEIADTK.V K.NGEIADTKVGAAPK.S K.LNIDDDHPDAPSK.Y R.GIPTMILFK.N R.WLAVQAPALDEPAR.G R.AIEDEAGALQR.R R.IATALLTAAPR.L R.AAAAAAQR.L K.LPVYAIGADER.H R.TVPEASWHAASVGLDR.L R.HGALADAYK.A R.FAVQPHDDLNLALLVSPILGWTDQDLYDR.T R.EQGLADFDLITLAGSLR.V R.EARDPIDELLNQLAFEAR.K R.AGQDFEAVDLISNYR.S R.VLGLLDAPDEEQALR.A R.LQALHVPVAGVDR.F R.LGPDAAIAGLSR.C R.LGHNDWEDGGAAWGR.R R.FLETLISGPIDGR.R R.FAEYALAK.R R.ALFAVIVDSPPGAIK.V K.GLQAPVILADATDDAAFGRPFTVDVAWEK.L K.DGRPVAPGDVMLVR.R K.AVAASGAIAWTK.T K.ALGATEEADGDDNGNATAPARDPASMRL.L K.AAADEEHWR.L R.WGIAVDSAGQPLAR.T R.LAALAGDLPQALDGVPLTDLAAR.I R.AGANAFAEAEALALRDDPALDAIAR.A R.YADVILGLTEGVLVPSNR.A R.QGLEWLTGEAAWTPAGR.M R.AFADALAAGLIDR.Y K.AAFDKLDNQLGLLIAR.R R.YTPAGEPPVGAFAAQLAGGLAR.V R.SAVQAAVFR.A R.FVWAAAGITTAAPAIAR.L K.LDNQLGLLIAR.R R.WPAATQPDVWLPAGIR.R K.SAAEAVDHAADALAGLAR.Y R.IAPFVYTGILVSR.R K.ALPLITGDPILLVNSDNIWTDGPQDSIR.H R.RLLDAPDGPFTNINLWDR.A R.LLDGAPDGPFTNINLWDR.A R.GLLIEDFGVDR.L R.AAWEAALTPVESDGLPR.V R.DIENAYWALAAQR.N R.IPLAGDASFR.R R.DVSPAEEAAMLAR.Y R.DLAHPALVPR.Q R.LRETVAAPDR.E R.ILGVFR.L K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615211	Sala_0154	aldehyde dehydrogenase	61.64%	20	K.GKPLFAGNGYAGLSMDCLYFVGGVIK.H K.LHEVFNAPTEEAASVVLGTAADVDAVAAR.E K.IQGLIQSAIDEGAKLETGGTGLPSNVNR.G R.AGMVAVNSWGPAGPFGYK.A K.VVYEPVIGVMITPWNWPLNQIALK.V K.DFSFTEHGANK.V K.LETGTGLPSNVNR.G K.IQGLIQSAIDEGAK.L K.EREAAYGVK.A R.GYYVKTVESGVTPEMR.I R.EGGLFGLKDFMEVK.A R.VHQLGGK.S K.QHYIGGWVDSK.G K.AMPDGTQVGDPMSEGAHIGPVVVK.A R.EEIFGPVAVVHAYDTLDQAVEIANDTEYGLSAVSGDPK.A R.EAEAVGVK.A K.AQFDKIQGLIQSAIDEGAK.L R.LELLNRIVEEYK.K K.SMAAEMGAPVSFAGTAQVAGIGGFLGTIAALK.D K.SMAAEMGAPVSFAGTAQVAGIGGFLGTIAALK.D K.AQFDKIQGLIQSAIDEGAKLETGGTGLPSNVNR.G R.ALIVNAGNSNAFTGYR.G R.SPLAPAAPDLPEIAGVTR.R R.QVALDLAHQVVR.D R.EAAGFTNATVDSSTVLLFATGQAGHAPLAAR.D R.DDPGADALYAAR.Q K.GAAASAVGSR.T K.DGLAVDGYDEAPVAHLK.G R.IGADLGLGGR.A K.TAAGEDANWGR.V K.FIEVQVTR.A R.VALAIAANSPLVK.T R.QVALDLAHQVVRDGEASK.F R.TVIVAGIAK.G R.AGVAAALTA.P R.AGVAAALTA.P R.AGVAAALTA.P K.MIGPALEISDELAK.V K.NGEIADTK.V K.SALKGWLEGAL. R.GIPTMILFKNKEIADTK.V K.NGEIADTKVGAAPK.S K.LNIDDDHPDAPSK.Y R.GIPTMILFK.N R.WLAVQAPALDEPAR.G R.AIEDEAGALQR.R R.IATALLTAAPR.L R.AAAAAAQR.L K.LPVYAIGADER.H R.TVPEASWHAASVGLDR.L R.HGALADAYK.A R.FAVQPHDDLNLALLVSPILGWTDQDLYDR.T R.EQGLADFDLITLAGSLR.V R.EARDPIDELLNQLAFEAR.K R.AGQDFEAVDLISNYR.S R.VLGLLDAPDEEQALR.A R.LQALHVPVAGVDR.F R.LGPDAAIAGLSR.C R.LGHNDWEDGGAAWGR.R R.FLETLISGPIDGR.R R.FAEYALAK.R R.ALFAVIVDSPPGAIK.V K.GLQAPVILADATDDAAFGRPFTVDVAWEK.L K.DGRPVAPGDVMLVR.R K.AVAASGAIAWTK.T K.ALGATEEADGDDNGNATAPARDPASMRL.L K.AAADEEHWR.L R.WGIAVDSAGQPLAR.T R.LAALAGDLPQALDGVPLTDLAAR.I R.AGANAFAEAEALALRDDPALDAIAR.A R.YADVILGLTEGVLVPSNR.A R.QGLEWLTGEAAWTPAGR.M R.AFADALAAGLIDR.Y K.AAFDKLDNQLGLLIAR.R R.YTPAGEPPVGAFAAQLAGGLAR.V R.SAVQAAVFR.A R.FVWAAAGITTAAPAIAR.L K.LDNQLGLLIAR.R R.WPAATQPDVWLPAGIR.R K.SAAEAVDHAADALAGLAR.Y R.IAPFVYTGILVSR.R K.ALPLITGDPILLVNSDNIWTDGPQDSIR.H R.RLLDAPDGPFTNINLWDR.A R.LLDGAPDGPFTNINLWDR.A R.GLLIEDFGVDR.L R.AAWEAALTPVESDGLPR.V R.DIENAYWALAAQR.N R.IPLAGDASFR.R R.DVSPAEEAAMLAR.Y R.DLAHPALVPR.Q R.LRETVAAPDR.E R.ILGVFR.L K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615212	Sala_0155	arginine biosynthesis bifunctional protein ArgJ	52.70%	15	R.SPLAPAAPDLPEIAGVTR.R R.QVALDLAHQVVR.D R.EAAGFTNATVDSSTVLLFATGQAGHAPLAAR.D R.DDPGADALYAAR.Q K.GAAASAVGSR.T K.DGLAVDGYDEAPVAHLK.G R.IGADLGLGGR.A K.TAAGEDANWGR.V K.FIEVQVTR.A R.VALAIAANSPLVK.T R.QVALDLAHQVVRDGEASK.F R.TVIVAGIAK.G R.AGVAAALTA.P R.AGVAAALTA.P R.AGVAAALTA.P K.MIGPALEISDELAK.V K.NGEIADTK.V K.SALKGWLEGAL. R.GIPTMILFKNKEIADTK.V K.NGEIADTKVGAAPK.S K.LNIDDDHPDAPSK.Y R.GIPTMILFK.N R.WLAVQAPALDEPAR.G R.AIEDEAGALQR.R R.IATALLTAAPR.L R.AAAAAAQR.L K.LPVYAIGADER.H R.TVPEASWHAASVGLDR.L R.HGALADAYK.A R.FAVQPHDDLNLALLVSPILGWTDQDLYDR.T R.EQGLADFDLITLAGSLR.V R.EARDPIDELLNQLAFEAR.K R.AGQDFEAVDLISNYR.S R.VLGLLDAPDEEQALR.A R.LQALHVPVAGVDR.F R.LGPDAAIAGLSR.C R.LGHNDWEDGGAAWGR.R R.FLETLISGPIDGR.R R.FAEYALAK.R R.ALFAVIVDSPPGAIK.V K.GLQAPVILADATDDAAFGRPFTVDVAWEK.L K.DGRPVAPGDVMLVR.R K.AVAASGAIAWTK.T K.ALGATEEADGDDNGNATAPARDPASMRL.L K.AAADEEHWR.L R.WGIAVDSAGQPLAR.T R.LAALAGDLPQALDGVPLTDLAAR.I R.AGANAFAEAEALALRDDPALDAIAR.A R.YADVILGLTEGVLVPSNR.A R.QGLEWLTGEAAWTPAGR.M R.AFADALAAGLIDR.Y K.AAFDKLDNQLGLLIAR.R R.YTPAGEPPVGAFAAQLAGGLAR.V R.SAVQAAVFR.A R.FVWAAAGITTAAPAIAR.L K.LDNQLGLLIAR.R R.WPAATQPDVWLPAGIR.R K.SAAEAVDHAADALAGLAR.Y R.IAPFVYTGILVSR.R K.ALPLITGDPILLVNSDNIWTDGPQDSIR.H R.RLLDAPDGPFTNINLWDR.A R.LLDGAPDGPFTNINLWDR.A R.GLLIEDFGVDR.L R.AAWEAALTPVESDGLPR.V R.DIENAYWALAAQR.N R.IPLAGDASFR.R R.DVSPAEEAAMLAR.Y R.DLAHPALVPR.Q R.LRETVAAPDR.E R.ILGVFR.L K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615213	Sala_0156	thioredoxin	66.04%	7	R.AGVAAALTA.P R.AGVAAALTA.P R.AGVAAALTA.P K.MIGPALEISDELAK.V K.NGEIADTK.V K.SALKGWLEGAL. R.GIPTMILFKNKEIADTK.V K.NGEIADTKVGAAPK.S K.LNIDDDHPDAPSK.Y R.GIPTMILFK.N R.WLAVQAPALDEPAR.G R.AIEDEAGALQR.R R.IATALLTAAPR.L R.AAAAAAQR.L K.LPVYAIGADER.H R.TVPEASWHAASVGLDR.L R.HGALADAYK.A R.FAVQPHDDLNLALLVSPILGWTDQDLYDR.T R.EQGLADFDLITLAGSLR.V R.EARDPIDELLNQLAFEAR.K R.AGQDFEAVDLISNYR.S R.VLGLLDAPDEEQALR.A R.LQALHVPVAGVDR.F R.LGPDAAIAGLSR.C R.LGHNDWEDGGAAWGR.R R.FLETLISGPIDGR.R R.FAEYALAK.R R.ALFAVIVDSPPGAIK.V K.GLQAPVILADATDDAAFGRPFTVDVAWEK.L K.DGRPVAPGDVMLVR.R K.AVAASGAIAWTK.T K.ALGATEEADGDDNGNATAPARDPASMRL.L K.AAADEEHWR.L R.WGIAVDSAGQPLAR.T R.LAALAGDLPQALDGVPLTDLAAR.I R.AGANAFAEAEALALRDDPALDAIAR.A R.YADVILGLTEGVLVPSNR.A R.QGLEWLTGEAAWTPAGR.M R.AFADALAAGLIDR.Y K.AAFDKLDNQLGLLIAR.R R.YTPAGEPPVGAFAAQLAGGLAR.V R.SAVQAAVFR.A R.FVWAAAGITTAAPAIAR.L K.LDNQLGLLIAR.R R.WPAATQPDVWLPAGIR.R K.SAAEAVDHAADALAGLAR.Y R.IAPFVYTGILVSR.R K.ALPLITGDPILLVNSDNIWTDGPQDSIR.H R.RLLDAPDGPFTNINLWDR.A R.LLDGAPDGPFTNINLWDR.A R.GLLIEDFGVDR.L R.AAWEAALTPVESDGLPR.V R.DIENAYWALAAQR.N R.IPLAGDASFR.R R.DVSPAEEAAMLAR.Y R.DLAHPALVPR.Q R.LRETVAAPDR.E R.ILGVFR.L K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615214	Sala_0157	UvrD/REP helicase	30.70%	23	R.WLAVQAPALDEPAR.G R.AIEDEAGALQR.R R.IATALLTAAPR.L R.AAAAAAQR.L K.LPVYAIGADER.H R.TVPEASWHAASVGLDR.L R.HGALADAYK.A R.FAVQPHDDLNLALLVSPILGWTDQDLYDR.T R.EQGLADFDLITLAGSLR.V R.EARDPIDELLNQLAFEAR.K R.AGQDFEAVDLISNYR.S R.VLGLLDAPDEEQALR.A R.LQALHVPVAGVDR.F R.LGPDAAIAGLSR.C R.LGHNDWEDGGAAWGR.R R.FLETLISGPIDGR.R R.FAEYALAK.R R.ALFAVIVDSPPGAIK.V K.GLQAPVILADATDDAAFGRPFTVDVAWEK.L K.DGRPVAPGDVMLVR.R K.AVAASGAIAWTK.T K.ALGATEEADGDDNGNATAPARDPASMRL.L K.AAADEEHWR.L R.WGIAVDSAGQPLAR.T R.LAALAGDLPQALDGVPLTDLAAR.I R.AGANAFAEAEALALRDDPALDAIAR.A R.YADVILGLTEGVLVPSNR.A R.QGLEWLTGEAAWTPAGR.M R.AFADALAAGLIDR.Y K.AAFDKLDNQLGLLIAR.R R.YTPAGEPPVGAFAAQLAGGLAR.V R.SAVQAAVFR.A R.FVWAAAGITTAAPAIAR.L K.LDNQLGLLIAR.R R.WPAATQPDVWLPAGIR.R K.SAAEAVDHAADALAGLAR.Y R.IAPFVYTGILVSR.R K.ALPLITGDPILLVNSDNIWTDGPQDSIR.H R.RLLDAPDGPFTNINLWDR.A R.LLDGAPDGPFTNINLWDR.A R.GLLIEDFGVDR.L R.AAWEAALTPVESDGLPR.V R.DIENAYWALAAQR.N R.IPLAGDASFR.R R.DVSPAEEAAMLAR.Y R.DLAHPALVPR.Q R.LRETVAAPDR.E R.ILGVFR.L K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615215	Sala_0158	helicase	21.80%	13	R.WLAVQAPALDEPAR.G R.AIEDEAGALQR.R R.IATALLTAAPR.L R.AAAAAAQR.L K.LPVYAIGADER.H R.TVPEASWHAASVGLDR.L R.HGALADAYK.A R.FAVQPHDDLNLALLVSPILGWTDQDLYDR.T R.EQGLADFDLITLAGSLR.V R.EARDPIDELLNQLAFEAR.K R.AGQDFEAVDLISNYR.S R.VLGLLDAPDEEQALR.A R.LQALHVPVAGVDR.F R.LGPDAAIAGLSR.C R.LGHNDWEDGGAAWGR.R R.FLETLISGPIDGR.R R.FAEYALAK.R R.ALFAVIVDSPPGAIK.V K.GLQAPVILADATDDAAFGRPFTVDVAWEK.L K.DGRPVAPGDVMLVR.R K.AVAASGAIAWTK.T K.ALGATEEADGDDNGNATAPARDPASMRL.L K.AAADEEHWR.L R.WGIAVDSAGQPLAR.T R.LAALAGDLPQALDGVPLTDLAAR.I R.AGANAFAEAEALALRDDPALDAIAR.A R.YADVILGLTEGVLVPSNR.A R.QGLEWLTGEAAWTPAGR.M R.AFADALAAGLIDR.Y K.AAFDKLDNQLGLLIAR.R R.YTPAGEPPVGAFAAQLAGGLAR.V R.SAVQAAVFR.A R.FVWAAAGITTAAPAIAR.L K.LDNQLGLLIAR.R R.WPAATQPDVWLPAGIR.R K.SAAEAVDHAADALAGLAR.Y R.IAPFVYTGILVSR.R K.ALPLITGDPILLVNSDNIWTDGPQDSIR.H R.RLLDAPDGPFTNINLWDR.A R.LLDGAPDGPFTNINLWDR.A R.GLLIEDFGVDR.L R.AAWEAALTPVESDGLPR.V R.DIENAYWALAAQR.N R.IPLAGDASFR.R R.DVSPAEEAAMLAR.Y R.DLAHPALVPR.Q R.LRETVAAPDR.E R.ILGVFR.L K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615216	Sala_0159	Nucleotidyl transferase	25.52%	4	R.IAPFVYTGILVSR.R K.ALPLITGDPILLVNSDNIWTDGPQDSIR.H R.RLLDAPDGPFTNINLWDR.A R.LLDGAPDGPFTNINLWDR.A R.GLLIEDFGVDR.L R.AAWEAALTPVESDGLPR.V R.DIENAYWALAAQR.N R.IPLAGDASFR.R R.DVSPAEEAAMLAR.Y R.DLAHPALVPR.Q R.LRETVAAPDR.E R.ILGVFR.L K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615217	Sala_0160	aminoglycoside phosphotransferase	29.41%	8	R.AAWEAALTPVESDGLPR.V R.DIENAYWALAAQR.N R.IPLAGDASFR.R R.DVSPAEEAAMLAR.Y R.DLAHPALVPR.Q R.LRETVAAPDR.E R.ILGVFR.L K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615219	Sala_0162	PAS/PAC sensor signal transduction histidine kinase	13.60%	7	K.GQQAGTDTGGIGLALR.Q R.QIDNVLDLAQGEAGTALIER.A R.LSAAVAQFQDQGLAFANLPPR.R R.LASLVEASPOLPVIVR.A R.NEALAEADKAK.T R.LVAGLLDNAVR.F R.AAFAGQAEK.L K.GVSEITTTGVR.L R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L
YP_615220	Sala_0163	adenosylhomocysteinase	77.33%	37	R.SEQYQNDVYVLPK.H K.KGELFPAINNDVSTK.S K.WATVACFGDVGK.G K.GESLADYDYYGR.I K.WTEVKQVDLVEFPDGK.Q K.AFIAAKPGYLT.T R.IFDWESDNDGR.T R.TANLILDDGGDATMFLWGA.L R.DYVADIGLADFRK.E K.EINIAETEMGLMALR.A R.DYVADIGLADFRK.K K.VAALHLEK.L



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.RGTDVMLAGK.V R.AEYGASQPLK.GAR.I R.AEYGASQPLK.G R.GTDVMLAGK.V R.SDIFVTATGNADVITAEHMAAMK.N K.LEAGETMPPEEEVEEMQR.A K.VATVAGFDVKGKSAQSLR.N K.QADYIGVPEVGFPPKPDHYR.Y R.LVNLGNATGHPSFVMSASFTNQTLAQIELWTR.S R.ITGSLHMTIQTAVLIETLTALGAEVR.W K.SKFDNLYGCK.E K.QIILSK.G K.FDNLYGCK.E K.EINIAETEMPGMLALR.A K.EINIAETEMPGMLALR.A R.TANLLDDGGDATMFALWGAK.L R.LVHIAK.K R.ITGSLHMTIQTAVLIETLTALGAEVR.W R.GTDVMLAGK.V K.RSDIFVTATGNADVITAEHMAAMK.N K.NMAIVCNIGHFDEIQAALANVK.W K.LEAGETMPPEEEVEEMQR.A K.LEAGETMPPEEEVEEMQR.A K.EINIAETEMPGMLALR.A R.WQAFAEAGVDAR.L R.DWGGEGAVLVADR.W K.VTENGPEQVSAADYFK.G R.FSMIINDGVVEQLNVEAPGEFK.V R.VALFVVGAFPTCSAK.H K.SANAGDAVTLADGNAGFAEAVGLTMDGTAFGMGK.R K.MTIQPGDKLPDQATFK.V K.HLPGFVEKADALK.A K.GVDEIACTAVNDAFVVMGAWK.S K.VTENGPEQVSAADYFKGR.R K.VSSADHMLEQL R.HYTGTAPEHFQR.Y R.LPPADAAATGLFDYPAIR.L R.SSQESTDPAAR.I R.IDAIIAELQDKFR.A R.AGTFTVTRPDLFADYLR.E R.EEQAGHLSFGFR.F R.AIGIDMESATIAAQGYR.F R.TGTVTTDDRNLWELR.Y R.RLPPADAAATGLFDYPAIR.L R.DDHILDVLPPEIPIPAEVEVQALASAAESVSGTSGADLK.K R.IGDYYLAHAYLR.D R.HQMPAYHILAPDGGGTLVNIIGVGPSNAK.T R.YTALAGAGLYDQPGVNASALVADSAR.W R.HYDVEIEVTR.T R.YVDFVAVAGAQVGR.G R.YILFTNHR.Y R.VVFGQNTAIVLSSAIK.L K.ETALDQFTVNLNEK.A R.YTPDAINAAVDLSAR.Y R.NRLDAIVPFGYLPPEVVAR.V R.SKNNPLYVGDVGVGK.T K.IKQPLAEELFGK.L K.IDVVPTLEDTK.I K.QLASIMGILQR.F R.SFAEHHQVR.Y R.ESYAVYFLQQDLTR.L K.TGEDAHIGNPLAFETPAAPK.G K.TAIAEGLAR.K R.LDAVSYLSHGVGK.G R.AILHVSSGKDEVTGANVLVLFSE.E R.NVHQLDDAAR.E R.KIIEGQVPEVLLPAVIYSLDMGALLAGTR.Y R.ESIGFGQQR.E K.VEGHSDPSPTSGFQR.V R.LDAIVPFGYLPPEVVAR.V K.NWPLYVGDVGVGK.T K.MKTGEDAHIGNPLAFETPAAPK.G R.ACCVALDQLQSAVHYLDELDSLK.V K.TGKVDPLIGR.S K.IIEGDVPEVLLPAVIYSLDMGALLAGTR.Y K.IDVVPTLEDTK.K K.AIDVIDEVGAMQMLVAPSKR.K K.AHPDLFNLLQVMDNGR.L R.YRQDFEER.L R.VVDKFILELELQADR.N R.NHFEDR.A R.LTDHGGK.T R.FQKIDVVEPTLEDTK.I R.FDMSEYMER.H R.EIEAVIATMAR.I R.EDAQEEAVKR.M K.DEVTGANVLVLFSE.E K.LTHQNTANAR.Q R.QVNAIDPDTQAEAR.I R.FSELTNDGRRPEVAIAPETDVALIQTGGTGTGPK.G R.LIVGSAAGLSK.T R.TGDAVIEEGYIR.I K.GPQVMQGYWNRPEADAESFTADGWLR.T R.GLFGFSPK.L K.LGGIFGGDEDEIKEIETTIR.A R.EVGEAAADAAR.E K.TATMSYFATIDGGR.T R.DGVLITPLALGLLPGVLR.G R.LPEGVGAVDVL.R.A R.LAPSGALAVEVPLPR.L R.LADLSAGFFLGNLSR.G R.LADGADAAALR.A R.GAVDQVVGAMPLGWFGLFTGVQR.I R.ADVPVAGDPLAVYAR.L K.ASAATLGFADR.H R.DNDLDYGLDQITVNVGK.H R.IGYAGGPAWLK.A R.WVIFNSPNSGAAYSAPAEIDAIGEVR.R K.TPSGQVIDSDEALIDYFLDSAR.V K.ITPGQLDAAITPR.T R.VAAVHGAAGFLSPAFR.V K.KTPSGQVIDSDEALIDYFLDSAR.V R.LKAEVDVIGLSAGEPFDTPDFVK.E R.VSYATSEAVL.K.E R.WVIFNSPNSGAAYSAPAEIDAIGEVR.R K.AEGVDVIGLSAGEPFDTPDFVK.E K.YTLVDGTVALK.E K.HTLFNALVATVDK.G K.AYAMTGWR.I R.IQPSATLAMTAR.V R.TRVVIFNSPNSGAAYSAPAEIDAIGEVR.R R.DNDLDYGLDQITVNVGK.H K.EAAIEAIR.A K.AEGVDVIGLSAGEPFDTPDFVKEAAIEAIR.A R.LKAEVDVIGLSAGEPFDTPDFVKEAAIEAIR.A K.GDEVIIPAPYVWVSPDIAVAFAGGTPVFAASAAQHYK.I K.AYAMTGWR.I R.IVYDPTQVSYGTLLR.I R.YELTHDGTSGHAEAVR.I R.QVATYLAQIGR.G R.ILFSVADPTLKR.Q R.AAIVPLDATQR.Q R.ILFSVADPTLKR.D K.LPALTDPVAPAKR.A R.AQAPVEQTSQPR.A K.GSTAGYNDIGIATAPDGT.R.Y R.IGPEDLTFYQPIAAR.V
YP_615222	Sala_0165	protein of unknown function DUF179	12.15%	2	
YP_615223	Sala_0166	alkyl hydroperoxide reductase/ Thiol specific antioxidant/ Mal allergen	91.62%	9	
YP_615224	Sala_0167	AMP nucleosidase	53.35%	16	
YP_615225	Sala_0168	ATPase AAA-2	54.17%	36	
YP_615226	Sala_0169	AMP-dependent synthetase and ligase	20.40%	6	
YP_615227	Sala_0170	hypothetical protein	31.82%	4	
YP_615228	Sala_0171	para-aminobenzoate synthase, component I	20.26%	8	
YP_615229	Sala_0172	aminotransferase, class I and II	66.25%	22	
YP_615230	Sala_0173	peptide methionine sulfoxide reductase	35.81%	7	
YP_615231	Sala_0174	Beta-lactamase	44.07%	10	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615242	Sala_0185	alpha-glucosidase	83.97%	48	K.DNDKADWYVADAR.A R.IDAINFAMHDPFRDNPPAPSNK.V K.TGYVADAGGIAPGATPGSK.A K.QVPTDWAESHLAGAVGDYAFAR.K K.HGFGVLVEGWNK.G K.GWNSNWFHGDAYSFTEAYPDFDK.A R.LFDDGIGFR.Y R.ISDDAAGLVESDLELNLNEPNK.L R.IEGSETASADSR.W R.TLTSDFDLDPK.T K.SADWYVGGVNDGTER.T R.KSADWYVGGVNDGTER.T R.GPWSWAEQPNHGATTER.T R.ATLAPSSQGR.V K.DGDGATYLDAR.R R.LADGTHLAFHEALVDYAGMWLK.R R.DQHNELVV.F K.LGFLMADR.V K.VAVNPHPEVKDTGLR.R K.GAEDVPMSTLAK.Q R.YEQVYQTPIDAVSTAHTPITMR.L R.GMEYNWAGAFANNPDHEPTLVYTR.M K.AMEWHDGQR.Q R.SLVLVTTDNDARPTWLSR.K R.QHESWGGHAMNVR.F R.MLSGPMYTPGVFSLK.G R.TKQYIDFAAK.H R.FVVDQHNELVV.F K.GVTLGHETGGNIAYEAQLDDAMK.L R.NIAYDTIK.V R.LFDDGIGFRYELPEQGLK.T R.DLPFATPWR.T K.YIGIWWGMIR.G K.VAVNPHPEVK.D K.LWLAPGGGAAMR.V K.LGDVSWVKPMK.Y R.YEQVYQTPIDAVSTAHTPITMR.L R.WEQPWGER.R R.QVQHVK.V K.TYTATTWKGDDGATYLDAR.R K.LLIAPSK.L K.IADETFEDIAEAGTAWIAGGEWNR.Y R.YELPEQGLK.T R.GMEYNWAGAFANNPDHEPTLVYTR.M R.GFRIEGSETASADSR.W R.FRQHESWGGHAMNVR.F R.FRLFDGIGFR.Y R.ELAFVK.Q K.QLGLYLATYSPIQMAADFIENLEAHR.E K.GAEDVPMSTLAK.Q R.VALETIADGGTAR.R R.TPNEAFLYIFVR.E R.YDADTHVPGWDDAFALIGR.H R.SHDQFNTIYSYNDY.R R.FTEPDIVQMATFGSTEISSEFVHIK.I K.VLLEQSVTK.G R.LLLDFIEGDTLTVR.R R.EVNAQVGDFAEDR.V R.AALTEYLPEDRIEAAVVDGFLAR.I R.VSYVDGALK.D R.PIGVLTSPSMFPIAQLK.A K.QYSSGAVNGAAGVYADELQPSNTETVALK.A K.VETLVFGATGDLAQR.M K.LDANMMIINLQPEENIR.V R.RDEVEQWEDAIR.D R.IAMEKPIGHDLASSR.E K.SEVLQKVPVHNIFAR.V R.IDHYLGKTVQNLALR.F K.ETVQNLALR.F R.AALTEYLPEDR.I R.MLFPSTLYNLHMDGLLADALTVSSGR.S R.IEAVVDGFLAR.I R.FANMLFELWNAQIDHVQITVAETVLEGR.V R.DAWDQVDMTPQSYTAGSWGSSAIALIER.D R.VGAGKLDANMMIINLQPEENIR.V R.IDHYLGK.E R.IDYCAIDAGAGTGYAELALLGDR.M R.IAMEKPIGHDLASSR.E K.LKEVTMDVLSHSHFAGER.R K.DMVQNHMLQLLAIAMEPPASVGATAVR.D K.AANIACAECR.I R.RIAYER.L K.LKEVTMDVLSHSHFAGER.R R.IFDQONQVLAAR.A R.AAGIIDWQDFDELHSHAVLLAR.V K.IVPGLLIGALR.F K.TSAVAEDRWITIEAPAR.I R.IAQIGWDGDDYRPLGR.C R.GEVAALVDETEVAAR.S K.AGELDRDVVVVR.F K.AIVNAIAGLLATGGSTNHAIHLPALAR.A K.VPAVHLSPEALPGDMSGPLAYLR.D K.LTPALGLQDK.G R.SPAAAPPAVGVGR.E K.GGSAVLAAMEAVT. R.HHADAEEK.G R.FGHLRQLVPAQPMPSGLANK.E R.TGAAMNIGIVTAYNDMLSAHQPYGR.Y R.RAAYLDLMDR.Q R.HHADAEEKGSVLAAMEAVT. R.VYPNGAGDYNQFHAAGIGFVVR.E R.GNLSGCGNLHGFAGGDKPVIR.T R.FGHLRQLVPAQPMPSGLANK.E R.ELLGAGLLHGDVLTGGTMADYAAEPLVNDLHWQAAGQSR.D R.DDTMLRPVDFPSPDGMGR.L R.AAYLDLMDR.Q K.VPAVHLSPEALPGDMSGPLAYLR.D R.VALLTDR.M R.TGAAMNIGIVTAYNDMLSAHQPYGRYPEQIK.L R.DNIAQGTVIALSHAMFEGALLGICDK.I K.TSAVAEDR.W R.VPGVAVGAGTVLNPR.M K.FFPAATSGGIPALK.A K.RVPGAVVAGATVLNPR.M R.TPALLDAIR.A R.VEDAVPMAEALVAGGLR.V R.CVGGSWVVPAGPLDVRIEALAK.E K.ALAGPFGVNFCTGGISATAPEWLALPEVR.C R.TLGGQPEVSAESVAR.E K.GVDEQSFIDFGEELYR.H K.GVDEQSFIDFGEELYR.K K.GAFHLAMQAGVPIVPIVHNATDVARK.N K.LVEAYIAEVVASLDK.I R.LLNATIPNVLR.E R.LAGLIPDLTFQAYEISGR.H K.KLVEAYIAEVVASLDK.I K.IDVAGDDGPHR.S K.AGGGQAQCGQANVSAGQTGAOK.F R.VVGAIDWQDGAOK.A R.GTAAPTATFTGPDAPVTLADFR.G K.KALQYLDPENGLLDAANSALPTSIYDAEGR.E R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A
YP_615243	Sala_0186	Oxidoreductase alpha (molybdopterin) subunit	13.23%	6	K.QLGLYLATYSPIQMAADFIENLEAHR.E K.GAEDVPMSTLAK.Q R.VALETIADGGTAR.R R.TPNEAFLYIFVR.E R.YDADTHVPGWDDAFALIGR.H R.SHDQFNTIYSYNDY.R R.FTEPDIVQMATFGSTEISSEFVHIK.I K.VLLEQSVTK.G R.LLLDFIEGDTLTVR.R R.EVNAQVGDFAEDR.V R.AALTEYLPEDRIEAAVVDGFLAR.I R.VSYVDGALK.D R.PIGVLTSPSMFPIAQLK.A K.QYSSGAVNGAAGVYADELQPSNTETVALK.A K.VETLVFGATGDLAQR.M K.LDANMMIINLQPEENIR.V R.RDEVEQWEDAIR.D R.IAMEKPIGHDLASSR.E K.SEVLQKVPVHNIFAR.V R.IDHYLGKTVQNLALR.F K.ETVQNLALR.F R.AALTEYLPEDR.I R.MLFPSTLYNLHMDGLLADALTVSSGR.S R.IEAVVDGFLAR.I R.FANMLFELWNAQIDHVQITVAETVLEGR.V R.DAWDQVDMTPQSYTAGSWGSSAIALIER.D R.VGAGKLDANMMIINLQPEENIR.V R.IDHYLGK.E R.IDYCAIDAGAGTGYAELALLGDR.M R.IAMEKPIGHDLASSR.E K.LKEVTMDVLSHSHFAGER.R K.DMVQNHMLQLLAIAMEPPASVGATAVR.D K.AANIACAECR.I R.RIAYER.L K.LKEVTMDVLSHSHFAGER.R R.IFDQONQVLAAR.A R.AAGIIDWQDFDELHSHAVLLAR.V K.IVPGLLIGALR.F K.TSAVAEDRWITIEAPAR.I R.IAQIGWDGDDYRPLGR.C R.GEVAALVDETEVAAR.S K.AGELDRDVVVVR.F K.AIVNAIAGLLATGGSTNHAIHLPALAR.A K.VPAVHLSPEALPGDMSGPLAYLR.D K.LTPALGLQDK.G R.SPAAAPPAVGVGR.E K.GGSAVLAAMEAVT. R.HHADAEEK.G R.FGHLRQLVPAQPMPSGLANK.E R.TGAAMNIGIVTAYNDMLSAHQPYGR.Y R.RAAYLDLMDR.Q R.HHADAEEKGSVLAAMEAVT. R.VYPNGAGDYNQFHAAGIGFVVR.E R.GNLSGCGNLHGFAGGDKPVIR.T R.FGHLRQLVPAQPMPSGLANK.E R.ELLGAGLLHGDVLTGGTMADYAAEPLVNDLHWQAAGQSR.D R.DDTMLRPVDFPSPDGMGR.L R.AAYLDLMDR.Q K.VPAVHLSPEALPGDMSGPLAYLR.D R.VALLTDR.M R.TGAAMNIGIVTAYNDMLSAHQPYGRYPEQIK.L R.DNIAQGTVIALSHAMFEGALLGICDK.I K.TSAVAEDR.W R.VPGVAVGAGTVLNPR.M K.FFPAATSGGIPALK.A K.RVPGAVVAGATVLNPR.M R.TPALLDAIR.A R.VEDAVPMAEALVAGGLR.V R.CVGGSWVVPAGPLDVRIEALAK.E K.ALAGPFGVNFCTGGISATAPEWLALPEVR.C R.TLGGQPEVSAESVAR.E K.GVDEQSFIDFGEELYR.H K.GVDEQSFIDFGEELYR.K K.GAFHLAMQAGVPIVPIVHNATDVARK.N K.LVEAYIAEVVASLDK.I R.LLNATIPNVLR.E R.LAGLIPDLTFQAYEISGR.H K.KLVEAYIAEVVASLDK.I K.IDVAGDDGPHR.S K.AGGGQAQCGQANVSAGQTGAOK.F R.VVGAIDWQDGAOK.A R.GTAAPTATFTGPDAPVTLADFR.G K.KALQYLDPENGLLDAANSALPTSIYDAEGR.E R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A
YP_615247	Sala_0190	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	76.37%	27	K.QLGLYLATYSPIQMAADFIENLEAHR.E K.GAEDVPMSTLAK.Q R.VALETIADGGTAR.R R.TPNEAFLYIFVR.E R.YDADTHVPGWDDAFALIGR.H R.SHDQFNTIYSYNDY.R R.FTEPDIVQMATFGSTEISSEFVHIK.I K.VLLEQSVTK.G R.LLLDFIEGDTLTVR.R R.EVNAQVGDFAEDR.V R.AALTEYLPEDRIEAAVVDGFLAR.I R.VSYVDGALK.D R.PIGVLTSPSMFPIAQLK.A K.QYSSGAVNGAAGVYADELQPSNTETVALK.A K.VETLVFGATGDLAQR.M K.LDANMMIINLQPEENIR.V R.RDEVEQWEDAIR.D R.IAMEKPIGHDLASSR.E K.SEVLQKVPVHNIFAR.V R.IDHYLGKTVQNLALR.F K.ETVQNLALR.F R.AALTEYLPEDR.I R.MLFPSTLYNLHMDGLLADALTVSSGR.S R.IEAVVDGFLAR.I R.FANMLFELWNAQIDHVQITVAETVLEGR.V R.DAWDQVDMTPQSYTAGSWGSSAIALIER.D R.VGAGKLDANMMIINLQPEENIR.V R.IDHYLGK.E R.IDYCAIDAGAGTGYAELALLGDR.M R.IAMEKPIGHDLASSR.E K.LKEVTMDVLSHSHFAGER.R K.DMVQNHMLQLLAIAMEPPASVGATAVR.D K.AANIACAECR.I R.RIAYER.L K.LKEVTMDVLSHSHFAGER.R R.IFDQONQVLAAR.A R.AAGIIDWQDFDELHSHAVLLAR.V K.IVPGLLIGALR.F K.TSAVAEDRWITIEAPAR.I R.IAQIGWDGDDYRPLGR.C R.GEVAALVDETEVAAR.S K.AGELDRDVVVVR.F K.AIVNAIAGLLATGGSTNHAIHLPALAR.A K.VPAVHLSPEALPGDMSGPLAYLR.D K.LTPALGLQDK.G R.SPAAAPPAVGVGR.E K.GGSAVLAAMEAVT. R.HHADAEEK.G R.FGHLRQLVPAQPMPSGLANK.E R.TGAAMNIGIVTAYNDMLSAHQPYGR.Y R.RAAYLDLMDR.Q R.HHADAEEKGSVLAAMEAVT. R.VYPNGAGDYNQFHAAGIGFVVR.E R.GNLSGCGNLHGFAGGDKPVIR.T R.FGHLRQLVPAQPMPSGLANK.E R.ELLGAGLLHGDVLTGGTMADYAAEPLVNDLHWQAAGQSR.D R.DDTMLRPVDFPSPDGMGR.L R.AAYLDLMDR.Q K.VPAVHLSPEALPGDMSGPLAYLR.D R.VALLTDR.M R.TGAAMNIGIVTAYNDMLSAHQPYGRYPEQIK.L R.DNIAQGTVIALSHAMFEGALLGICDK.I K.TSAVAEDR.W R.VPGVAVGAGTVLNPR.M K.FFPAATSGGIPALK.A K.RVPGAVVAGATVLNPR.M R.TPALLDAIR.A R.VEDAVPMAEALVAGGLR.V R.CVGGSWVVPAGPLDVRIEALAK.E K.ALAGPFGVNFCTGGISATAPEWLALPEVR.C R.TLGGQPEVSAESVAR.E K.GVDEQSFIDFGEELYR.H K.GVDEQSFIDFGEELYR.K K.GAFHLAMQAGVPIVPIVHNATDVARK.N K.LVEAYIAEVVASLDK.I R.LLNATIPNVLR.E R.LAGLIPDLTFQAYEISGR.H K.KLVEAYIAEVVASLDK.I K.IDVAGDDGPHR.S K.AGGGQAQCGQANVSAGQTGAOK.F R.VVGAIDWQDGAOK.A R.GTAAPTATFTGPDAPVTLADFR.G K.KALQYLDPENGLLDAANSALPTSIYDAEGR.E R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A
YP_615248	Sala_0191	6-phosphogluconate dehydratase	61.99%	28	K.LKEVTMDVLSHSHFAGER.R R.IFDQONQVLAAR.A R.AAGIIDWQDFDELHSHAVLLAR.V K.IVPGLLIGALR.F K.TSAVAEDRWITIEAPAR.I R.IAQIGWDGDDYRPLGR.C R.GEVAALVDETEVAAR.S K.AGELDRDVVVVR.F K.AIVNAIAGLLATGGSTNHAIHLPALAR.A K.VPAVHLSPEALPGDMSGPLAYLR.D K.LTPALGLQDK.G R.SPAAAPPAVGVGR.E K.GGSAVLAAMEAVT. R.HHADAEEK.G R.FGHLRQLVPAQPMPSGLANK.E R.TGAAMNIGIVTAYNDMLSAHQPYGR.Y R.RAAYLDLMDR.Q R.HHADAEEKGSVLAAMEAVT. R.VYPNGAGDYNQFHAAGIGFVVR.E R.GNLSGCGNLHGFAGGDKPVIR.T R.FGHLRQLVPAQPMPSGLANK.E R.ELLGAGLLHGDVLTGGTMADYAAEPLVNDLHWQAAGQSR.D R.DDTMLRPVDFPSPDGMGR.L R.AAYLDLMDR.Q K.VPAVHLSPEALPGDMSGPLAYLR.D R.VALLTDR.M R.TGAAMNIGIVTAYNDMLSAHQPYGRYPEQIK.L R.DNIAQGTVIALSHAMFEGALLGICDK.I K.TSAVAEDR.W R.VPGVAVGAGTVLNPR.M K.FFPAATSGGIPALK.A K.RVPGAVVAGATVLNPR.M R.TPALLDAIR.A R.VEDAVPMAEALVAGGLR.V R.CVGGSWVVPAGPLDVRIEALAK.E K.ALAGPFGVNFCTGGISATAPEWLALPEVR.C R.TLGGQPEVSAESVAR.E K.GVDEQSFIDFGEELYR.H K.GVDEQSFIDFGEELYR.K K.GAFHLAMQAGVPIVPIVHNATDVARK.N K.LVEAYIAEVVASLDK.I R.LLNATIPNVLR.E R.LAGLIPDLTFQAYEISGR.H K.KLVEAYIAEVVASLDK.I K.IDVAGDDGPHR.S K.AGGGQAQCGQANVSAGQTGAOK.F R.VVGAIDWQDGAOK.A R.GTAAPTATFTGPDAPVTLADFR.G K.KALQYLDPENGLLDAANSALPTSIYDAEGR.E R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A
YP_615249	Sala_0192	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase/4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase	53.88%	7	R.VPGVAVGAGTVLNPR.M K.FFPAATSGGIPALK.A K.RVPGAVVAGATVLNPR.M R.TPALLDAIR.A R.VEDAVPMAEALVAGGLR.V R.CVGGSWVVPAGPLDVRIEALAK.E K.ALAGPFGVNFCTGGISATAPEWLALPEVR.C R.TLGGQPEVSAESVAR.E K.GVDEQSFIDFGEELYR.H K.GVDEQSFIDFGEELYR.K K.GAFHLAMQAGVPIVPIVHNATDVARK.N K.LVEAYIAEVVASLDK.I R.LLNATIPNVLR.E R.LAGLIPDLTFQAYEISGR.H K.KLVEAYIAEVVASLDK.I K.IDVAGDDGPHR.S K.AGGGQAQCGQANVSAGQTGAOK.F R.VVGAIDWQDGAOK.A R.GTAAPTATFTGPDAPVTLADFR.G K.KALQYLDPENGLLDAANSALPTSIYDAEGR.E R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A
YP_615250	Sala_0193	HAD-superfamily subfamily 1B, PSpase-like protein	11.39%	4	K.GVDEQSFIDFGEELYR.H K.GVDEQSFIDFGEELYR.K K.GAFHLAMQAGVPIVPIVHNATDVARK.N K.LVEAYIAEVVASLDK.I R.LLNATIPNVLR.E R.LAGLIPDLTFQAYEISGR.H K.KLVEAYIAEVVASLDK.I K.IDVAGDDGPHR.S K.AGGGQAQCGQANVSAGQTGAOK.F R.VVGAIDWQDGAOK.A R.GTAAPTATFTGPDAPVTLADFR.G K.KALQYLDPENGLLDAANSALPTSIYDAEGR.E R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A
YP_615253	Sala_0196	Patatin	12.45%	5	K.LVEAYIAEVVASLDK.I R.LLNATIPNVLR.E R.LAGLIPDLTFQAYEISGR.H K.KLVEAYIAEVVASLDK.I K.IDVAGDDGPHR.S K.AGGGQAQCGQANVSAGQTGAOK.F R.VVGAIDWQDGAOK.A R.GTAAPTATFTGPDAPVTLADFR.G K.KALQYLDPENGLLDAANSALPTSIYDAEGR.E R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A
YP_615257	Sala_0200	thioredoxin domain 2	47.62%	4	K.LVEAYIAEVVASLDK.I R.LLNATIPNVLR.E R.LAGLIPDLTFQAYEISGR.H K.KLVEAYIAEVVASLDK.I K.IDVAGDDGPHR.S K.AGGGQAQCGQANVSAGQTGAOK.F R.VVGAIDWQDGAOK.A R.GTAAPTATFTGPDAPVTLADFR.G K.KALQYLDPENGLLDAANSALPTSIYDAEGR.E R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A
YP_615258	Sala_0201	argininosuccinate lyase	53.85%	15	R.IDAGLAALQSALLQ.R.A R.ALASGYSTATDLADWLVR.E R.LNESPLGAALAGTGFVDR.D R.FGGGPAIMQENASIPDKR.L R.AGLLGAFQR.L R.LWEEDIAASR.A

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.SRNDQVATDFR.L R.IISADDAAIIDR.G R.LKELIGEPAGR.L R.RAEELGVLPALPAADAAAIIAAVTPDVLAAITVEASVASR.M R.NPDAELVLR.G R.MSYGGTAPER.V R.GLAQIAEEFAENGVPVDSLSDIHMHTVEAR.L R.LAEFVIVASQPFQFVALPDAWSTGSSIMPQK.R K.RNPDAAELVR.G R.APTTQELTTPDAQAR.P K.EDLKPANQPAPVPIGADR.A R.APTTQELTTPDAQARPAR.S K.FGVGIDSAPAIFDR.L R.VNPDVDAGTHAK.I R.GVALHIGSQTSLDPLEAAFER.V R.GIGQFNIEHEPEGVVALSEIAVAK.E R.QGYGADVVSSELEER.A R.TAGAYGATMASTYNSR.S R.SLVPVLDGDRYITVADR.I R.HAQVFADALR.D R.DREIDAVQPGALAVFR.T K.TRAELAQGLDR.G R.PALYDAWHDFVAVKPTGEK.M R.DGVLHAEDIPLR.I R.ALAAGMAAEDIVFSGVGK.T K.AENKFGVGDSPAIFDR.L R.IAAGTMAAERVDPWID. R.VTKDWVDTLMFEPGR.V R.AELAQGLDR.G K.EIGTPVYVYSR.A R.EIDAVQPGALAVFR.T R.SLVPVLDGDR.Y R.AAGHSITHVDLGGGLGVYRVEDNPPPTPAEYGMAR.V K.HIAFAK.C R.IISAWAEAGATFIALVGDAAAAR.A R.APVTAIGTGGASAGLAK.A R.TVVLVGEGEAAEAK.A R.AIDAALPGGALDPLDAGAADR.V R.LGDLAGALYAAAR.A R.VGVEWLAAPDRPSR.L R.QRLEALLPAR.L K.VAAEALGSLYDQIR.H R.ETQIFGISAQFQAVDR.A R.ASQAALLDRPVLVIGER.G R.WGDPKPIDALSFDPFASPWQPTVR.A R.ANAASVAAAPPAASPSGPVSDLR.A R.EGDIELVATYFQGR.M R.AVEYGEITR.V K.SLDEIEALQADKVADELAALK.A R.LKAEIALLDALSQYEAIDIAK.L K.DREDLATAALVEK.Q R.DIIAANVTLLDRAEDPEK.M R.TRDIIAANVTLLDRAEDPEK.M R.RVDEAEGR.A R.ADALGLGYK.K K.LESLQDSWK.E K.AEIAVLLDALSQYEAIDIAK.L K.TLTGEDEQLLDELVDYDAR.R R.SDEELAQLEINR.R R.LLTDNKLAKLSQYSR.L K.HGYPVENEWGGTVHR.T K.AAQLADQIDR.L R.QFQAISSSETAEK.A R.IVTDKGDVADEIEK.L K.AAQYAVHTER.L R.DDGRHLFADSNAAITK.G R.LHFLDASNAITK.G R.VPVAIAIPALAHWDSLRL.E K.VLTPDASASDASPLR.A R.IGLPIVADR.V R.DPFLVEEGYIFGR.G R.IFFVAEAVR.S K.GGHAENALPQR.A K.ASDSFAHGLNER.V R.NAEFALNGDGGGLIGEDGKPYYSLQAGEK.T R.APGLPIIPMSAGATDSYHFR.M R.VGGEIAGALK.T R.PSPVNAIVQLADALVK.V R.GKVELAAYAGVVK.A K.DWTRDFLPVEEGYIFGR.G R.FRPQVNELTR.I K.TFAADPTDTK.A K.QLKDIAIPTVK.G K.VPELAAYAGVVK.A K.TYADFTLEVNTAGGHSSRSPVNAIVQLADALVK.V R.MNGVPSYVAGLFSK.A R.GSEDNKFDIAMMVMATMAQLK.R R.APGLPIIPMSAGATDSYHFR.M K.TYADFTLEVNTAGGHSSR.P K.ASDSFAHGLNERVVAIAIPALAHWDSLRL.E R.GNHEEVGAELR.K R.VTDTAQALFDVDDYKVFMAQIEAAVR.S R.YPYDDIEHQEVTLR.G R.GNPIEMAAQVWVR.V R.WVLPWLR.K R.ANNVSDKIK.V R.RQQAEAVIAAR.K R.GNHEEVGAELR.K K.VVDLDER.K R.SIGSRYPYDDIEHQEVTLR.G R.DTQPVVNAGSLY. R.ANNVSDK.I .MVESGAPLNR.S K.VNDLRGNPIEMAAQVWVR.V K.LVEGAVTMVEMALQHLSDK.V K.LVEGAVTMVEMALQHLSDK.K R.TAIALNSVEQMAVILGTLR.A R.AHAARPDVAADAER.R R.AGGVAGLITNSATGEGQAAMIADTGAR.H K.VIDEDGNELPQSGVEIVGR.S R.LTWSDLRLTDR.I R.GAPYGNVAVTILSTPLYSNTTMSFMPVTGSGGR.V K.AMHWYDSEGQLFYR.H R.VVEAAVVGMPSEEWGETPVAFVVLKPGADAESVR.E R.IDEDGFLTMDR.A R.HGIDGRIDEDGFLTMDR.A R.LTQDETLDNSGAQLVLSASLADAAR.L R.VNSSQWVPTHFVR.M R.RIDFLEALPR.H K.KFDPPEAALAHIER.Y R.ISTHMLDGGIADVR.L K.LLGFATHVSDPLAK.A R.GIANNQAQYAAWGR.E R.WGLVPDVAGMALWR.T R.ELPVPVIAAHVAFGAGSQIMAAADR.I R.DPGASSAGGGLAER.T R.DLPVGLDGFETPGR.A R.ETETSDDTPVITR.R R.VGGNLSIVLEVPHEQVSSYGVIAFGAR.D R.EAGIEQMIFVTR.G K.GLVEKPPVAEAPSNLIISGR.Y R.AFAIDLLK. K.GAGGEQLTDAMTIGAQPFHAVTFAGAR.Y R.GKQLSVLTPTR.L K.EMPLVDRPLIQYAVDEAR.E K.AVFPVAGLGR.F K.AGYIQANLAVLERPDIADVR.A
YP_615259	Sala_0202	hypothetical protein	45.78%	3	
YP_615260	Sala_0203	diaminopimelate decarboxylase	71.36%	22	
YP_615261	Sala_0204	siroheme synthase-like protein	43.85%	7	
YP_615262	Sala_0205	sigma54 specific transcriptional regulator, Fis family	35.48%	7	
YP_615264	Sala_0207	phage shock protein A, PspA	53.18%	9	
YP_615265	Sala_0208	phage shock B	34.07%	2	
YP_615267	Sala_0210	hypothetical protein	40.40%	3	
YP_615269	Sala_0212	hypothetical protein	42.53%	3	
YP_615272	Sala_0215	Fe-S metabolism associated SufE	12.50%	2	
YP_615273	Sala_0216	peptidase M20	60.18%	23	
YP_615274	Sala_0217	band 7 protein	52.00%	16	
YP_615277	Sala_0220	AMP-dependent synthetase and ligase	38.63%	10	
YP_615278	Sala_0221	AMP-dependent synthetase and ligase	12.94%	4	
YP_615280	Sala_0223	Enoyl-CoA hydratase/isomerase	37.08%	6	
YP_615286	Sala_0229	hypothetical protein	10.78%	2	
YP_615293	Sala_0236	UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase	59.58%	10	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615319	Sala_0263	Protein of unknown function UPF0011	26.92%	6	R.FGDEVTLDLGRDVLVLMR.Q R.FGDEVTLDLGR.D R.EQEICAAAPALK.E R.LAALAAALAEGLGNR.E R.AAATLASADLIAEDTR.V R.FLAFGLPNK.A R.ASLVYFESGPR.L R.ADTIAEFAGLR.A R.DAMADKPVQAQAK.A K.LLGLPLLEDAVAAPVPIR.G R.LLATDFGGDGFIR.F R.VALLVPQTGPNADVGTAIANATMALLDTR.T R.VANAGDIDAVLIADSGGNAR.A R.TGGPATPPPPSDPGETVGPGLPTDTR.H R.ITTYDTALGAAAAAR.Q R.ALEVSEIGAGGR.V R.AAAEAGGTLVALESYDR.S R.LASLGYDSSLVLR.I R.RVANAGDIDAVLIADSGGNAR.A R.QILGTWNTDAVLGSAAMR.G R.GAWFASVSDGLYGLATK.Y R.SAIALTGAAR.R R.VIDPAPTKW. R.DWKPGTNFVNR.L K.IPVLSFNSDSSVAGNVFIMGFVPGQSVR.I R.QAVADGNKLLGLPSEDVAAPVPIR.G R.GLGAVALAGVLAACQVVR.T R.FGALVPK.N K.VFDLFEEDKVK.M R.YNEFIASPK.V R.VAELTAEVAK.V R.EMSHQLGLNLQR.V R.VAELTAEVAKVEAHPR.T K.MRPNIIDHDFVK.M R.GREMSHTQLGLNLQR.V K.YKVEAQK.K K.TQEIKEIK.M R.FADPAVADLDRFNALFADIGSGPR.L R.SDPEGLDITLAEAGPALFTIGEVYVTR.A R.ATLAAVLGSR.S R.ASTLAVAADGTVR.M R.DLQAGGTWLVGHAPSGR.A R.INAGEEPDQDVTGWLRA K.GLDEWVATAR.R R.FAALVQGFNDVELAPK.K R.VFALLGGVR.T K.QDVLGVELELR.D K.GYLSTSVSDILSR.S R.ELMAANFTNWSTAIR.C R.FTGLSETWLEQADLR.V K.ASASSVEFAFEAR.Q R.INYAATIGETIR.N K.DYVGVTDK.L K.VLGGESYGTTR.T R.TDREYQSIGGGQWDRW.I R.QWAIQYATALLK.G R.FDNLNPHQYTPDSLQTYR.S R.IFGLPDLTMQEAQK.I R.SYSENPVPSFRPSPGSR.M K.SKAPPTQTSASPTTSSLPMVDLNNVQLPQLR.Q K.APTTQTSASPTTSSLPMVDLNNVQLPQLR.Q R.SRDDFIR.F R.LKTALEDFR.S R.FLDYLGEK.G K.VLAVLSDDEADVNTLDDHVMGR.F K.IANVLAHASP.E K.IJLAQYGEFK.S R.IYANSHYVTPGTLK.Q R.VSFFGDEIEIEITFDPLTKK.K R.VSFFGDEIEIEITFDPLTKK.I R.IGERDQVLLGVTSKGT R.NIGDIAHVASK.D R.SETSLVQTIGR.A R.FELVSDYEPAGDQPTAIR.E R.YMHSDEVETLER.I R.SDITYEKESSVNEAIDR.M R.PQITISVATPTGWEKER.T R.LFGEPPPTLFYLPDNLVDFVDESHQTIPIQIGMSK.G R.LGVDFVLVGINLLR.E R.DAAADLEFEAAGR.L K.RNDQAFAR.G K.AYNEAHGITPTTIK.R R.SEDFPAVDVYPR.V R.LDHFDTRETTAVPEPIAQLAGDYGIVR.D R.RFDLLELAHTAGGAAPR.P K.AYAJATEALGR.S R.GEQAQQAAILDR.M R.DAVPEPILLSAPDSGNLPESR.A R.AIWSQQLR.L K.ADRDPVALAALSIVR.F R.SLADPSNPNVPAVTLAFILSQR.G R.FLITPAVIAR.A R.FGDWQPQR.G R.ALNPDYDADMAGFLGLK.L K.DAIDYIEANKG. K.IVEHLGVEADK.V K.KIVVEHLGVEADK.V R.AALNNSFGFGGTNASLIVK.A R.VVVTGLGLVPLGGDVSWSK.N R.DQIVPPTLNLDPDEGTGADLVPK.V R.QVDPFIIYGIDAAGQALEDAGLTELTEEQVR.A R.QVDPFIIYGIDAAGQALEDAGLTELTEEQV.V R.LNLSISQVSIK.Y K.IYAEVYGLSGDAYHTAPDPEMDGAFR.S R.DRDGFVMGEGAVVLEEYEHAK.A R.DGFVMGEGAVVLEEYEHAK.A R.LFGDAMANVMSSTK.S K.AGMTPADIDYINAHGTSTMDTIELGAVK.R R.RVVVTGLGLVPLGGDVSWSK.N K.SGAGPITKFDASDQK.C R.FNDRPEQASR.P R.AGCSIGSGIGGLPIESESLLLAEGKGR.V R.AGCSIGSGIGGLPIESESLLLAEGK.G K.GPNHAVVTACSTGAHSGDAAR.M K.SAIGHLLGGAVETIFCILAIR.D K.IYAEVYGLSGDAYHTAPDPEMDGAFR.S K.AGMTPADIDYINAHGTSTMDTIELGAVK.L R.NILGLAFDSSGR.L R.VQEIASFDEPWAMTFLPGTR.A R.LEGLEVIWK.Q R.VLFISSGER.Q R.HGDEVNLLVEAK.A R.LNPDGSPADNPFAGEGGVTAQIWSLGH.R.N R.QKFDPAQDMTGNLGI.I R.EDGTVLLTDGDDGR.L K.NSLLMGALSSEGLVQMR.I K.LWVNPVAVSAGLAYGGDLYPGWK.N K.ANYGYPVNSGDHYDGR.D R.LWNQEMGPR.H K.FVGEYDETAVER.T R.TISTPASQESGEMADVQR.G K.ALLAGVPHLR.A R.NKRVGEYDETAVER.T K.RADAPPASEAVDAIMDSVEEIAAR.R R.STDEQPSHEAFRA K.FTAEYDELAER.L R.LLVAPDDQDSSLHADVQR.A
YP_615320	Sala_0264	Extracellular ligand-binding receptor	81.22%	19	
YP_615321	Sala_0265	translation initiation factor IF-3	46.82%	9	
YP_615322	Sala_0266	protein of unknown function DUF833	40.95%	5	
YP_615323	Sala_0267	hypothetical protein	23.37%	3	
YP_615324	Sala_0268	transcriptional regulator, TetR family	24.75%	4	
YP_615326	Sala_0270	peptidase S10, serine carboxypeptidase	18.80%	7	
YP_615330	Sala_0274	hypothetical protein	70.10%	10	
YP_615331	Sala_0275	excinuclease ABC, B subunit	32.14%	16	
YP_615335	Sala_0279	Tetratricopeptide TPR_4	32.19%	12	
YP_615336	Sala_0280	acyl carrier protein	30.77%	3	
YP_615337	Sala_0281	beta-ketoacyl synthase	73.03%	20	
YP_615339	Sala_0283	glucose sorbosone dehydrogenase	49.60%	12	
YP_615340	Sala_0284	RNA polymerase, sigma-24 subunit, ECF subfamily	32.23%	5	
YP_615342	Sala_0286	RNA polymerase, sigma-24 subunit, ECF subfamily	26.54%	6	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615343	Sala_0287	RNA polymerase, sigma-24 subunit, ECF subfamily	42.42%	7	R.RSTDEQPSHEAFR.A R.KKFTAYDELAER.L R.ALLMLPVQQR.E R.APVPAIFTTAFPER.L R.IWESAYDDGEGSDDAENPLVR.A R.ALTGSQQHGDNFVHALLEVVAAPDEF.R.S R.VEFTLISKPF.R.E R.TSVLLIEDEPLIAMLEQIVR.S R.TSVLLIEDEPLIAMLEQIVR.S R.AAISQSLTTPQLAA
YP_615344	Sala_0288	signal transduction histidine kinase	19.65%	7	R.WTQDDEGADRRR.F R.AQNVLDFGSGIATWR.Y R.MLEQALDFSGIATWR.Y R.LTWAESGADREITPPER.T R.FQDNPLVTGEPYI.R.F R.EYHLLDTGAEAFDR.V K.HGALSGER.G
YP_615347	Sala_0291	Superoxide dismutase	100.00%	19	K.TEPAGDLLAIAER.D K.AYVDKNAAIETELADK.S K.DTAVNHFASGWAWLIAR.D K.VNAAIETELADK.S K.GLFVNSAQSWNHAFYWNLSNPTK.T R.DFGSLGELK.K K.SLEEIHHAEVGSNGK.G K.NLRPAYDAVDDELLNWDFAENYAR.E K.TEPAGDLLAIAIERDFGSLGELK.K R.DGTLSDTHDAGTELVAQIK.P R.DFGSLGELK.K K.VNAAIETELADK.SLEEIHHAEVGSNGK.G K.LKDTAVNHFASGWAWLIAR.D R.DGTLSDTHDAGTELVAQIKPLLVIVWEHAYYIDR.K R.PAYVDAVDDELLNWDFAENYAR.E R.KNLRPAYDAVDDELLNWDFAENYAR.E K.PLVIVWEHAYYIDR.K K.GLFVNSAQSWNHAFYWNLSNPTKTEPAGDLLAIAER.D K.PLVIVWEHAYYIDR.K K.VVTAPTNGAAGIIPAVI.R.Y K.GHAADTAIVAGLAGEIPASTLSLAIK.A R.TFLLAAGAVGALYK.R R.AASEGFYLLGR.Q R.GAEDEVELPAFTSGDLLAMGAVSGK.S R.SYRGDAAGVR.T K.IGVGSSSHTVGPVMAAR.R R.QPFHSNAVSTFAR.D R.DGDGEILAK.R K.IGVGSSSHTVGPVMAAR.R R.VGVVAAAGTIASK.L K.HGAVQTTNR.D
YP_615348	Sala_0292	L-serine dehydratase 1	32.03%	10	R.ATGAEDLLAVIR.R R.RIAGQVAVEK.A R.IAGQVAVEK.A K.AAYDAEAAFVDTIVANAGVATEK.M R.VALLTGSSELGAGFAK.A K.RLDQAGSR.E R.IVLIGSITAEK.V R.AGLVSEIVGEEALLDR.G R.LNALNEELVDENAYFGGLVERPDVR.V R.LVGSASLAEMILTGR.F R.VPGSEVSVGVGDDSPGALFSPSLTISR.Q R.QDWAYGSELLAQK.V R.EAVGRLLDAR.G R.LWDAADLADGDDALAAALR.F R.FAQDAVELAVR.Q R.IVPLDGGALVASR.L R.HLAYAETADWLAA.R.G R.QQVLLPVPVR.D R.NFFADGGATDLSGNR.V R.GGTGALFGNGQPGLTVNFVQK.E R.QFGNIDPGTVLAGPETR.L K.ASGTLENNDFGVWGDGPDPTYDNGTAVLNGTFR.N R.LNLVLANGQVATDR.G R.GSLVVAR.Y R.GFTQGSFFVNAAYDGR.E R.TDLLSLYATLFHTR.F R.GLATTVITNGAPIASIGGAR.S R.GADLVNLGTNFDYIEIGDLQLR.Y R.FSDIATNQLSNYFK.I R.GNTNPFDDNLR.D K.VIPGVSAESSGQNGANIFVR.G K.ASITDFGDLR.G R.QDAAFVTSINAEIAR.A R.GNTNPFDDNLRDGFVSPR.V K.QIEDFNDLAVWDGSGNKK.F R.QLGAGSQVVAR.P R.KQIEEDFNDLAVWDGSGNKK.F R.EYAFYVDEFQVTELR.L K.EGGRDFEGLV.A R.YLNDRGQWLLPVPVR.D R.VTPAYDIPFGNDGK.V R.GDMLLSGPLGESTSFMIGYVYASNGNIR.D R.AAPNSTADL.K K.VSLYSTFTYVGRDSTANTQSLPNYFK.I K.VSLYSTFTYVGRD.F K.GSWSWTVGANYDISSVGVAR.Y R.FWNLALAR.T K.IFLNLAAPK.T R.NVGVQVLIASDYPMQSLAK.T K.IHPHTQGFDAADPR.V R.NDALIALGK.K K.HAGASGLVLLDNASIVPADNEK.L K.TLEAFDKLDTEEER.A K.HAGASGLVLLDNASIVPADNEKLFNLALAAAPK.T R.AGNPADISAR.N R.VDELAGLASAGIAR.V R.RLTDAGTISLTHAIEAVSR.R R.AMGVADDAEGDQAAVAR.L K.QLGVEVLETLGSRPLVITDPWLLNSGR.V R.ESSLFVLDQSGAAVVAR.P K.LAGVAFDFVHLLDR.G R.QEVSVAQVPSNR.N K.SREDNAALTAR.R K.NTFGAIVAVK.S K.FLVGDQVPIITTEQLGDNFENAFR.T R.EEVIKLEVTIPVINGAGEVK.M R.VQPIDGAAAPQGR.I R.IPLSDIPIGELFK.S R.IGSGGAQVQVTEIR.L R.APVAIVPIDSNAIARL.G K.NIPVATSYSNASPNILTLGGAYSTR.I K.LEVTPQVINGAGEVK.M K.AFDVWLSLGDGAPGGTDENADIRGDS. R.LDNLVYPTSDGLNALVTAPPALAQPER.Y R.EALLTLAAPPDLLSGAWKPK.R R.TDGLTTLAAPR.V R.ASLSPALLTGATLAFER.S R.LGALPLGTVR.A R.AAPGGVVLATSGRF. R.GSWSELVDAR.L R.AEALASQSGMER.L R.VQLMVAAPJAGLDSR.G R.LGALPLGTVRASLPLALLTGATLAFER.S R.LALGWSGADGAGVSR.T K.ERPAAIGSNEEWAQNR.R R.DYVALGER.R R.VTLEGHADER.G K.NYLASLIDPISR.I K.KAPDTPPAPEGAGTDDTTDTGTGVVPGSQEDFVANVASDR.I
YP_615350	Sala_0294	glucose-methanol-choline oxidoreductase	3.60%	2	
YP_615352	Sala_0296	protein of unknown function DUF156	25.56%	3	
YP_615353	Sala_0297	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	24.03%	4	
YP_615354	Sala_0298	Enoyl-CoA hydratase/isomerase	21.76%	3	
YP_615359	Sala_0303	transcriptional regulator, LacI family	14.93%	3	
YP_615360	Sala_0304	beta-phosphoglucomutase	5.98%	4	
YP_615361	Sala_0305	TonB-dependent receptor	54.71%	29	
YP_615363	Sala_0307	amidohydrolase 2	39.43%	9	
YP_615364	Sala_0308	iron-containing alcohol dehydrogenase	20.88%	4	
YP_615370	Sala_0314	type II secretion system protein C	9.72%	2	
YP_615371	Sala_0315	type II and III secretion system protein	23.09%	11	
YP_615374	Sala_0318	General secretion pathway protein G	33.13%	2	
YP_615379	Sala_0323	General secretion pathway L	9.28%	2	
YP_615381	Sala_0325	type II secretion system protein N	42.02%	8	
YP_615383	Sala_0327	OmpA/MotB	80.59%	13	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615384	Sala_0328	TolB-like protein	61.45%	23	R.IFFDFDQYVNDQAQTLQSQAWLQR.N K.APDTLPPAPEGAGTDTTDTGTGVPVGSQEDFVANVASDR.I R.PAAGISNEEAWAQR.NR R.RAVTVVIGR. R.INVSYGK.E K.ERPAAGSNEEAWAQR.NR.A R.VTLEGHADERGTR.D R.AVTVVIGR. R.SSLWQVDLTGVNLR.R R.LTTAPGIDVGGSFSPDGR.K R.TVIGIPSFATASQTVAGLR.T R.SGSQQLVVMNIDGSNQQR.I R.QLADVIAADLER.S R.FITNGQALALSPR.F R.LSGEAPFFDSR.V R.VFYDVASGTQR.L R.ETIEGTLGQER.T R.WSPDGTQLYSMAVGGNTDIYR.I K.IVVVSYLNDR.V R.SGLFEPGNGVR.A R.RLPTPDGSDPSWGPVLP. R.VAYIAESGPK.G R.IGVMTSPSGGVR.M R.MLTNGWQDEAPTWSPNGR.V R.ISANGTTPVR.L K.GFEIQPADWR.R R.VAYIAESGPKGNR.I R.LTTAPGIDVGGSFSPDGRK.I R.GDLIAFTR.M R.FGEWQAR.G K.CADAIYSR.L R.AKPVTEEEEPVQLSINADDTLYGDEIVPEALPAR.L R.IALVTTGAEASADTPPTADAADVTDGSDSGQ.
YP_615386	Sala_0330	Biopolymer transport protein ExbD/TolR	39.31%	2	R.IALVTTGAEASADTPPTADAADVTDGSDSGQ.
YP_615387	Sala_0331	MotA/TolQ/ExbB proton channel	25.86%	7	R.FDKNGAEELPSAK.V R.FADGLHATSR.E K.VLSAGIGEW.R R.LGIAMNSAIAGEIDR.L R.LGIAMNSAIAGEIDRLAEK.I R.ADNIDRFFDKNGAEELPSAK.V K.NGAEELPSAK.V R.TNDTSLGELTIDGR.V R.VYFEDTDLGSLVYHANYLR.Y
YP_615388	Sala_0332	4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase	20.75%	2	R.TPEDADALRPK.T K.TLAEFVQQAAR.E R.GDALDHVLFPPGLGK.T R.DTIEDVIEPYLQGLIAR.T R.LLGLAIAPDGALEIAK.R R.IDLPQTLVGAATR.Q K.AGDLAALLNLEDGDVLFIDEIHR.L R.VRDFAAVAGHAIVDAR.A R.DFAAVAGHAIVDAR.A
YP_615389	Sala_0333	Holliday junction DNA helicase RuvB	38.46%	9	K.VALAILSALEVADLQR.A R.LLTSVGVGAK.V R.LDSNGAGHAVIDVGGVGLVEASAR.T R.ALASGDSAMIAR.A R.NGGNLGTSVSGSHGFDR.L K.SEVADEATAQLFK.L K.ASGDGDNYEIRYEGYGGVSLIVEALTDNR.N R.YEYGGVSLIVEALTDNR.N K.ASGDGDNYEIR.Y K.LIDTDDDDVQTVWNGYEIPDAVMEK.L R.TAFSRNGNLGTSVSGSHGFDR.L K.MGLPDDANAR.L R.DLFASITDIVGGR.S R.SGKYEDVLR.A K.EALGEMEAIAK.L K.GIADDIRDTYNEAK.S R.KEMEAILDVK.S K.DLAFALQHVWIALSFVQRPEDVAEAR.R R.GDLGVELPPEAVPPLQK.R R.VHLPHPELFALEPDTR.L R.IDELELADAAMVAR.G R.ERPGAPLLVTPR.K K.GAAFMLDITDAPGDATR.V K.ETGRPTLLDLQGP.L R.KGVNVPDVPVPLAALTEK.D R.LLIDDKLVLR.V K.SVSAERITIVVGGK.I R.VNMSHGDHAGHAK.V R.ILATLGPASANAEMIAALHR.A K.GVNVDPVVPLAALTEK.D R.MGLLWGAHAVPTR.D R.IETIVEGK.I R.GDLGVELPPEAVPPLQKR.I R.DIGSFEEMIAK.G K.FEKSQVQRIDEILELADAAMVAR.G R.VNMSHGDHAGHAKVIAAIR.S R.SVEGDPDYFR.R R.AGADAFR.V R.LPEWVPR.F K.ALLLGYAIGK.L K.TYTVLSGLIRPLVESR.L R.TPGEHTLTPDQWR.A K.WLNSIYAGVDMPLDLLATR.G R.EWLTDSPGKVELFGSK.A R.RTFGEHTLTPDQWR.A R.LKGFAYEVTVR.R R.GTIVTNGAGINAITAEVVMGMLTVAK.G K.DMAAVITAATK.L R.RLETPEVHPGEAR.V K.TATITSEIEAILTR.R K.LVEEAVTDPFIQDNR.L R.LIATMDQIFGLR.L R.HYTEAYWADVK.A R.EIHPNEIAQNQAR.S R.SELEFSWEGLGAALTR.L R.HATDEGESR.I R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L
YP_615391	Sala_0335	Holliday junction DNA helicase RuvA	32.16%	4	R.GGNATFSQTGTASIGDIR.V R.VDGSAAVIAEAANIR.I R.LSAGYVIVGGELDTPAVSAVAATVAAADTLFR.S R.SGVAGPQIDLQGTGIDASGDIAGR.I R.QJALNGTVNSYIGSTTGP.R R.IGTAGVTTALSLANNNANQTFIGGAPGGSVSGYR.I R.IGALFASGPIDASADAIR.I R.FVDASGGALGR.Q R.NDGIVLDEGALFAR.G R.IVWNGHLGAGGR.V R.GFTFAGGLDLVTEGASR.I R.AQWAAADPLLAYEFGGNTVGR.G R.AQALAEWRPK.L R.TPVTDFMAQNLGSR.D R.LGASYIYAWTRPDVTGLPIK.S R.LDDAPVFNIAAER.Y R.GDAGANEALLQR.Y R.EEIQRPPLPAAPPGER.I R.APNLWLLDVR.Q R.STGPSASYTGAAL.L R.GPNDPIAETR.A R.TLSGPGTFSATGNVQASQLSGSNVSR.M R.KWPTDVLVQYGVVDR.L
YP_615393	Sala_0337	protein of unknown function DUF28	43.15%	8	R.AGADAFR.V R.LPEWVPR.F K.ALLLGYAIGK.L K.TYTVLSGLIRPLVESR.L R.TPGEHTLTPDQWR.A K.WLNSIYAGVDMPLDLLATR.G R.EWLTDSPGKVELFGSK.A R.RTFGEHTLTPDQWR.A R.LKGFAYEVTVR.R R.GTIVTNGAGINAITAEVVMGMLTVAK.G K.DMAAVITAATK.L R.RLETPEVHPGEAR.V K.TATITSEIEAILTR.R K.LVEEAVTDPFIQDNR.L R.LIATMDQIFGLR.L R.HYTEAYWADVK.A R.EIHPNEIAQNQAR.S R.SELEFSWEGLGAALTR.L R.HATDEGESR.I R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L R.GGNATFSQTGTASIGDIR.V R.VDGSAAVIAEAANIR.I R.LSAGYVIVGGELDTPAVSAVAATVAAADTLFR.S R.SGVAGPQIDLQGTGIDASGDIAGR.I R.QJALNGTVNSYIGSTTGP.R R.IGTAGVTTALSLANNNANQTFIGGAPGGSVSGYR.I R.IGALFASGPIDASADAIR.I R.FVDASGGALGR.Q R.NDGIVLDEGALFAR.G R.IVWNGHLGAGGR.V R.GFTFAGGLDLVTEGASR.I R.AQWAAADPLLAYEFGGNTVGR.G R.AQALAEWRPK.L R.TPVTDFMAQNLGSR.D R.LGASYIYAWTRPDVTGLPIK.S R.LDDAPVFNIAAER.Y R.GDAGANEALLQR.Y R.EEIQRPPLPAAPPGER.I R.APNLWLLDVR.Q R.STGPSASYTGAAL.L R.GPNDPIAETR.A R.TLSGPGTFSATGNVQASQLSGSNVSR.M R.KWPTDVLVQYGVVDR.L
YP_615394	Sala_0338	protein of unknown function DUF74	33.33%	3	R.DLFASITDIVGGR.S R.SGKYEDVLR.A K.EALGEMEAIAK.L K.GIADDIRDTYNEAK.S R.KEMEAILDVK.S K.DLAFALQHVWIALSFVQRPEDVAEAR.R R.GDLGVELPPEAVPPLQK.R R.VHLPHPELFALEPDTR.L R.IDELELADAAMVAR.G R.ERPGAPLLVTPR.K K.GAAFMLDITDAPGDATR.V K.ETGRPTLLDLQGP.L R.KGVNVPDVPVPLAALTEK.D R.LLIDDKLVLR.V K.SVSAERITIVVGGK.I R.VNMSHGDHAGHAK.V R.ILATLGPASANAEMIAALHR.A K.GVNVDPVVPLAALTEK.D R.MGLLWGAHAVPTR.D R.IETIVEGK.I R.GDLGVELPPEAVPPLQKR.I R.DIGSFEEMIAK.G K.FEKSQVQRIDEILELADAAMVAR.G R.VNMSHGDHAGHAKVIAAIR.S R.SVEGDPDYFR.R R.AGADAFR.V R.LPEWVPR.F K.ALLLGYAIGK.L K.TYTVLSGLIRPLVESR.L R.TPGEHTLTPDQWR.A K.WLNSIYAGVDMPLDLLATR.G R.EWLTDSPGKVELFGSK.A R.RTFGEHTLTPDQWR.A R.LKGFAYEVTVR.R R.GTIVTNGAGINAITAEVVMGMLTVAK.G K.DMAAVITAATK.L R.RLETPEVHPGEAR.V K.TATITSEIEAILTR.R K.LVEEAVTDPFIQDNR.L R.LIATMDQIFGLR.L R.HYTEAYWADVK.A R.EIHPNEIAQNQAR.S R.SELEFSWEGLGAALTR.L R.HATDEGESR.I R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L
YP_615395	Sala_0339	hypothetical protein	31.25%	2	R.KEMEAILDVK.S K.DLAFALQHVWIALSFVQRPEDVAEAR.R R.GDLGVELPPEAVPPLQK.R R.VHLPHPELFALEPDTR.L R.IDELELADAAMVAR.G R.ERPGAPLLVTPR.K K.GAAFMLDITDAPGDATR.V K.ETGRPTLLDLQGP.L R.KGVNVPDVPVPLAALTEK.D R.LLIDDKLVLR.V K.SVSAERITIVVGGK.I R.VNMSHGDHAGHAK.V R.ILATLGPASANAEMIAALHR.A K.GVNVDPVVPLAALTEK.D R.MGLLWGAHAVPTR.D R.IETIVEGK.I R.GDLGVELPPEAVPPLQKR.I R.DIGSFEEMIAK.G K.FEKSQVQRIDEILELADAAMVAR.G R.VNMSHGDHAGHAKVIAAIR.S R.SVEGDPDYFR.R R.AGADAFR.V R.LPEWVPR.F K.ALLLGYAIGK.L K.TYTVLSGLIRPLVESR.L R.TPGEHTLTPDQWR.A K.WLNSIYAGVDMPLDLLATR.G R.EWLTDSPGKVELFGSK.A R.RTFGEHTLTPDQWR.A R.LKGFAYEVTVR.R R.GTIVTNGAGINAITAEVVMGMLTVAK.G K.DMAAVITAATK.L R.RLETPEVHPGEAR.V K.TATITSEIEAILTR.R K.LVEEAVTDPFIQDNR.L R.LIATMDQIFGLR.L R.HYTEAYWADVK.A R.EIHPNEIAQNQAR.S R.SELEFSWEGLGAALTR.L R.HATDEGESR.I R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L
YP_615397	Sala_0341	Pyruvate kinase	53.31%	21	R.DLAFALQHVWIALSFVQRPEDVAEAR.R R.GDLGVELPPEAVPPLQK.R R.VHLPHPELFALEPDTR.L R.IDELELADAAMVAR.G R.ERPGAPLLVTPR.K K.GAAFMLDITDAPGDATR.V K.ETGRPTLLDLQGP.L R.KGVNVPDVPVPLAALTEK.D R.LLIDDKLVLR.V K.SVSAERITIVVGGK.I R.VNMSHGDHAGHAK.V R.ILATLGPASANAEMIAALHR.A K.GVNVDPVVPLAALTEK.D R.MGLLWGAHAVPTR.D R.IETIVEGK.I R.GDLGVELPPEAVPPLQKR.I R.DIGSFEEMIAK.G K.FEKSQVQRIDEILELADAAMVAR.G R.VNMSHGDHAGHAKVIAAIR.S R.SVEGDPDYFR.R R.AGADAFR.V R.LPEWVPR.F K.ALLLGYAIGK.L K.TYTVLSGLIRPLVESR.L R.TPGEHTLTPDQWR.A K.WLNSIYAGVDMPLDLLATR.G R.EWLTDSPGKVELFGSK.A R.RTFGEHTLTPDQWR.A R.LKGFAYEVTVR.R R.GTIVTNGAGINAITAEVVMGMLTVAK.G K.DMAAVITAATK.L R.RLETPEVHPGEAR.V K.TATITSEIEAILTR.R K.LVEEAVTDPFIQDNR.L R.LIATMDQIFGLR.L R.HYTEAYWADVK.A R.EIHPNEIAQNQAR.S R.SELEFSWEGLGAALTR.L R.HATDEGESR.I R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L
YP_615403	Sala_0347	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD-binding	43.31%	10	R.AGADAFR.V R.LPEWVPR.F K.ALLLGYAIGK.L K.TYTVLSGLIRPLVESR.L R.TPGEHTLTPDQWR.A K.WLNSIYAGVDMPLDLLATR.G R.EWLTDSPGKVELFGSK.A R.RTFGEHTLTPDQWR.A R.LKGFAYEVTVR.R R.GTIVTNGAGINAITAEVVMGMLTVAK.G K.DMAAVITAATK.L R.RLETPEVHPGEAR.V K.TATITSEIEAILTR.R K.LVEEAVTDPFIQDNR.L R.LIATMDQIFGLR.L R.HYTEAYWADVK.A R.EIHPNEIAQNQAR.S R.SELEFSWEGLGAALTR.L R.HATDEGESR.I R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L R.GGNATFSQTGTASIGDIR.V R.VDGSAAVIAEAANIR.I R.LSAGYVIVGGELDTPAVSAVAATVAAADTLFR.S R.SGVAGPQIDLQGTGIDASGDIAGR.I R.QJALNGTVNSYIGSTTGP.R R.IGTAGVTTALSLANNNANQTFIGGAPGGSVSGYR.I R.IGALFASGPIDASADAIR.I R.FVDASGGALGR.Q R.NDGIVLDEGALFAR.G R.IVWNGHLGAGGR.V R.GFTFAGGLDLVTEGASR.I R.AQWAAADPLLAYEFGGNTVGR.G R.AQALAEWRPK.L R.TPVTDFMAQNLGSR.D R.LGASYIYAWTRPDVTGLPIK.S R.LDDAPVFNIAAER.Y R.GDAGANEALLQR.Y R.EEIQRPPLPAAPPGER.I R.APNLWLLDVR.Q R.STGPSASYTGAAL.L R.GPNDPIAETR.A R.TLSGPGTFSATGNVQASQLSGSNVSR.M R.KWPTDVLVQYGVVDR.L
YP_615405	Sala_0349	cysteinyl-tRNA synthetase	38.71%	15	R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L R.GGNATFSQTGTASIGDIR.V R.VDGSAAVIAEAANIR.I R.LSAGYVIVGGELDTPAVSAVAATVAAADTLFR.S R.SGVAGPQIDLQGTGIDASGDIAGR.I R.QJALNGTVNSYIGSTTGP.R R.IGTAGVTTALSLANNNANQTFIGGAPGGSVSGYR.I R.IGALFASGPIDASADAIR.I R.FVDASGGALGR.Q R.NDGIVLDEGALFAR.G R.IVWNGHLGAGGR.V R.GFTFAGGLDLVTEGASR.I R.AQWAAADPLLAYEFGGNTVGR.G R.AQALAEWRPK.L R.TPVTDFMAQNLGSR.D R.LGASYIYAWTRPDVTGLPIK.S R.LDDAPVFNIAAER.Y R.GDAGANEALLQR.Y R.EEIQRPPLPAAPPGER.I R.APNLWLLDVR.Q R.STGPSASYTGAAL.L R.GPNDPIAETR.A R.TLSGPGTFSATGNVQASQLSGSNVSR.M R.KWPTDVLVQYGVVDR.L
YP_615406	Sala_0350	hypothetical protein	10.53%	11	R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L R.GGNATFSQTGTASIGDIR.V R.VDGSAAVIAEAANIR.I R.LSAGYVIVGGELDTPAVSAVAATVAAADTLFR.S R.SGVAGPQIDLQGTGIDASGDIAGR.I R.QJALNGTVNSYIGSTTGP.R R.IGTAGVTTALSLANNNANQTFIGGAPGGSVSGYR.I R.IGALFASGPIDASADAIR.I R.FVDASGGALGR.Q R.NDGIVLDEGALFAR.G R.IVWNGHLGAGGR.V R.GFTFAGGLDLVTEGASR.I R.AQWAAADPLLAYEFGGNTVGR.G R.AQALAEWRPK.L R.TPVTDFMAQNLGSR.D R.LGASYIYAWTRPDVTGLPIK.S R.LDDAPVFNIAAER.Y R.GDAGANEALLQR.Y R.EEIQRPPLPAAPPGER.I R.APNLWLLDVR.Q R.STGPSASYTGAAL.L R.GPNDPIAETR.A R.TLSGPGTFSATGNVQASQLSGSNVSR.M R.KWPTDVLVQYGVVDR.L
YP_615407	Sala_0351	Hemolysin activation/secretion protein-like protein	18.45%	7	R.AQWAAADPLLAYEFGGNTVGR.G R.AQALAEWRPK.L R.TPVTDFMAQNLGSR.D R.LGASYIYAWTRPDVTGLPIK.S R.LDDAPVFNIAAER.Y R.GDAGANEALLQR.Y R.EEIQRPPLPAAPPGER.I R.APNLWLLDVR.Q R.STGPSASYTGAAL.L R.GPNDPIAETR.A R.TLSGPGTFSATGNVQASQLSGSNVSR.M R.KWPTDVLVQYGVVDR.L
YP_615408	Sala_0352	hypothetical protein	53.54%	11	R.AYVFADTLGR.T K.AGKPEANHSIATDYVPMIEFAK.A K.LTHVINITDVGHITDDADAGEDKLEK.A K.AQSIWDIAR.H R.IWMHNNFLVER.S K.RHPADFAWR.K K.DFATSDK.L R.GGNATFSQTGTASIGDIR.V R.VDGSAAVIAEAANIR.I R.LSAGYVIVGGELDTPAVSAVAATVAAADTLFR.S R.SGVAGPQIDLQGTGIDASGDIAGR.I R.QJALNGTVNSYIGSTTGP.R R.IGTAGVTTALSLANNNANQTFIGGAPGGSVSGYR.I R.IGALFASGPIDASADAIR.I R.FVDASGGALGR.Q R.NDGIVLDEGALFAR.G R.IVWNGHLGAGGR.V R.GFTFAGGLDLVTEGASR.I R.AQWAAADPLLAYEFGGNTVGR.G R.AQALAEWRPK.L R.TPVTDFMAQNLGSR.D R.LGASYIYAWTRPDVTGLPIK.S R.LDDAPVFNIAAER.Y R.GDAGANEALLQR.Y R.EEIQRPPLPAAPPGER.I R.APNLWLLDVR.Q R.STGPSASYTGAAL.L R.GPNDPIAETR.A R.TLSGPGTFSATGNVQASQLSGSNVSR.M R.KWPTDVLVQYGVVDR.L





Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615441	Sala_0385	hypothetical protein	29.04%	7	R.YTRPSLGFESDDINDR.L K.IGGAGFTAPAR.V R.QFSATLVGVSPQHDLAVLK.I R.ASGIEGVFLR.V R.VPIGTSIDLQVGVNVAIGNPFGLDWTUTK.G R.AGLVAQR.T R.LAEWGADSWEEIFR.S R.TALLEEAVGALQPIFGAR.G R.VIASDHGVVDAGELK.I R.LYEITIGADQRRER.E K.VALDEMHVAGVVAALR.D R.ALDEIDIEFEK.V K.LPTGYPEAADIVDEAIMR.V K.GIGALFVDTLAQAR.S R.TPYFLPDQPTIAALGAAALR.G R.LNSSDAYGALR.L K.LGLTYPDPSAVVNDNPETPR.R K.ELSDLPLANVQDPDWLADD. R.DDADAIEHDINR.G R.NGAHNVHAHTTLR.K R.VDNADEEQR.A R.NDISLMADWNTVIEK.L K.NLLTRDDADAIEHDINR.G R.GGIAVFR.V R.EVVGIVYNNHNALEEMATQLVAAGVDR.N R.EVVGIVYNNHNALEEMATQLVAAGVDR.N R.KELSDPLANVQDPDWLADD. R.DDADAIEHDINRGGIAVFR.V K.NGVLTISIPQSAEAR.S R.DINALVDKFEK.I K.IGNLDPWQNEAK.S R.QPVSNAEQEEAHSKLR.D K.ADLKNGVLTISIPQSAEAR.S R.SENRPPQVSNAEQEEAHSKLR.R R.QEEKQVFLSER.A R.AIPLPGLDTPDAKADLK.N R.QPVSNAEQEEAHSKLR.R R.AIPLPGLDTPDAK.A K.IKDLVPWTR.S
YP_615442	Sala_0386	phospholipase D/Transphosphatidylase	9.64%	3	R.PSVSMQEEELQHIEFVSTAYER.S K.IFDPPKTDASMR.D R.YSNGILFAAGLSDADKPR.K R.IYRDPFEILR.K R.ERSYGFTR.A R.AVTLPRIDPENVEAR.Y K.ENLISISGER.A R.TGGAAIIVAEEMPGINPQK.V R.LLTLGSFAPGSYK.Q R.CVVPDAEEIGDQATSDLLVSR.I K.QFAQLTSLDPVDPSPPEAMEMVSLLMK.G K.SVESEVLPEEEGDLQDR.L K.NGENEDGSPSAVGK.S R.AIAEAENAR.K R.RAINDALLK.A R.AINDALLK.A
YP_615443	Sala_0388	hypothetical protein	65.73%	12	K.TQTYSTADDNQQAVTIR.V K.STNGDTFLGGEDFDSAVVEYLDSFK.K R.NQADSLVHATEK.Q K.YSPQVSAFILQK.M K.TALEGDDHDAIMAK.A R.IQASGGLSEADIDQMVR.D R.IINEPTAALAYGLDKDEGK.T K.STNGDTFLGGEDFDSAVVEYLDSFK.K K.IVEGPNDAWVEAAGEK.Y K.QLEEHGDKIDADTK.A K.IELSSAAQTEINLPFITAR.M K.AVITVPAYFNDAQR.Q K.VREVVEDFGK.K K.IVEGPNDAWVEAAGEKYSQVSAFILQK.M K.VIENSEGAR.T R.QAVINPDNTLFAIKR.L K.EQASAGSADAGR.A R.MEGGTTPLHLVQTVTR.S K.AAVEAAIAETK.T K.MGQIYEKEQASAAGSADAGR.A K.KTQTYSTADDNQQAVTIR.V K.GAIDEVILVGGMTR.M R.GVPQIEVFFDIDANGIVNVSAG.D K.MKETAEYLGEK.V K.AMADAGIDKGAIDEVILVGGMTR.M R.QAVINPDNTLFAIKR.L K.AKIELSSAAQTEINLPFITAR.M R.IAGLEVER.I K.AQALTDAAAMK.M R.TDKLALQR.L K.MGQIYEK.E K.DMELVPYK.I R.TTSPSIVAFTK.D R.MEGGTTPLHLVQTVTR.S R.EVVEFFGK.K R.AAGSEASDDEEVDAEFSEVDDDKD. K.MKETAEYLGEKVEK.A K.MGQIYEKEQASAAGSADAGR.A K.AQALTDAAAMK.M R.SELEKLVGLIKR R.RFDPTTKK.D R.REAAEAR.N R.IQASGGLSEADIDQMVR.D K.LVDGLIKR.T K.FAEEDKK.R
YP_615444	Sala_0389	heat shock protein Hsp20	73.49%	11	R.NRPAIDALPER.I R.FAETVQVDLSDAEQR.A R.GSDVLYAVNVPFENIATAKPFAINLDGGEQLEVK.I R.YDRGEIDEHGNPR.A R.APYGFEDFQGHGPFSGGGPFR.S R.SAQDGATSFHFGSDSEELGDFADLFR.G R.WDEAVLGAK.V R.LHWDLFONDKSLAEAWAK.E K.VRVPTIDGPIMLTPVK.G R.GSDVLYAVNVPFENIATAK.P R.YGVQGVPAIIFK.N K.ALFNPGSPVDLLGQR.F R.AMAPSFAQVTAIEPR.A K.VDIDKAPELAR.Y R.FQPVYIDEPSVEDTISILR.G K.AGELSYTIPSEK.Q R.LIGAPPYGVYEGGVLTEAVR.R R.VIGQQAVQAVSK.A K.SLEAVIQEVTGGR.T K.GFLQSAQTVAVR.M R.LLDQAEQAK.K R.TADSASAEESYDALKK.Y R.GELHVIGATTLDEYQK.Y R.ILQAMALSDSTDAK.A R.GANETALLREEVTEEDIASVVS.R.W K.KAGDSFVQVR.I K.AHDQVFNVLQVLDLDDGR.L R.LELEQAR.A K.NNPVLIQDPGVGK.T R.RVIGQQAVQAVSK.A
YP_615446	Sala_0390	heat shock protein Hsp20	26.92%	2	R.PSVSMQEEELQHIEFVSTAYER.S K.IFDPPKTDASMR.D R.YSNGILFAAGLSDADKPR.K R.IYRDPFEILR.K R.ERSYGFTR.A R.AVTLPRIDPENVEAR.Y K.ENLISISGER.A R.TGGAAIIVAEEMPGINPQK.V R.LLTLGSFAPGSYK.Q R.CVVPDAEEIGDQATSDLLVSR.I K.QFAQLTSLDPVDPSPPEAMEMVSLLMK.G K.SVESEVLPEEEGDLQDR.L K.NGENEDGSPSAVGK.S R.AIAEAENAR.K R.RAINDALLK.A R.AINDALLK.A
YP_615447	Sala_0391	heat shock protein Hsp20	58.87%	6	K.TQTYSTADDNQQAVTIR.V K.STNGDTFLGGEDFDSAVVEYLDSFK.K R.NQADSLVHATEK.Q K.YSPQVSAFILQK.M K.TALEGDDHDAIMAK.A R.IQASGGLSEADIDQMVR.D R.IINEPTAALAYGLDKDEGK.T K.STNGDTFLGGEDFDSAVVEYLDSFK.K K.IVEGPNDAWVEAAGEK.Y K.QLEEHGDKIDADTK.A K.IELSSAAQTEINLPFITAR.M K.AVITVPAYFNDAQR.Q K.VREVVEDFGK.K K.IVEGPNDAWVEAAGEKYSQVSAFILQK.M K.VIENSEGAR.T R.QAVINPDNTLFAIKR.L K.EQASAGSADAGR.A R.MEGGTTPLHLVQTVTR.S K.AAVEAAIAETK.T K.MGQIYEKEQASAAGSADAGR.A K.KTQTYSTADDNQQAVTIR.V K.GAIDEVILVGGMTR.M R.GVPQIEVFFDIDANGIVNVSAG.D K.MKETAEYLGEK.V K.AMADAGIDKGAIDEVILVGGMTR.M R.QAVINPDNTLFAIKR.L K.AKIELSSAAQTEINLPFITAR.M R.IAGLEVER.I K.AQALTDAAAMK.M R.TDKLALQR.L K.MGQIYEK.E K.DMELVPYK.I R.TTSPSIVAFTK.D R.MEGGTTPLHLVQTVTR.S R.EVVEFFGK.K R.AAGSEASDDEEVDAEFSEVDDDKD. K.MKETAEYLGEKVEK.A K.MGQIYEKEQASAAGSADAGR.A K.AQALTDAAAMK.M R.SELEKLVGLIKR R.RFDPTTKK.D R.REAAEAR.N R.IQASGGLSEADIDQMVR.D K.LVDGLIKR.T K.FAEEDKK.R
YP_615450	Sala_0395	Ferritin and Dps	37.89%	3	R.NRPAIDALPER.I R.FAETVQVDLSDAEQR.A R.GSDVLYAVNVPFENIATAKPFAINLDGGEQLEVK.I R.YDRGEIDEHGNPR.A R.APYGFEDFQGHGPFSGGGPFR.S R.SAQDGATSFHFGSDSEELGDFADLFR.G R.WDEAVLGAK.V R.LHWDLFONDKSLAEAWAK.E K.VRVPTIDGPIMLTPVK.G R.GSDVLYAVNVPFENIATAK.P R.YGVQGVPAIIFK.N K.ALFNPGSPVDLLGQR.F R.AMAPSFAQVTAIEPR.A K.VDIDKAPELAR.Y R.FQPVYIDEPSVEDTISILR.G K.AGELSYTIPSEK.Q R.LIGAPPYGVYEGGVLTEAVR.R R.VIGQQAVQAVSK.A K.SLEAVIQEVTGGR.T K.GFLQSAQTVAVR.M R.LLDQAEQAK.K R.TADSASAEESYDALKK.Y R.GELHVIGATTLDEYQK.Y R.ILQAMALSDSTDAK.A R.GANETALLREEVTEEDIASVVS.R.W K.KAGDSFVQVR.I K.AHDQVFNVLQVLDLDDGR.L R.LELEQAR.A K.NNPVLIQDPGVGK.T R.RVIGQQAVQAVSK.A
YP_615456	Sala_0401	GrpE protein	28.65%	5	R.NRPAIDALPER.I R.FAETVQVDLSDAEQR.A R.GSDVLYAVNVPFENIATAKPFAINLDGGEQLEVK.I R.YDRGEIDEHGNPR.A R.APYGFEDFQGHGPFSGGGPFR.S R.SAQDGATSFHFGSDSEELGDFADLFR.G R.WDEAVLGAK.V R.LHWDLFONDKSLAEAWAK.E K.VRVPTIDGPIMLTPVK.G R.GSDVLYAVNVPFENIATAK.P R.YGVQGVPAIIFK.N K.ALFNPGSPVDLLGQR.F R.AMAPSFAQVTAIEPR.A K.VDIDKAPELAR.Y R.FQPVYIDEPSVEDTISILR.G K.AGELSYTIPSEK.Q R.LIGAPPYGVYEGGVLTEAVR.R R.VIGQQAVQAVSK.A K.SLEAVIQEVTGGR.T K.GFLQSAQTVAVR.M R.LLDQAEQAK.K R.TADSASAEESYDALKK.Y R.GELHVIGATTLDEYQK.Y R.ILQAMALSDSTDAK.A R.GANETALLREEVTEEDIASVVS.R.W K.KAGDSFVQVR.I K.AHDQVFNVLQVLDLDDGR.L R.LELEQAR.A K.NNPVLIQDPGVGK.T R.RVIGQQAVQAVSK.A
YP_615457	Sala_0402	Chaperone DnaK	70.76%	46	R.NRPAIDALPER.I R.FAETVQVDLSDAEQR.A R.GSDVLYAVNVPFENIATAKPFAINLDGGEQLEVK.I R.YDRGEIDEHGNPR.A R.APYGFEDFQGHGPFSGGGPFR.S R.SAQDGATSFHFGSDSEELGDFADLFR.G R.WDEAVLGAK.V R.LHWDLFONDKSLAEAWAK.E K.VRVPTIDGPIMLTPVK.G R.GSDVLYAVNVPFENIATAK.P R.YGVQGVPAIIFK.N K.ALFNPGSPVDLLGQR.F R.AMAPSFAQVTAIEPR.A K.VDIDKAPELAR.Y R.FQPVYIDEPSVEDTISILR.G K.AGELSYTIPSEK.Q R.LIGAPPYGVYEGGVLTEAVR.R R.VIGQQAVQAVSK.A K.SLEAVIQEVTGGR.T K.GFLQSAQTVAVR.M R.LLDQAEQAK.K R.TADSASAEESYDALKK.Y R.GELHVIGATTLDEYQK.Y R.ILQAMALSDSTDAK.A R.GANETALLREEVTEEDIASVVS.R.W K.KAGDSFVQVR.I K.AHDQVFNVLQVLDLDDGR.L R.LELEQAR.A K.NNPVLIQDPGVGK.T R.RVIGQQAVQAVSK.A
YP_615458	Sala_0403	histidine kinase	36.16%	7	R.NRPAIDALPER.I R.FAETVQVDLSDAEQR.A R.GSDVLYAVNVPFENIATAKPFAINLDGGEQLEVK.I R.YDRGEIDEHGNPR.A R.APYGFEDFQGHGPFSGGGPFR.S R.SAQDGATSFHFGSDSEELGDFADLFR.G R.WDEAVLGAK.V R.LHWDLFONDKSLAEAWAK.E K.VRVPTIDGPIMLTPVK.G R.GSDVLYAVNVPFENIATAK.P R.YGVQGVPAIIFK.N K.ALFNPGSPVDLLGQR.F R.AMAPSFAQVTAIEPR.A K.VDIDKAPELAR.Y R.FQPVYIDEPSVEDTISILR.G K.AGELSYTIPSEK.Q R.LIGAPPYGVYEGGVLTEAVR.R R.VIGQQAVQAVSK.A K.SLEAVIQEVTGGR.T K.GFLQSAQTVAVR.M R.LLDQAEQAK.K R.TADSASAEESYDALKK.Y R.GELHVIGATTLDEYQK.Y R.ILQAMALSDSTDAK.A R.GANETALLREEVTEEDIASVVS.R.W K.KAGDSFVQVR.I K.AHDQVFNVLQVLDLDDGR.L R.LELEQAR.A K.NNPVLIQDPGVGK.T R.RVIGQQAVQAVSK.A
YP_615459	Sala_0404	heat shock protein DnaJ-like protein	50.00%	9	R.NRPAIDALPER.I R.FAETVQVDLSDAEQR.A R.GSDVLYAVNVPFENIATAKPFAINLDGGEQLEVK.I R.YDRGEIDEHGNPR.A R.APYGFEDFQGHGPFSGGGPFR.S R.SAQDGATSFHFGSDSEELGDFADLFR.G R.WDEAVLGAK.V R.LHWDLFONDKSLAEAWAK.E K.VRVPTIDGPIMLTPVK.G R.GSDVLYAVNVPFENIATAK.P R.YGVQGVPAIIFK.N K.ALFNPGSPVDLLGQR.F R.AMAPSFAQVTAIEPR.A K.VDIDKAPELAR.Y R.FQPVYIDEPSVEDTISILR.G K.AGELSYTIPSEK.Q R.LIGAPPYGVYEGGVLTEAVR.R R.VIGQQAVQAVSK.A K.SLEAVIQEVTGGR.T K.GFLQSAQTVAVR.M R.LLDQAEQAK.K R.TADSASAEESYDALKK.Y R.GELHVIGATTLDEYQK.Y R.ILQAMALSDSTDAK.A R.GANETALLREEVTEEDIASVVS.R.W K.KAGDSFVQVR.I K.AHDQVFNVLQVLDLDDGR.L R.LELEQAR.A K.NNPVLIQDPGVGK.T R.RVIGQQAVQAVSK.A
YP_615460	Sala_0405	thioredoxin	37.67%	4	R.NRPAIDALPER.I R.FAETVQVDLSDAEQR.A R.GSDVLYAVNVPFENIATAKPFAINLDGGEQLEVK.I R.YDRGEIDEHGNPR.A R.APYGFEDFQGHGPFSGGGPFR.S R.SAQDGATSFHFGSDSEELGDFADLFR.G R.WDEAVLGAK.V R.LHWDLFONDKSLAEAWAK.E K.VRVPTIDGPIMLTPVK.G R.GSDVLYAVNVPFENIATAK.P R.YGVQGVPAIIFK.N K.ALFNPGSPVDLLGQR.F R.AMAPSFAQVTAIEPR.A K.VDIDKAPELAR.Y R.FQPVYIDEPSVEDTISILR.G K.AGELSYTIPSEK.Q R.LIGAPPYGVYEGGVLTEAVR.R R.VIGQQAVQAVSK.A K.SLEAVIQEVTGGR.T K.GFLQSAQTVAVR.M R.LLDQAEQAK.K R.TADSASAEESYDALKK.Y R.GELHVIGATTLDEYQK.Y R.ILQAMALSDSTDAK.A R.GANETALLREEVTEEDIASVVS.R.W K.KAGDSFVQVR.I K.AHDQVFNVLQVLDLDDGR.L R.LELEQAR.A K.NNPVLIQDPGVGK.T R.RVIGQQAVQAVSK.A
YP_615461	Sala_0406	ATPase AAA-2	71.23%	61	R.NRPAIDALPER.I R.FAETVQVDLSDAEQR.A R.GSDVLYAVNVPFENIATAKPFAINLDGGEQLEVK.I R.YDRGEIDEHGNPR.A R.APYGFEDFQGHGPFSGGGPFR.S R.SAQDGATSFHFGSDSEELGDFADLFR.G R.WDEAVLGAK.V R.LHWDLFONDKSLAEAWAK.E K.VRVPTIDGPIMLTPVK.G R.GSDVLYAVNVPFENIATAK.P R.YGVQGVPAIIFK.N K.ALFNPGSPVDLLGQR.F R.AMAPSFAQVTAIEPR.A K.VDIDKAPELAR.Y R.FQPVYIDEPSVEDTISILR.G K.AGELSYTIPSEK.Q R.LIGAPPYGVYEGGVLTEAVR.R R.VIGQQAVQAVSK.A K.SLEAVIQEVTGGR.T K.GFLQSAQTVAVR.M R.LLDQAEQAK.K R.TADSASAEESYDALKK.Y R.GELHVIGATTLDEYQK.Y R.ILQAMALSDSTDAK.A R.GANETALLREEVTEEDIASVVS.R.W K.KAGDSFVQVR.I K.AHDQVFNVLQVLDLDDGR.L R.LELEQAR.A K.NNPVLIQDPGVGK.T R.RVIGQQAVQAVSK.A

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.TLMALDMGALIAGAK.Y R.LDEILFHR.L R.AGGSPPAIGEVK.A K.LLAGEILDSSTVK.V K.ALHKFPVAVSGGAQTPPALDND SAR.L K.IKEQLDLAR.L K.FPAVSGGAQTPPALDND SAR.L K.ALQAAVNAK.S K.ALAEFMFGDER.A K.ALLEDEEGMAAQLQR.A R.TKNNPVLIGDPGVGK.T R.IANGDVPDSLKGR.T R.YLQDPLAEK.L K.AHQDVFVNLVQLDDGRLLTDGQGR.V K.YELHHGVNITDSATVAQAQLSDR.Y K.VDEGEGLVFPVPSQI. K.ITLDTLEGAR.N K.AGDSFVIVQR.I R.TADSASAEESYDALK.K R.SHFRPEFLNR.L R.RFQPVYIDEPSVEDTISILR.G R.LLDQAEQLAK.A R.KITLDTLEGAR.N R.IDMSEFMEK.H R.EEVTEDIASVSR.W K.YVEKDAALQR.R R.LSQEHMAPIVDIQVK.R R.IANGDVPDSLK.G K.ELAELEQK.S R.WQNERDK.I R.ILQAMALSDSTDAK.A K.NSDGQIILFIDEMHTLIGAGASEGSDANLLKPALSR.G R.WQNERDKIQAEAK.I R.VVDFTSNTLILITSLNLSGQFLSNLTDQK.V R.TLMALDMGALIAGAK.Y R.MEVESKPEEIEIENLDRR.I R.MEVESKPEEIEIENLDR.R R.LSQEHMAPIVDIQVK.R R.LKAVIDEVK.N R.KELAELEQK.S R.DGKLDPVIGRDEEIRR.T K.SSELTTR.W K.LLAGEILDGSTVKVDEGEGLVFPVPSQI. K.ALLEDEEGMAAQLQR.A K.AGELSYGTIPSLEKQLEEAR.G K.GYDDNIEAVLIVDK.E R.HILSFREFK.L K.GYDDNIEAVLIVDK.E K.EAVSALDETQAISAIDAGNNK.G R.TSNLPLGTYDAIKR.A R.AAALLDEQKPEAK.L R.TEQDNQIAAELEQK.A K.ALSDRIEDLDEGR.L K.ENRTEQDNQIAAELEQK.A K.AADQGEASASATDQQAAGATAEDQVQLGTLK.E R.EPNLALPANSVIEHVDLATPGDVK.A K.DLDDLQDAIKELER.E K.AREQIEMAQALGYATK.K K.EAVSALDETQAISAIDAGNNKGAIDALAR.A R.EQIEMAQALGYATK.K R.TSNLPLGTYDAIKR.A K.GAIDALAR.A K.LVLLNALSTIVTETVPLPIVR.A K.ELERETGGGNAATR.L R.LMEGLASEMVR.T R.ATGKLEILTR.E K.KDLDLQDAIK.E R.RLMEGLASEMVR.T R.IEDLDEGR.L K.DLDDLQDAIK.E K.LEILTR.E R.EQIEMAQALGYATK.D R.AEASVEAAR.V R.EAVQPTKN. R.IEDLDEGRLEAAR.R K.KDLDLQDAIKELER.E K.ALSDRIEDLDEGRLEAAR.R R.VAAKENV.T R.AEASVEAARVAAK.E K.LEILTR.E K.KDLDLQDAIKELERETGGGNAATR.L K.DLDDLQDAIKELERETGGGNAATR.L K.AREQIEMAQALGYATK.D K.AREQIEMAQALGYATK.K K.ADDTGVQPAS. R.AAKADDTGVQPAS. R.DVFTGWITNDPPYR.H R.EKEFDVDEALLEFPASDPFAFTGATIG. R.VQPPDRDSALFAER.Q R.STLQGHRRPOPWYLFPEAR.R R.GSDAPGNWPIR.W K.EVEEQDQGNK.A K.EAETAYDQSR.G R.TRLEADLAAAQK.T R.HPELIDIDSPGAEVSDIDLALLGELQTIK.E R.SLSTMHMGKR.R R.AEIKALLDTPDR.T R.GALIVGAGDPYVELAQAQ.Y R.YAAATGTLTVIDGAGHWAIAERPAGVAAAALR.A R.SWAINAVIESDYR.G K.QAEALFAAHGPDIDVHWDWGALIAQR.V K.GLSFAQDWALDIPK.L R.TLAEHNAVQK.W R.LQADPTIYPIIR.G R.AGEILEEAGLVSAFNR.N R.LTGEIPVPAEGSVLPDSYAFFTTGESR.A R.FFGSEPIKPGYK.I R.ASIAAVLDPEANDYLFVVAR.G K.ALVETPLPSDQFGEGITR.W K.RLFTVGK.Y R.VGDVEQGFNAATDVYENK.A R.AAVEEIVGPGGTTALLYATK.A K.GVDILADAVK.V R.QJANAGHDGAVVAGNLLR.V R.GYLSPYFTNPEK.M R.AQIETTSSDYDREK.L K.ANDKAGDGTATTVLAQAIVR.E R.VTIDKNTTIVDAGDAEAIK.G R.AQIETTSSDYDR.E K.EGVITVEEAK.G K.AMLQDJALTK.G R.STPVSGSSEIAQVGIISANGDVEVGEK.I K.ALEGLKANDDQTR.G K.AAGVIDPTK.V K.MIVELTDPYLIFEK.K K.LENVTLNMLGQAK.R K.I.SNLQSMPLFAVQVSGR.P K.LAGGVAVIK.V K.GEMISEDLGIKLENTLNMLGQAK.R K.DKFENMGAQMLR.E K.MIVELTDPYLIFEK.L R.GIDLAVTK.V K.VGKEGVTVEEAK.G R.KAMLQDAIILTK.G K.SVAAGMNPMDLKR.R K.SVAAGMNPMDLKR.G K.GEMISEDLGIK.L
YP_615463	Sala_0408	hypothetical protein	20.44%	3	
YP_615464	Sala_0409	hypothetical protein	92.13%	36	
YP_615465	Sala_0410	hypothetical protein	6.31%	2	
YP_615467	Sala_0412	hypothetical protein	48.89%	5	
YP_615484	Sala_0430	hypothetical protein	10.12%	4	
YP_615494	Sala_0440	phage integrase	7.49%	2	
YP_615500	Sala_0446	alpha/beta hydrolase fold	41.67%	5	
YP_615502	Sala_0448	aminodeoxychorismate lyase	32.37%	6	
YP_615505	Sala_0451	glutamine cyclotransferase	9.80%	2	
YP_615506	Sala_0452	chaperonin GroEL	84.28%	71	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.GLEFELDVVEGMQFDR.G K.DNTTIVDGAGDAEAIK.G R.PLLIADIEDIEGEALTLVNR.L K.KLSNLQSMPLILEAVVQSGR.P R.STPVSSSEIAQVGIISANGDVEVGEKIAEAMEK.V R.TALQDAASVAGLLITTEAAVSELPEDK.P K.RGIDLAVTK.V R.IKGVLDLADAVK.V K.VVEDLAKR.S K.DNTTIVDASGDAEAIKGR.V R.ITKDGVSVAK.E R.NVVIDKSFAGPR.I R.NVVIDK.S K.GEMISEDLGIKLENVTNMLGQAK.R R.KAIEIPLR.Q K.GRVEQIR.A R.VTIDKNTTIVDGAGDAEAIKGR.V R.KAMLQDIALTK.G K.SVAAGMNPMDLKR.G K.RVTIDKNTTIVDGAGDAEAIKGR.V K.RVTIDKNTTIVDGAGDAEAIK.G K.MIVELTDPYLLIFEKK.L K.MIVELTDPYLLIFEKK.K K.LSNLQSMPLILEAVVQSGR.P K.LENVTNMLGQAK.R K.KLSNLQSMPLILEAVVQSGR.P K.GLEFELDVVEGMQFDR.G K.GEMISEDLGIKLENVTNMLGQAK.R K.GEMISEDLGIKLENVTNMLGQAK.R K.EIELKDKFENMGAQMLR.E K.EIELKDKFENMGAQMLR.E K.DKFENMGAQMLR.E K.DKFENMGAQMLR.E K.AMLQDIALTK.G R.VGDEVEGFMNAATDVYENLKAAGVIDPTK.V K.VVEDLAKR.S K.SVAAGMNPMDLKR.G K.SVAAGMNPMDLKR.R K.SVAAGMNPMDLKR.R K.IAEAMEK.V K.GEMISEDLGIK.L K.EIELKDKFENMGAQMLR.E K.AIETPQIAANAGHDGAVVAGNLLR.V K.AAGVIDPTKVVR.T K.EKPEGEVSVGTGAR.A R.ADDGKVTPLDVK.A K.TAGGIIIPDTAK.E R.IEAEEKTAGGIIIPDTAK.E K.WSGTEVKVDGEELLIMK.E K.VDGEELLIMKESDILGVIA. K.VDGEELLIMK.E
YP_615507	Sala_0453	chaperonin Cpn10	86.32%	7	R.ETGGRPVLLHGLFSSGEVNWIK.F R.LLLGGMGLAGAGWQR.R R.LATIPGTHMSSVTEPALGEAIAAFLTA. R.DVEDLV AHLGLVDFDLGGFSLGAR.T K.RGDDTWLSIQFMK.T R.LATIPGTHMSSVTEPALGEAIAAFLTA. R.VHGSSDAPHDAQHYPPDVLVR.D R.AIAEYETAK.R R.TGLVLPPTTPGAATELNR.I K.VAFLPFGLLIDR.W K.IGENFYSLGMAPLPTDFWK.R R.IATDLQSQYGGK.G R.WGVFDGTIQPADYNK.A K.VPSADKDLGILLR.Q K.WNADDVPIHHELGHNYYQR.A K.YSDVRLSAETK.R K.YGDAVQPK.T K.EIAGSDIEAEMGNLER.T K.ELGFADTGAMWR.S R.YQGVPPAARPAADFADAGAK.Y R.TPVELAEHWTSWHDNVGAPMK.Q R.PADAFDAGAK.Y K.YSDVPLSAETK.R K.AMADYFAPLKK.W K.IWQDMKPLYVALHTYVR.W R.YQGVPPAAR.P R.SGYDMPPEEFAR.L K.LNAMLEMGASKPWPDALEAFTGK.R R.TRYQGVPPAAR.P R.MVAIANAGAK.E K.YHIPGNTPYTR.Y R.TPVELAEHWTSWHDNVGAPMKQDYAR.M R.TPVELAEHWTSWHDNVGAPMK.Q R.SMFTKPADR.E R.INAVGTEK.A R.ILQFQYEAACR.Q R.GTLNGKEIAGSDIEAEMGNLER.T K.WLDEQNK.G K.LNAMLEMGASKPWPDALEAFTGK.R.E K.IGENFYSLGMAPLPTDFWK.R K.ELGFADTGAMWR.S K.DLFDYTVAAQVWVWNTYITEDTDAMAAR.I R.MVAIANAGAK.E R.EVCHASAWNIDNKDDIR.I K.YALEAAK.Y K.LNEKYGDAVQPK.T K.IWQDMKPLYVALHTYVR.W K.AMADYFAPLKK.W R.IAKPIDVEFEAVADPAK.L R.TLVEISEEGWR.E R.IVLEWQASEGEAPNVEGELADADYR.T K.AWIEHGINLR.A R.SFPIEIAADGAGNVR.M K.SFTLYGPVAVGPGDSYR.V K.LVSNVLTDIVPGR.S R.FSQDITGEADKNSAAVPLR.Y R.FIATTVPGMSAASAVQLNGIVAIAK.G K.GYDILAAEQSGETMLIEQPQTGK.S R.FSQDITGEADK.N K.AGEALAAK.G R.LDYGLSLVWLK.D K.GQGPYALQLKPGK.H K.HAELTGTFRDLVGLSLVWLK.D R.FIATTVPGMSAASAVQLNGIVAIAK.G K.SFTLYGPVAVGPGDSYRVEWKL.L R.IDVQELLATR.L R.EHWFALVVVDEAQMFPASASGDVSDTVR.R R.AVAVEPEPEVAAGELLER.I K.TSIEIGTDAAGQDVR.I R.SIGIPELGLSTEA.E R.GLAGALATQR.L R.GHFLGLGPAISR.R K.VPLDLAAR.F R.FGDFYFVSSTER.Y R.ALYETLLGSSAGPR.M R.VLGGVAVAGDAATYPELLDR.L R.HNQDILDIMLPTLR.A R.LGNPVHHVHVAR.G R.GTYPAEQPKR.L R.AATYSPVLPVSPK.S K.SGIVLQVPVTVDAEAGLVSFEDEGETTTHSILR.G K.DLTDGVSQSGK.I R.RAVETLGGAPTR.L R.GQDVPTVLPVTVYLLNLVGMGADASK.E R.YTSGAFDEALK.N R.MGSFIALFGVENTR.R
YP_615509	Sala_0455	alpha/beta hydrolase fold	53.60%	8	
YP_615510	Sala_0456	Peptidyl-dipeptidase A	65.85%	40	
YP_615512	Sala_0458	hypothetical protein	40.00%	4	
YP_615513	Sala_0459	hypothetical protein	58.97%	13	
YP_615515	Sala_0461	ATPase	23.98%	8	
YP_615517	Sala_0463	lysyl-tRNA synthetase	82.55%	33	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.PGGAPVLFETGYGSPGLPHIGTFNEVLR.T R.AYETLTGGAPTR.L R.LIDNAMAYNR.D K.AVDEVLQMR.G R.LAALPADASADDIQNVVEIGKDEAHGFNDLR.D R.YPEGKPGGAPVLFETGYGSPGLPHIGTFNEVLR.T R.LVAFSDMDGLR.K R.YTSGAFDEALKNVLR.H R.RKPGGEEVAALR.E R.LVAFSDMDGLR.K R.LAALPADASADDIQNVVEIGK.D R.KPEGLIYEMFLDEKGEK.I K.NGLSMEEWLTYSSESLAFYAYREP.K.A R.WVALGVDEMYGKDLTDSGVQSGK.I R.PLTAPDPFGKYESFAHNNAMLR.E R.KVFDNVNPGAMLR.E R.KPEGLIYEMFLDEKGEK.I K.VPDNVNPGAMLR.E K.SKGNLSMEEWLTYSSESLAFYAYR.E K.AVDEVLQMR.G R.ILVTHGDTMVTGR.V K.TVLTGANQFASVR.A R.AVAASDAAR.I R.NAVILAHYQKPEIQDLADFGDSLELSR.K R.MLEMASGTVGK.G R.DLSLGLDLR.A K.ALSDIITSSAETIISQIPPEQK.I R.IEMDEFLR.L K.SFGDTLIVATEPHIHHQELALPEK.T R.HLGGYMNK.K K.GDTLIVATEPHIHHQELALPEK.T R.KAAETDAEVIACGKVF.F R.DMLLWPGCIVHEAFSETELLK.L R.VLVEPQWVDAGQTLAVIDR.S K.VGTVSDAGVSIASGLTNER.V R.VAQADANLAQAEER.A R.VVTLGAFNLVGDVTKVPLQK.S R.VAQQAQAEAR.A R.QVEPGQIVGAGSVLFR.M R.LNIVAPAAGLVLR.Q R.EMPVGVAGEGQVER.V R.VAQADANLAQAEERAEALVSR.G R.LVSGTAEPLLPESAVQSGPEYVVLVKG.D R.GAADAGGEEATVPNTITVIPGR.V R.ATVTPVGTVEIPQVWQVSPVINDMTR.Q R.SVQSQQAASLAQR.V R.GGEMHLAQMAEADLAR.V R.DAANAR.V R.SLDPLDGLLEPQVVR.V R.AYNDVQAIQSR.S R.VVVSQGAAPTELEQTQTR.V R.VNFQSQGGFSGR.D R.SJATENLVPPTS.R.G R.VLGNAGSAFQLGETR.I K.VTDGYAEQR.N R.IATLGDIDQNAK.F R.TEAGSEQAVR.V R.DITFVIGDDPVALER.H R.IEGDIPREIIVNPR.M R.LLSWTLDSK.Q R.IVIGADLAPGLVTGDAQK.K K.KIDALPSIK.T K.AVAEIGFAGGPTLR.R R.RIVIGADLAPGLVTGDAQK.K R.MQSYGLTASVQQLR.Q K.DRPVTSIEWER.S R.MDLAELGVTTAALSQTR.I K.VDFTLFTR.T K.GASDVVHDETMK.K R.MDLAELGVTTAALSQTR.I K.MAIPDAK.V R.FLITNLLPR.L R.IIADGLGALDQQR.L R.ELDVAPLGGALQALAEGR.H R.WLDGLWEQGR.A K.TITDRLENAGDDLQYR.I R.LENAVGGDLQYR.I K.LISEAVDETHPLR.L R.FTGLDESISR.I K.TLELNEHLIHMVHNSNAIVR.F K.MALDLQHDPEVK.A R.ADSIAFGDETVLAALR.T R.NAADAASVALR.G R.YEALQQLHDLTVAASVSGK.D R.WYEQAGTR.L R.AIEDGAGIDLQFR.R R.GFSAPVIVDFAR.A R.TTDGAPALLR.G R.APGELAWLAHDDPPFAR.Y R.ALNGALTNQAAPHQADGAGYR.L R.GDYRPPPEWQVDFVALDFALGIEETR.V K.DRDPQTVIDAVAQTLVSR.A R.GVALAYLAATGMDAAALAFR.V R.FAVRPALSVNR.G R.VFSQADGIMTR.Q R.VDGEVWINDWR.M R.AILDGAAPPATDLR.G R.ALAQHPDFTLTPNR.V R.VSAALSVQR.T R.ILAQGLSR.D R.WDEEYGR.E R.LAFAFMDGSAHLADTLVTSIGATQR.I R.AHALDIFQR.Y R.AAQFPEDAGPLAHPDPFSFQESINFYATVYNK.G R.QAALATLAHSDSER.A R.MDGSLLVLDGER.T R.LIADLVIALDPK.N R.ITFHPDRPDVLSR.Y R.GDGLTFAVR.V K.GLNIFNTR.Y R.YRDNPLVLDK.W R.LALQAAGAASEWR.A R.DWFQLSK.E R.AADPAFVAEVLVLPSEAFIGDQMLTVDPDAIR.R K.WFQVQAVSVRPTVDVAVR.A K.ILSLVEAAGQWSLDIVQVTPPTPGPEK.Q R.IPVQDDASIAVQDAQWVEAPQR.L R.TAADAATLTLIPTAPQK.L R.SNEALVYQAMLVSAGGK.T R.LVSETVAAR.T K.VEAKVYGEALTR.A R.TTRIPVQDDASIAVQDAQWVEAPQR.L R.LAELADDENQASIR.G K.GAQVQFSGVPSQVQR.E R.VGGELIINTAPQLQR.L R.GILNNVEASTAILAR.N K.TLEGAIDARPLK.T R.TSASLSLTDKLDQAGAGAVLGSK.L R.IAIQQTGIAAEQIGNLAAAQGTIDR.N R.EIALWPPDPQFVR.V K.TFSETTIPEANALIR.D R.VRIEVNEGVPVLTGTAALLEGVGTGVSQISLDGAVK.G R.ALALDPAFLDPTAGLDPGAAK.F R.SIGLQTFAGEIEVYK.T R.LLDLASDKSEYR.V R.ADFHESEGADGVEVR.F R.FADEAVATPSR.G
YP_615518	Sala_0464	asparaginase	24.38%	3	
YP_615521	Sala_0467	quinolinate synthetase complex, A subunit	46.50%	10	
YP_615525	Sala_0471	secretion protein HlyD	63.86%	15	
YP_615526	Sala_0472	acriflavin resistance protein	24.78%	23	
YP_615527	Sala_0473	protein of unknown function DUF445	30.88%	10	
YP_615528	Sala_0474	NAD-dependent epimerase/dehydratase	10.69%	2	
YP_615529	Sala_0475	Peptidase M1, alanyl aminopeptidase	58.91%	33	
YP_615532	Sala_0478	hypothetical protein	42.21%	6	
YP_615533	Sala_0479	Mammalian cell entry related	61.02%	10	
YP_615534	Sala_0480	ABC transporter related	14.73%	2	
YP_615535	Sala_0481	protein of unknown function DUF140	7.61%	2	
YP_615536	Sala_0482	HAD-superfamily subfamily IB, PSPase-like protein	15.48%	3	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.ASMSLIAGLAAEGTTEVNR.V K.ASEMEATLAALR.E R.ATLTLSTVAPYDIVRK R.MGCDIQVK.G R.LADVDFGHLNLQGCSTTIEGRSPDFGR.V R.EAGATVEETK.G R.ATLTLSTVAPYDIVRK.M K.NAALLPCALLTDEPLTR.N K.LQAVGADIER.I R.LVQNTAEAVAR.G R.GAIVAEDEGLDDYDVAWR.A R.LNHPFPVNTLLMR.G K.LTNDSPFAPISNR.V K.AFDAAVAQTSK.T K.LAEAEVFNKANLEALVESGK.I K.AFEARLETAARVATPAPVAPTAAPAVAVAPT.K K.GMETLQGEVAFAR.K K.LAEAEVFNK.A K.VRAEALTADFNEK.A K.ANLEALVESGK.I R.AEALTADFNEK.A R.KSFEDTTAALK.G K.SFEDTTAALKGYTAVK.S K.SFEDTTAALK.G K.KAFDAVAQTSK.T R.AEALTADFNEKAK.E K.LYAEENSK.A K.LYAEENSK.V R.FADPDWTTNPVALIR.Q R.QTYGLLAEQLATTR.N R.NSAANLDFPASPWLQNPQTQLWAEQSTK.M K.YQYWTGDNDAVTLDDFIAGATETK.G K.DVFAVPLVIFPPWINR.F R.FYILDLPQK.S K.VHETDLVQLQYDPATK.D K.IATPAYQAGREDHIAPAASVWR.M K.LFVDDAYLALLQLSAPGYLDGR.Y R.AQQMMLDVLGQANQR.N K.GLGHMLSDLSR.G R.KAIEDAPGR.Y K.NMAEALSPSNLAITNPEVIK.R K.MWEQGAFAWASLATLQPSLTPDADAR.Q R.QQLSHVDPDAFEVGNIAITTPGK.V R.NMQGIDEQAR.A K.NMAEALSPSNLAITNPEVIK.R K.GSWMPPHWAGWIAAQDDK.K K.WATEQGLTFVFNWSK.S K.SADASMSEIVWDDYVSAQVDAIOTVR.D R.YMAATFNLSR.G R.TFLLAGSGHAGVNNPAAAGK.Y K.SATFLTAQVDFELAGDLK.L R.KPDHAGYSQSK.G R.AGVWDIPSPPASMFAPLPPALR.E K.VAVAPGVGYGEDGEGVIR.I R.PSILVYVNSPTAEAVDLAFYER.L K.ENKWVWLSLAYSELYDGNPTPSILQVPGAK.D R.AMAFTVPRPSILVYVNSPTAEAVDLAFYER.L R.LPPYVIAEVNAMR.A R.IAMVENEQR.I R.FNVDLPESEVVMTGSK.E K.FLAMHGVNTPSIAAGGAG. R.SVPTTPDENYWR.A R.RAQANYGR.R K.VVWVWLSLAYSELYDGNPTPSILQVPGAK.D K.SYLDYGAFTPQAACAALNGPQDIVEK.N K.EGLASLATATGQDGVVLPAPNSYPHFTGFIAGATIR.S K.LANWLVDAFGR.G R.FADDLNWIDAAR.A R.AADGFVVTGEYNGPQGLK.N R.IGHAFDGDGKPTDGDGVR.L R.GDTELDLAR.A R.TILVLSYR.R R.VGSGPFPTELEDETGR.L R.EIADYVLEYQPVWK.R R.FQGGHNAGHTLVGEQVYK.L K.LDVLDFDTR.I K.LDLYFPAHAADQAAVEPIYEMDGHWESTAGAR.S R.DLDALRETAAGAK.I K.LSLLPSGIVTGLSIIIGNVLPWALRDITK.L R.SYADLPAQAIK.Y K.IVDWLASR.A R.AGFGEPPIRDK.L R.GHEFTVTGR.K R.VQELIETPIALVSTSPER.E R.GIGPAYEDK.V R.VQELIETPIALVSTSPEREDTILIRDPFSD. R.VCDLAHLHDLEPQLDR.L R.QSCAVSGVTGIALTK.L R.LTAHHDLAR.A R.VQELIETPIALVSTSPEREDTILIR.D R.QGVVEINADNFAIADNCALLPFRH.D R.GIGPAYEDKVGR.R R.EDTILIRDPFSD. R.CGWFDVLR.Q R.NLIGFYDAEIVGFER.F R.LQLFSAPTPNGVK.A K.IPATYDPGGGGKPLALFESGAILLYADK.S R.LLGLVDDR.L R.DRYAAESAR.L K.SGQFLSPDPAAR.Y R.ASAVIAEGEVNQLSAQR.R K.IAAVVAERDEATEAALDAYGR.N K.SALTEAVAFAR.A K.TANVWVNSASVLDGDFLFSR.A R.RIETSEDQYLAIIAK.T R.AVDAIGGFR.A K.TSDEDLVYATSLLR.K R.KHDTIADTLAR.A R.IETSEDQYLAIIAK.T K.VTLPVILAYR.G R.NLGIAPQLVDDAIDYVSDAETMGK.G R.NLGIAPQLVDDAIDYVSDAETMGK.G R.GTVPSLDPMMLVAADMNEVNAVILDR.M K.TAELFAAACK.I K.LAAVEFHHTATLHDDVDK.S K.LAAGAGEAAPR.S R.RLADALMAMLDWPAR.Q R.SLGGWIATAWPDR.V R.LQAIGALGEDGR.I R.GVDVEARLAR.W R.ASQASATQR.A R.WMLEFAPAEAR.K R.LSFASREEAVAYAEK.Y R.KPDLPMGWAGSGDTQR.Q R.ASEQAGVAR.E R.EAASEYAK.G R.ARAATEDLAR.A R.AKASELAEK.T K.QPLALVAGAVAGALLGSLPK.G K.ARIQEGYGR.A R.FRADATDEGAGQVEENDEAVQ. R.ADATDEGAGQVEENDEAVQ. K.AALHPAALLDR.G R.TKVDDAAHAYR.Q R.SFDGISHGYAPDARPATSEPVLDQIAR.D R.DVVENLSATAK.A R.PATSEPVLDQIAR.D
YP_615554	Sala_0500	DSBA oxidoreductase	22.39%	3	
YP_615558	Sala_0504	Phasin	65.73%	16	
YP_615559	Sala_0505	Poly(R)-hydroxyalkanoic acid synthase, class I	67.12%	23	
YP_615560	Sala_0506	aminotransferase, class I and II	64.53%	15	
YP_615563	Sala_0509	NADPH-dependent FMN reductase	42.86%	6	
YP_615564	Sala_0510	Adenylosuccinate synthase	69.93%	22	
YP_615566	Sala_0512	glutathione S-transferase-like protein	38.43%	6	
YP_615568	Sala_0514	Trans-hexaprenyltransferase	64.09%	15	
YP_615570	Sala_0516	ATP-dependent helicase HrpB	8.52%	6	
YP_615571	Sala_0517	ETC complex I subunit conserved region	45.65%	3	
YP_615573	Sala_0519	hypothetical protein	58.47%	6	
YP_615574	Sala_0520	hypothetical protein	34.65%	4	
YP_615575	Sala_0521	hypothetical protein	32.21%	4	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615576	Sala_0522	hypothetical protein	72.96%	19	K.AELALIEAR.G R.SAAATVAGLASTLDKK.D R.LLEDSAGTVDTK.F K.DLDELAASTR.D K.AAEAVGSLAR.L K.NPAIIVGAATVIGFVLAR.M R.SAAATVAGLASTLDK.K R.LLEDSAGTVDTKFK.Q R.DTIKSEASK.K K.DKAAEAVGSLAR.L K.KNPAIIVGAATVIGFVLAR.M R.DTIKSEASK.A K.FGKQYGDYAR.S K.AASLKQEAALK.K R.MLKGGSND. R.DQLAVTR.D K.SEASKKAASLKQEAALK.K K.QEAALK.Q K.EHPIRDQLAVTR.D K.AASLKQEAALK.Q
YP_615577	Sala_0523	Phosphopyruvate hydratase	87.50%	26	R.DALDFIAASVDQAGFK.L K.GLATAVGDEGGFAPNLASTR.D R.NKYEISGEGLSLSPQMAEYLAALVK.D R.LGANILGVSLAAAK.A R.LEQGIKGLANSLVK.V K.AVAAVNGDIAEALVGLDAEDQR.E R.GNPTVEVDLLEDGSFGR.A R.AAVPSGASTGAHEAVELR.D K.YEISGEGLSLSPQMAEYLAALVK.D K.VNQIGTSETLDAVDMAHR.A R.IEELGDMAR.Y R.WGSEIFHTLKK.G R.WGSEIFHTLKK.K K.DGLANSLVK.V K.SIEDGMSDDFAGWK.A K.YEISGEGLSLSPQMAEYLAALVKDYPIK.S K.AVAAVNGDIAEALVGLDAEDQREIDMAMIDLGTGPNK.S R.TLPVPMNMIINGEGHADNPIDVQEFMIMPVAGSIAEAVR.W R.YSAVMSHR.S R.EIDMAMIDLGTGPNK.S R.YVGVSAAR.T R.SGETEDATIADLAVATNGCQIK.T R.IEELGDMAR.Y K.SIEDGMSDDFAGWK.A K.LGTDVVLALDCAATEFFR.N K.ALTDLGGTCTQLVGGDDLVFNPAR.L R.EGRDPVVPYDTPQLEK.F R.GAAEAALWEVR.A R.ASAEDQLYR.R K.KVAATPAPASNR.E R.SREEVQAVR.D K.LPIFVNIENQYAMGTSVNR.A R.LIPGMQVDSMDLAVR.G R.DHGHMLAYGIDPK.V K.LMEGAGIGEDR.I K.VIMAELTR.A R.AIVAESADFAESAPEPDLSELYTDVLEQY. R.GPVLMEK.T K.FYGGHGLVGAQVSLGTGLAFAHK.Y R.DKSDAIEHLK.K K.GGSMHMFVSEHK.F K.YRGGGVAMAYFGDGAANQGQVYESFNMAELWK.L R.YRGHMSDPAK.Y R.DPVYDTPQLEK.F K.KLMEGAGIGEDR.I R.GDGGVAMAYFGDGAANQGQVYESFNMAELWK.L K.VAATPAPASNR.E R.RGESFR.I R.IKIDKIEIR.A R.DKSDAIEHLK.L K.VIMAELTR.A K.LPIFVNIENQYAMGTSVNR.A K.LMEGAGIGEDR.I K.GGSMHMFVSEHK.F R.GPVLMEK.T R.GHMSDPAK.Y K.LMEGAGIGEDRIK.D K.DSVITYR.D R.TEDPVFLENELLYGR.S R.SFEVDPDVFVPIGK.A R.TLRPLDTATVLSLKK.K R.VGAQHSQNYGPWYASVPLVLIAPYDAADAK.G K.VTQQLLEFGAR.R R.ASDPAIPEGTAMVK.L R.VFVMGEEVAEYQAYK.V R.EALRDAMAEEMR.R K.TNYMSGGQMR.C K.AAIRTEDPVFLENELLYGR.S R.VCNEDVPLPYANNLEK.A R.TLRPLDTATVLSLKK.T R.FGAHLFALSGETER.G R.SEGLLLR.I R.WGLVWGAGVGAEEAR.Q R.AAMAALWGLAAR.L R.DVAEAEAPRR.R R.FLTAIDJHPGAK.I R.VGANAVTK.D R.STLVDAEAYR.E K.RHPTLADDVIVGSGAQLGPITVNAR.A R.IAHLWLFEAR.L R.DVAEAEAPRR.K R.DGTGHSDAALAVVEEIR.A R.LIMTASSTGLYGFQANVGAAL.L K.AKEEWGGVHILINAGILR.D R.AYALELAR.R R.VAIVTGAGGGLGR.A K.VVVDLGGAR.D R.TREGVAAAWDK.I R.TREGVAAAWDKIIDR.T K.VHLLGSAYVTK.A R.MTEDIFPAELFEK.F R.CNTIAPVAGTR.M K.EEWGGVHILINAGILR.D R.LDAATGQPAPAAQPK.S R.QQAALISLVWAFVDYR.I R.VATATGDRDYADTDFGLR.T R.YHLDLNDGGIVGGR.Q R.AAFAQAFGER.R R.LVDTGLDVASER.G R.RGDLQLAGVFGDNAGDLLDSSNNAVSLDGR.V K.SPSVAKASEIGWK.G K.AQVATLESR.L R.MQVDLAAVDPVATDAR.G R.TADGWVDFKR.G R.TGADPTFFGGYAEVGMVLTGDR.R R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615579	Sala_0525	Pyruvate dehydrogenase (lipoamide)	82.58%	32	K.LGTDVVLALDCAATEFFR.N K.ALTDLGGTCTQLVGGDDLVFNPAR.L R.EGRDPVVPYDTPQLEK.F R.GAAEAALWEVR.A R.ASAEDQLYR.R K.KVAATPAPASNR.E R.SREEVQAVR.D K.LPIFVNIENQYAMGTSVNR.A R.LIPGMQVDSMDLAVR.G R.DHGHMLAYGIDPK.V K.LMEGAGIGEDR.I K.VIMAELTR.A R.AIVAESADFAESAPEPDLSELYTDVLEQY. R.GPVLMEK.T K.FYGGHGLVGAQVSLGTGLAFAHK.Y R.DKSDAIEHLK.K K.GGSMHMFVSEHK.F K.YRGGGVAMAYFGDGAANQGQVYESFNMAELWK.L R.YRGHMSDPAK.Y R.DPVYDTPQLEK.F K.KLMEGAGIGEDR.I R.GDGGVAMAYFGDGAANQGQVYESFNMAELWK.L K.VAATPAPASNR.E R.RGESFR.I R.IKIDKIEIR.A R.DKSDAIEHLK.L K.VIMAELTR.A K.LPIFVNIENQYAMGTSVNR.A K.LMEGAGIGEDR.I K.GGSMHMFVSEHK.F R.GPVLMEK.T R.GHMSDPAK.Y K.LMEGAGIGEDRIK.D K.DSVITYR.D R.TEDPVFLENELLYGR.S R.SFEVDPDVFVPIGK.A R.TLRPLDTATVLSLKK.K R.VGAQHSQNYGPWYASVPLVLIAPYDAADAK.G K.VTQQLLEFGAR.R R.ASDPAIPEGTAMVK.L R.VFVMGEEVAEYQAYK.V R.EALRDAMAEEMR.R K.TNYMSGGQMR.C K.AAIRTEDPVFLENELLYGR.S R.VCNEDVPLPYANNLEK.A R.TLRPLDTATVLSLKK.T R.FGAHLFALSGETER.G R.SEGLLLR.I R.WGLVWGAGVGAEEAR.Q R.AAMAALWGLAAR.L R.DVAEAEAPRR.R R.FLTAIDJHPGAK.I R.VGANAVTK.D R.STLVDAEAYR.E K.RHPTLADDVIVGSGAQLGPITVNAR.A R.IAHLWLFEAR.L R.DVAEAEAPRR.K R.DGTGHSDAALAVVEEIR.A R.LIMTASSTGLYGFQANVGAAL.L K.AKEEWGGVHILINAGILR.D R.AYALELAR.R R.VAIVTGAGGGLGR.A K.VVVDLGGAR.D R.TREGVAAAWDK.I R.TREGVAAAWDKIIDR.T K.VHLLGSAYVTK.A R.MTEDIFPAELFEK.F R.CNTIAPVAGTR.M K.EEWGGVHILINAGILR.D R.LDAATGQPAPAAQPK.S R.QQAALISLVWAFVDYR.I R.VATATGDRDYADTDFGLR.T R.YHLDLNDGGIVGGR.Q R.AAFAQAFGER.R R.LVDTGLDVASER.G R.RGDLQLAGVFGDNAGDLLDSSNNAVSLDGR.V K.SPSVAKASEIGWK.G K.AQVATLESR.L R.MQVDLAAVDPVATDAR.G R.TADGWVDFKR.G R.TGADPTFFGGYAEVGMVLTGDR.R R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615580	Sala_0526	Transketolase, central region	34.98%	12	R.TEDPVFLENELLYGR.S R.SFEVDPDVFVPIGK.A R.TLRPLDTATVLSLKK.K R.VGAQHSQNYGPWYASVPLVLIAPYDAADAK.G K.VTQQLLEFGAR.R R.ASDPAIPEGTAMVK.L R.VFVMGEEVAEYQAYK.V R.EALRDAMAEEMR.R K.TNYMSGGQMR.C K.AAIRTEDPVFLENELLYGR.S R.VCNEDVPLPYANNLEK.A R.TLRPLDTATVLSLKK.T R.FGAHLFALSGETER.G R.SEGLLLR.I R.WGLVWGAGVGAEEAR.Q R.AAMAALWGLAAR.L R.DVAEAEAPRR.R R.FLTAIDJHPGAK.I R.VGANAVTK.D R.STLVDAEAYR.E K.RHPTLADDVIVGSGAQLGPITVNAR.A R.IAHLWLFEAR.L R.DVAEAEAPRR.K R.DGTGHSDAALAVVEEIR.A R.LIMTASSTGLYGFQANVGAAL.L K.AKEEWGGVHILINAGILR.D R.AYALELAR.R R.VAIVTGAGGGLGR.A K.VVVDLGGAR.D R.TREGVAAAWDK.I R.TREGVAAAWDKIIDR.T K.VHLLGSAYVTK.A R.MTEDIFPAELFEK.F R.CNTIAPVAGTR.M K.EEWGGVHILINAGILR.D R.LDAATGQPAPAAQPK.S R.QQAALISLVWAFVDYR.I R.VATATGDRDYADTDFGLR.T R.YHLDLNDGGIVGGR.Q R.AAFAQAFGER.R R.LVDTGLDVASER.G R.RGDLQLAGVFGDNAGDLLDSSNNAVSLDGR.V K.SPSVAKASEIGWK.G K.AQVATLESR.L R.MQVDLAAVDPVATDAR.G R.TADGWVDFKR.G R.TGADPTFFGGYAEVGMVLTGDR.R R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615581	Sala_0527	hypothetical protein	22.97%	4	R.LDAATGQPAPAAQPK.S R.QQAALISLVWAFVDYR.I R.VATATGDRDYADTDFGLR.T R.YHLDLNDGGIVGGR.Q R.AAFAQAFGER.R R.LVDTGLDVASER.G R.RGDLQLAGVFGDNAGDLLDSSNNAVSLDGR.V K.SPSVAKASEIGWK.G K.AQVATLESR.L R.MQVDLAAVDPVATDAR.G R.TADGWVDFKR.G R.TGADPTFFGGYAEVGMVLTGDR.R R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615582	Sala_0528	Serine O-acetyltransferase	33.19%	7	R.DVAEAEAPRR.R R.FLTAIDJHPGAK.I R.VGANAVTK.D R.STLVDAEAYR.E K.RHPTLADDVIVGSGAQLGPITVNAR.A R.IAHLWLFEAR.L R.DVAEAEAPRR.K R.DGTGHSDAALAVVEEIR.A R.LIMTASSTGLYGFQANVGAAL.L K.AKEEWGGVHILINAGILR.D R.AYALELAR.R R.VAIVTGAGGGLGR.A K.VVVDLGGAR.D R.TREGVAAAWDK.I R.TREGVAAAWDKIIDR.T K.VHLLGSAYVTK.A R.MTEDIFPAELFEK.F R.CNTIAPVAGTR.M K.EEWGGVHILINAGILR.D R.LDAATGQPAPAAQPK.S R.QQAALISLVWAFVDYR.I R.VATATGDRDYADTDFGLR.T R.YHLDLNDGGIVGGR.Q R.AAFAQAFGER.R R.LVDTGLDVASER.G R.RGDLQLAGVFGDNAGDLLDSSNNAVSLDGR.V K.SPSVAKASEIGWK.G K.AQVATLESR.L R.MQVDLAAVDPVATDAR.G R.TADGWVDFKR.G R.TGADPTFFGGYAEVGMVLTGDR.R R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615585	Sala_0531	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	46.67%	12	R.DVAEAEAPRR.R R.DGTGHSDAALAVVEEIR.A R.LIMTASSTGLYGFQANVGAAL.L K.AKEEWGGVHILINAGILR.D R.AYALELAR.R R.VAIVTGAGGGLGR.A K.VVVDLGGAR.D R.TREGVAAAWDK.I R.TREGVAAAWDKIIDR.T K.VHLLGSAYVTK.A R.MTEDIFPAELFEK.F R.CNTIAPVAGTR.M K.EEWGGVHILINAGILR.D R.LDAATGQPAPAAQPK.S R.QQAALISLVWAFVDYR.I R.VATATGDRDYADTDFGLR.T R.YHLDLNDGGIVGGR.Q R.AAFAQAFGER.R R.LVDTGLDVASER.G R.RGDLQLAGVFGDNAGDLLDSSNNAVSLDGR.V K.SPSVAKASEIGWK.G K.AQVATLESR.L R.MQVDLAAVDPVATDAR.G R.TADGWVDFKR.G R.TGADPTFFGGYAEVGMVLTGDR.R R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615586	Sala_0532	phosphate-selective porin O and P	43.56%	12	R.DVAEAEAPRR.R R.DGTGHSDAALAVVEEIR.A R.LIMTASSTGLYGFQANVGAAL.L K.AKEEWGGVHILINAGILR.D R.AYALELAR.R R.VAIVTGAGGGLGR.A K.VVVDLGGAR.D R.TREGVAAAWDK.I R.TREGVAAAWDKIIDR.T K.VHLLGSAYVTK.A R.MTEDIFPAELFEK.F R.CNTIAPVAGTR.M K.EEWGGVHILINAGILR.D R.LDAATGQPAPAAQPK.S R.QQAALISLVWAFVDYR.I R.VATATGDRDYADTDFGLR.T R.YHLDLNDGGIVGGR.Q R.AAFAQAFGER.R R.LVDTGLDVASER.G R.RGDLQLAGVFGDNAGDLLDSSNNAVSLDGR.V K.SPSVAKASEIGWK.G K.AQVATLESR.L R.MQVDLAAVDPVATDAR.G R.TADGWVDFKR.G R.TGADPTFFGGYAEVGMVLTGDR.R R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615587	Sala_0533	protein of unknown function UPF0089	7.61%	2	R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615592	Sala_0538	Thymidine kinase	30.96%	4	R.MIDVLEDSLVELTAAGIK.K R.LITATTSFPMHILALR.T R.AIVGAGQTEIGGNDR.Y K.STTLQADFNYR.E R.TDFAANLFGSAALLGLADALVELK.A R.YGTGQVTSR.I R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615595	Sala_0541	tRNA pseudouridine synthase B	25.16%	3	R.DAENRPVALLAAGTLK.V K.LVAFGQAAQSEIILPLEAGLVDIPALDLSPEAAGAIR.Q K.VNGGTLDPLASGVLPALGEATK.L R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K
YP_615596	Sala_0542	ribosomal protein S15	51.69%	4	R.INTLTFHK.T R.DKGDTSPEVQVAILTDR.I R.RSLLDYLR.K



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615597	Sala_0543	3' exoribonuclease	67.19%	54	K.DEGRYQALIAK.L R.EIFEALAAQAK.E R.TTTQRPVIAETHFLPR.A K.ISSSDLQJEAAK.K R.GATEKETLVSR.L K.VVNLDFGAFVFMFGK.D K.VADVLSEGDVK.V K.IRDVIGTGGK.V K.SVKDQGFPLTVHYQEK.Y K.ISSSDLQJEAAK.W K.DGLVHVSER.N R.VVDQETGALEDTRPAR.E K.VAGTSEGITTMQMDIK.I K.RPVSGIAMGLILEGK.D K.ESFIADGLDPQAVMAGIK.I K.VIIDDEGLIK.I R.SEDGPEQGHVPDFLKD. K.WIAGIVEEAEVKG.I K.EPWEIASSDDAALKDK.L K.DGQDFPLTVHYQEK.Y R.ALHPVLPKDEFPYTR.L K.DYALSDILGDHLDGMDMDFK.V K.DIAAAK.L R.TELSAHAPR.I K.VSIEWGGTTLLETGK.V K.KVSIWGGTTLLETGK.V R.IETMQIDK.A R.AHGSALFTR.G K.LAEQAAKEPWEIASSDDAALK.D K.KLEAIVR.T R.AHLGEMNK.A K.DGLVHVSER.N R.SNALNEAR.A R.KWJAGIVEEAEVKG.I R.EIVATTGAK.V K.AKESFIADGLDPQAVMAGIK.I R.PVSGIAMGLILEGK.D K.VLEIDPR.G K.DAEQIMIDGLNLSYQHFMLHYNFPYSGEVGR.F R.VVDQETGALEDTR.P R.QAQGAVIATLGETVLCVATAK.S R.GETQTIATCTLTK.D R.ERSEDPEDQGHVPDFLKD. K.VVNLDFGAFVFMFGK.D K.VADVLSEGDVKV.V K.RPVSGIAMGLILEGK.D K.LAEQAAKEPWEIASSDDAALKDK.L K.ESFIADGLDPQAVMAGIK.I K.EPWEIASSDDAALK.D R.LTSDITESNGSSMASVCGGSLAMMDAGVPIK.R R.ERGATEKETLVSR.L K.WIAGIVEEAEVKGIVDGK.V K.VAGTSEGITTMQMDIK.I K.LTDSKAR.S K.AKESFIADGLDPQAVMAGIK.I R.LSPGDATTFLLSDIK.G R.SWGPANLIQAGNR.G R.APYTAANFLR.Y K.RAPYTAANFLR.Y R.ITQQAALGETIVR.R K.SAAVLGANYPGNEWYER.A R.LTESYLALGIPPEAKK.S R.SSNWLAASIR.F R.GQYGAALFDEVER.Q R.LKLDLVQHLGAK.E R.LTESYLALGIPPEAKK.K R.EYTPAIEAQR.F R.EVVDKYQTTSHAPEALYR.L K.DAPYAYLIALSYEQISDVTR.D R.LDRGQYGAALFDEVER.Q R.FLAHPGK.D R.FREVDKYQTTSHAPEALYR.L R.AQLMSSFSYMDREYTPAIEAQR.F R.AQLMSSFSYMDR.E K.YQTTSHAPEALYR.L R.RYPDSR.Y R.GQYGAALFDEVERQHPYSPWAR.R R.FREVDKY R.LDAIEGGSAGLAR.L R.LAGDLGAILVFDGSDGGPALLR.G R.AQVTASFAPPAAGSPLATLLANDITQGVGPLEIIR.R K.SILLDALGLALGAR.A R.LDLDFEAGLVLGTGETGAGK.S R.LAGDHALLAEALALDR.A K.VALAEEGGADTIIFDEIDR.G R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V
YP_615598	Sala_0544	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin type	18.38%	4	R.LSPGDATTFLLSDIK.G R.SWGPANLIQAGNR.G R.APYTAANFLR.Y K.RAPYTAANFLR.Y R.ITQQAALGETIVR.R K.SAAVLGANYPGNEWYER.A R.LTESYLALGIPPEAKK.S R.SSNWLAASIR.F R.GQYGAALFDEVER.Q R.LKLDLVQHLGAK.E R.LTESYLALGIPPEAKK.K R.EYTPAIEAQR.F R.EVVDKYQTTSHAPEALYR.L K.DAPYAYLIALSYEQISDVTR.D R.LDRGQYGAALFDEVER.Q R.FLAHPGK.D R.FREVDKYQTTSHAPEALYR.L R.AQLMSSFSYMDREYTPAIEAQR.F R.AQLMSSFSYMDR.E K.YQTTSHAPEALYR.L R.RYPDSR.Y R.GQYGAALFDEVERQHPYSPWAR.R R.FREVDKY
YP_615599	Sala_0545	DNA uptake lipoprotein	73.11%	19	R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V
YP_615600	Sala_0546	DNA repair protein RecN	25.54%	7	R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V
YP_615603	Sala_0549	DNA ligase, NAD-dependent	15.13%	8	R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V
YP_615606	Sala_0552	ABC transporter related	25.24%	3	R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V
YP_615608	Sala_0554	ribosomal L11 methyltransferase	21.05%	3	R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V
YP_615609	Sala_0555	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	36.96%	6	R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V
YP_615610	Sala_0556	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer	59.11%	18	R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V
YP_615612	Sala_0558	alanine dehydrogenase	56.87%	18	R.LLAEADDPDKAR.Q R.LVGAAVEASPLAK.V R.AQTLEAIDIQVGRGTGK.L R.VLWDDLSEVSPPPYVETR.D R.AQITLEAIDIQVGR.T K.SIAFLELWLEK.G K.DVGSLEAEANMLMLAK.Q K.AIESVGVVSPLLK.R R.FSAGPGLTALFGPSGVGK.T R.WMTEEAAGFLGIGHLFR.W R.ANLLYGHALAPQANR.W R.VIASDIDPASIFTR.D R.AEAELSSEIPALDALDAPPVVTR.E R.EIDEDTLGLQDLDKDPDAALLDLR.S R.GIGAAIEALTSTATK.I R.IDILVNNAGVFANPLDATDAEWLANWNR.T K.IVALSSADGDLGDPATPDRLWHTSLDQLDGR.I R.LWHTSLDQLDGR.I K.IVALSSADGDLGDPATPDR.L K.LLADIPLR.V R.SEVEASAVTR.A R.LQLEQAASEFSSR.V R.LALLEFDMQR.Y R.LAANAIEHAIAGR.E R.NDSGMVATEISVLSQEFK.M R.GSVSANQSIQITVDVQR.S R.EAATAAGLIR.A K.IAAIQQATR.G R.ASEQAGEAVAMSEALSHHAESIESILGIR.E R.VEGELVDSYVR.G R.SIASLVQDTEGVR.E R.RVEGELVDSYVR.G R.LAANAIEHAIAGREEAVAR.A R.GFAVVAQEVK.S R.EIAGQTNLLANATIEAAR.A R.AYWDAFNALPNMDR.R K.IREAMDAAQIVTISITAAVDETLAADSMSSTIASIR.N K.TSEVAASEQSAMAMR.E R.TSTYALNVTLPALR.I R.VLVTGAGEGIGAHDR.Y R.GVLLGGVPGVAPGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTR.D K.VTFAEVAEIGTDYVYVEQALD. R.MSIQAGATALEK.A R.DPHLLQGLNVWNGK.V R.RDPHLLQGLNVWNGK.V R.EGQILYTLHLAPDPDQTRDLMK.S R.YYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V R.VGLTPESAR.E R.ELVHGRH.V K.EIKNHEVR.V R.VLVTGAGEGIGAHDRYYVEAGAEIVQSADDIFAGADMVVK.V

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615613	Sala_0559	hypothetical protein	49.35%	3	R.ANLAECEVAEDLVIGAVLIPGAEAPK.L K.VKEPQPER.A R.VGTFPEAR.A R.MSIQAGATALEK.A R.EAAEAEEAADKEAGK.S K.TAAAGLIGSAVAIAALLYANR.G R.EAAEAEEAADK.E R.LVEQGYGAAVTR.D R.ATSAIEALQQA. K.AAASSDELIAEAAADTIVIGVYVFAIPAALK.A R.VLLIEDEPTAK.A R.DIDDEGNEVR.R K.LFDVLAAR.Y R.ASDAAPAIIEFVDR.D K.QQSDGPVTTDELEDA R.NHSASLKHQITTTVAK.A R.ASDAAPAIIEFVDRDMGAK.G K.HEQITTTVAK.A R.LMDEAQLAK.L K.RGGANR.R K.LVTLAK.R R.VLLSSLQGAATSIK.I R.IQQLDYDKLNLITVETDGTVPEDAVAYAAR.I K.GYVATANRPAAPIGLIPVDSLYSPVR.Q R.FGGLTGNALR.R K.SLNEIKEVLSMGLR.L K.IENVLHEFSSLAGVREDVTDIVLNVK.Q R.LQLSATGPATVK.A R.EDVTDIVLNVK.Q K.IENVLHEFSSLAGVR.E K.NDNIIYGDVQK.T K.KVDELELSVR.S K.ATFVAEPLER.G K.RLQLSATGPATVK.A K.AGDIIVSGDIK.V R.LGMDIPGWPPENIEEMAK.K R.VLLSSLQGAATSIKIENVLHEFSSLAGVR.E R.KATFVAEPLER.G R.PADAPIGLIPVDSLYSPVR.Q K.NDNIIYGDVQKTEAEMLR.T R.VLLSSLQGAATSIK.I K.VDELELSVR.S K.KPSNLEIK.T R.IIQDQLQVVFHEEAMSDSGLIGMAAPSAASDESVDVNLNR.F R.SANCLKNDNIIYGDVQK.T R.NWQELKPSNLEIK.T R.LGMDIPGWPPENIEEMAK.K R.KSLNEIKEVLSMGLR.L K.VMNPNHVICHDEGATLNMLVADTGK.G K.LNLTVETDGTVPEDAVAYAAR.I K.AGDIIVSGDIK.V R.QVAYKVDNAR.I K.VMNPNHVICHDEGATLNMLVADTGK.G K.VMNPNHVICHDEGATLNMLVADTGK.G K.SLNEIKEVLSMGLR.L K.KLEQELLG. R.ALQAVGFHITSIR.D R.TLEVEVKGGAGR.E R.DVTFPHHNGVR.P R.TLEVEVK.G R.VQDLSDAEVLQIR.E R.RVQDLSDAEVLQIR.E R.IAGVNLPTNKR.V K.TAVDIADKLGIDHGR.R R.VIIALTYHIGR.K R.IAGVNLPTNKR.R R.VQDLSDAEVLQIRETIDADHTVEGDLR.R R.VIIALTYHIGR.K.T R.KTAVDIADK.L R.NTAMNIKR.L K.TAVDIADK.L K.VIIALTYHIGR.K R.EAPEPYAGLAPADLLFR.G R.GAVPDLDDGSEADPAALR.E R.AVAGVTNSEGGSASHSR.T R.EAALAVEDAAR.A R.SRPFDEGLPTAAR.D R.LGALEDEVERSEGQDISLR.V R.LGALEDEVER.S R.ITGWLLDSASAR.Q R.DYAWHSAHLLDLESAADIGAR.A R.VSGGIVGHLLAIAIGPAIAR.G R.SEGQDISLR.V R.SASVSTADMDAGELAR.L R.QLGLTPTGHASR.G R.LAGIDAAAEEVAEAVAEER.A R.RLAGIDAAAEEVAEAVAEER.A R.AADKTWQAMIAER.A R.NEAWANK.V R.NEAWANKVVALER.V R.FGTDSCSPTGLGGFTGCTQALVAGAR.A R.YRVPILR.G R.VDQAGEFGATR.I R.APGYPLLSLAIR.A R.QQDELGDSDPELSAAVADF.R.A R.EIHHAEQER.H R.QQDELGDSDPELSAAVADFRAELEHR.D R.SNPGGLDEAVGISDFLER.G R.YFAEPGLDAAGAPVIVLIDAGSASASEVAGALQDQHR.A K.VIAPTADTPAAR.A K.GIEDFQLHYALQTIGR.I K.GSVQTVPLSDTIALR.L R.FTATADELAKK.G K.SNYVEVEDAK.L R.AGSLVDAHGLR.K R.ASDFLALTR.A R.AGSLVDAHGLRK.W R.LAADIADAEVAALPDPVGR.E R.AQGLDIIIRR.G R.GPVALEGLTTYK.W R.HTDAIVTEDAATAER.F R.GGSEAVHSNR.A R.ALHAAFAAGLVEAGLPADAVQLVPTQDR.A R.VPVLALDGINHLYIDGAANPAK.A R.IFRPNGLSLR.V R.VPLVIGIYIESRPNVTADAAALGLMAGNAVILR.G R.TGICGATETLIDR.A R.SAAILAANAEDMAAGQTNGLSGAMLDR.L R.AVESAHGGAER.A R.AAGPPVLDPRDQVATSADFISR.N R.NILQSAATYLVGAR.A R.MNGDIEGIGAAVYAGLAAR.A R.SPDAEAGVSSFLEK.R K.GLVQSIHAPGELVDAAIAR.A R.ELTEHSAPVSVLTR.H R.GRSPDAEAGVSSFLEK.R K.RPANTASVANDYVFAEFEEAPPYS. R.ISEHFTLLGNIGVYTHFR.R R.DLGGVEAYQVAR.R R.LGIEEGTQPR.T K.ILYEGPEPTLIQYFK.D R.QVEIPIEVIVR.N R.INDFMSGHFAAVGIR.L R.RLGLPEGGDNAVLDLESHR.K K.RLGIIEGTQPR.T R.LVDFKLEFGR.L K.ILYEGPEPTLIQYFKDATAFNAQK.R
YP_615614	Sala_0560	(Acyl-carrier protein) phosphodiesterase	30.15%	3	
YP_615617	Sala_0563	two component transcriptional regulator, winged helix family	9.36%	2	
YP_615618	Sala_0564	ribosomal protein L17	60.43%	9	
YP_615619	Sala_0565	DNA-directed RNA polymerase, alpha subunit	100.00%	35	
YP_615620	Sala_0566	ribosomal protein S11	28.68%	4	
YP_615621	Sala_0567	ribosomal protein S13	91.80%	12	
YP_615623	Sala_0569	peptidase U62, modulator of DNA gyrase	40.27%	13	
YP_615625	Sala_0571	hypothetical protein	41.09%	7	
YP_615626	Sala_0572	Ubiquinone biosynthesis protein COQ7	36.26%	5	
YP_615628	Sala_0574	carboxyl-terminal protease	26.84%	7	
YP_615633	Sala_0579	hypothetical protein	23.16%	3	
YP_615635	Sala_0581	gamma-glutamyl phosphate reductase	47.79%	11	
YP_615636	Sala_0582	hypothetical protein	17.72%	4	
YP_615637	Sala_0583	Enoyl-CoA hydratase/isomerase	24.76%	5	
YP_615638	Sala_0584	phosphoribosylaminimidazole-succinocarboxamide synthase	62.79%	15	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615665	Sala_0611	protein of unknown function DUF448	46.03%	8	K.IGVISYDSSIDPVGACVGMK.G R.SETRGPQIFLSR.A R.RDQQIPR.E R.QYQEFKDR.A R.IASQITGK.Q R.EEAARAER.R R.ARYGAENDIR.A K.QIDIMTEADASEK.R K.IGVISYDSSIDPVGACVGMK.G R.VSDTDSREPTGDTSAASAVSGAF. R.ALHEGGFTIPDLDGAR.I R.VGEDDEGSGR.E R.LLLHASDAGDDGR.K R.NDQLSQDTR.A R.LALGPDGGIAPDVHKG.A R.EVAVHLAIVDAR.A R.KGMLISGNDKIEQAAR.R K.GDVQGSVEAIVNALNK.L R.FKDDVAEVR.A R.APIIGFVWRPNAK.A R.AAEGTVIEAK.L R.GPVATILVR.R R.GANVQAGEAGGITQHGAYQVK.A R.FLYYDVIYHLTADVAK.E R.EVVVPDITVQELANR.M K.ANVIEYVVIK.G R.GANVTDIVLVAAADDGLKPKQSEIAINHAK.A K.LLDALQAEIMELK.A R.VLGRGGEAAPTVEEAK.A R.LTRDDVIVSATTIASLR.R R.DKAAGLLVLEGSIR.K R.PATASAAPAPR.R K.VDKEGANPQR.V K.TSLDLALR.G R.TVEAGVQQQFSHGR.R K.AAGLLVLEGSIR.K R.VLHAGAGAITESDVTLAISTR.A R.LLEHVLVEEMGGDVQNEVSALKK.T R.HDEDVDDAAQLKPR.A R.EVAAYRQEQALK.K K.APEPAPTASAPDATAADAPPAEAGPVETAARPATASAAPAPR.R K.AAGVPIIVAINK.V R.PGEAAPTVEEAK.A K.RTVEAGVQQQFSHGR.R K.DGVSITFLDTPGHEAFTEMR.Q K.AKDGSVITFLDTPGHEAFTEMR.Q R.APVITIMGHVDHKG.T K.QATSPMPVEVLGLGGVPMAGDTLIVVENEAR.A K.MGMPVTVNTIQDQDAELLVTEFGHEIKR R.AEVKDFPAGK.R R.PAAPKPAAVDSLMTL.R R.NTVVVEKRR.R R.DDVVVSATTIASLR.R K.VGDVIVCGAESGR.V K.MGMPVTVNTIQDQDAELLVTEFGHEIKR.V K.EMAGELGPER.I K.AAGVPIIVAINKVDK.E R.VSEADIDIRHDEDVDDAAQLKPR.A R.VSEADIDIR.H R.RFTVPEALK.R R.QEQALK.K R.MAALEENR.R R.EIANREK.V K.TGLDKLLDALQAEIMELK.A K.PAADVSLMTR.Q K.DVFPAGK.R K.APEPAPTASAPDATAADAPPAEAGPVETAAR.P K.ANPDRAAEGTVIEAK.L R.HKEQSEGPSVR.V R.GDVHDDVLATHPVSVTEVR.M K.FLADDSFDEASHIDR.L R.IFLPHGDAVAASLR.A R.IGAGAYPLLR.A R.IATSLLAASPR.P R.TVAALTDADDATR.L R.AFDTSGLVGR.I R.VTILTDPTER.H R.GGAYAI PVGEAEAAVGFSLYDPLIDAGLGAEDMAER.R R.IDALEIAAIPDR.V R.TLALRPDITR.Q R.IATSLLAASPR.LL R.GGAYAI PVGEAEAAVGFSLYDPLIDAGLGAEDMAER.I R.DELDAKAGALAR.I K.APALPEGLR.D R.AIELGVEKVDLTLAR.A R.IGSTLDAGLNIGTFHLGR.R R.ADFITLHTPLTDQTR.N K.VVAFDPFLTER.A R.AGIGVDNIDPEASKK.G R.AGIGVDNIDPEASK.K K.VTADVLAATK.L R.SVAGTLFGNNEPR.L R.VTATEAGDR.S K.TRDELIAMIGDYDGLAIR.S R.VSDSVNMINAPHLAR.E K.NDFMGVELTSK.T R.QIPEANALTOAGK.W K.VDLTLAR.A R.HDREGDYHTLVR.V R.GGLDEAALK.D R.QIPEANALTOAGKWPKN K.VEADLDGDMLYVNEADAPGFGR.I K.LRPMYSLAEK.L K.GVVVMNTFFGNSITTAEHAIAMMFALAR.Q R.GIRVDEITGK.T K.MKVAFDPFLTER.A R.RYSDSVNMINAPHLAR.E R.DELIAMIGDYDGLAIR.S R.VSDSVNMINAPHLAR.E K.TLGLGCGNIGSIVAR.A K.NDFMGVELTSK.T R.VDEITGK.T R.RAAGGEAVLLSLDSPMPELLWVQCQLPGVK.M R.RAAGGEAVLLSLDSPMPELLWVQCQLPGVK.M R.EDGYHTLVR.V R.AIELGVEK.V K.VEADLDGDMLYVNEADAPGFGR.I K.TRDELIAMIGDYDGLAIR.S K.LRPMYSLAEK.L K.KGVVVMNTFFGNSITTAEHAIAMMFALAR.Q K.GVVVMNTFFGNSITTAEHAIAMMFALAR.Q R.PVTALAWESFGGVTWDAKQ K.VLGGEGGHVLLGPR.A R.AGLSFADATSAVFAYDLPWDKIDVATFSWQK.V K.EGAAYDIAGYR.D R.LETHTPAWPLK.V K.GETINTPSMLAVEDAIFALEWAK.S R.SDANAALDKIVEER.D R.IGVPGSDTGAFEMAMWMLGAR.P R.DWLSHLAADPASR.S R.SDANAALDK.I R.ADYGQLPDLTQVDWSNDVLTWNGTSGVR.V R.VPNGDWIADDR.A K.IVEERDWSHLAADPASR.S K.GALAEVGFKGETINTPSMLAVEDAIFALEWAK.S R.AGLSFADATSAVFAYDLPWDK.I K.TFAGLLEGAAYDIAGYR.D
YP_615666	Sala_0612	translation initiation factor IF-2	68.40%	51	
YP_615667	Sala_0613	ribosome-binding factor A	33.09%	3	
YP_615669	Sala_0615	tRNA synthetase, class II (G, H, P and S)	43.51%	13	
YP_615670	Sala_0616	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	60.42%	37	
YP_615671	Sala_0617	phosphoserine aminotransferase	86.97%	35	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.IDVATFSWQK.V R.EMLQPDTHR.I K.EGAAYDIAGYRDAPPGLR.I R.SKTSVCLSVAGADADFIK.T R.SDANAALDKIVEERDWSLHAAADPASR.S R.LAYCIDLMR.E R.IWCGATVDADIEALGPWLWDWAYVSLK.S R.IGIVPGSDTGAFEMAMWMLGAR.P R.IGIVPGSDTGAFEMAMWMLGAR.P R.IGIVPGSDTGAFEMAMWMLGAR.P K.GETINTPSMLAVEDAIFALEWAK.S K.ARSDANAALDK.I R.LDPTIIR.A R.IWCGATVDADIEALGPWLWDWAYVSLK.S R.IGIVPGSDTGAFEMAMWMLGAR.P R.IGIVPGSDTGAFEMAMWMLGAR.P K.TSVCLSVAGADADFIK.T K.TFAGLLEK.E K.QLRLDPTIIR.A R.IPEPGEADALEAAATDDATR.N K.AKDDAQFAQQATTTPQTAHPAYR.L R.VVNFALVEEGVYSAR.D R.DLGLQFVETADEAWK.I K.IKPIPIVLFGE.E R.LAFQDNDFLLR.E K.IIQDFYANIEEQH. R.ESIGLNVLPHEQAPNR.F R.GAADDEGRESIGLNVLPHEQAPNR.F K.DDAQFAQQATTTPQTAHPAYR.L R.FQLELLKPELLLDEAGIESTLVYGSAR.I R.HGIGPNLHGVGAPVAAK.A K.GGVWDEAALDAYLK.A K.ALILYLQAKQ. K.AGFSYSGAMK.A K.AHGHPVFAVSEALK.S K.MSFAGLSPEDR.A K.SVPGNWDVAFMDEWLK.S K.MSFAGLSPEDR.A R.GLAFQGAPGANSDLAAR.E K.LESYQIGSGFAATK.F R.ALEELDFQTK.S R.VADHIFLLPESGLSIVGEHFLPIR.Y K.FYADIVGAPGDER.V R.ALALAEPAR.G K.FYADIVGAPGDERVDR.A R.LLGYTPQAR.P R.EYDPNLSLPLCYAFEDAIDAVR.E R.AIIPISLHGR.V K.ALGGFATNGVNMTK.L K.LPLFVIGEAR.P R.SETIVPGPTADDLAFVAANK.L R.QSLPAPPGDTLAVWR.L R.TIGVEIGEIPWRD. R.LSSTDPNLQNIPIR.T K.FGVTPDLVGDVLMGSDVNDVPGVR.G R.FPGISDYSIDTLETAR.A K.SQISFAEVQLDR.A R.IEGEHALAGQPFAGSPPR.Q R.AAHNAPIQIGTSADLTK.R R.AAHVAVQDTETASLDSVYGR.L R.VHTSYSLVGAQTGR.L R.LGALFADDVVK.V R.MPGALADAGLADVK.M R.GVPVGVAVYTTMLWK.L R.DAFIAAPGHVLAADYSQIELR.L R.ARYETVTTEALDR.W K.LSVPLEVEIGTKSWGDAH. K.LDLGTAPAGPPTLPR.A R.LEITPDEAQUALISR.Y K.STYTDALQEQVNTTGR.V K.SGDWSTQNELEL.L K.LSGEFANEMLR.I R.YETVTTEALDR.W R.LVGSVSLTGAGK.A R.LGIDAVNEK.F R.ATEYAAEDAEEVAWR.L K.IVNFSLVIGISR.W K.LSVPLEVEIGTK.S K.LKSTYTDALQEQVNTTGR.V K.LFLDEHGFR.S K.HQHGLDELA.L K.ANRDPDPEDLVQFPLIR.D K.AAAGEVIR.A K.WEEGAETLAPSIELVGKI. K.AWHDSSPAIGK.I K.WEEGAETLAPSIELVGK.I K.IAYHMLGDQNHVLANFVGLR.E K.FVPTDADVK.G R.NAGELVR.K K.FVPTDADVKG.W K.IAYHMLGDQNHVLANFVGLREDSGADR.A R.EDSGLADRATFVDPDGVQVMEITCEGVGR.N R.ATFVDPDGVQVMEITCEGVGR.N R.ATFVDPDGVQVMEITCEGVGR.N R.ANPGQVCPAKWEEGAETLAPSIELVGKI. R.ANPGQVCPAKWEEGAETLAPSIELVGK.I K.IAYHMLGDQNHVLANFVGLR.E R.EDSGLADR.A K.PFSATSYHQGK.F K.IAYHMLGDQNHVLANFVGLREDSGADR.A R.GATSQGIFAGDVTTPYK.Q K.LGSLPNVTVTSALTTEVLNGEK.V R.FGGQLDITLGDINFSVQHTEGPK.L R.ALVEEVAQSDR.I K.ASLAFHLIR.A R.HPIELVASLDASPK.S K.IAAKEPFDLVVGGGGGAAAAIYAAR.K K.LAAQLEAHVK.D R.HTAIDGALFQDEVERR.Q K.DYDVMNAQEAALIPGGANGLHEVK.L R.MDLAQIVAK.L R.HTAIDGALFQDEVERR.R K.EPFDLVVGGGGGAAAAIYAAR.K R.VAVVIGGGNSVGAALDLAGLVAHVTLIEFDSQLR.A R.RPSFAIR.G R.GTDEHLEIEGIFVQIQLVNPTEWLGDAVALSGR.G R.ADALQTK.L K.TVILSTGAR.W K.AAGNFFIALIGVPR.D K.ASNHQPHDHTDWDVWPEGR. R.CSPATFNSSDK.A K.HINLTGSDFDPSQFPPR.F K.GVILSGSPASVPAEGSPR.A R.EAGVSEIVPFSAAEAALAR.M R.VVYDYSKPPGTIEWE. K.FIGAEFINVFEERAR.K R.IINEVQGNR.V R.DHYNIPVAVDAER.F R.AVTSTDMTADIVPFDASFLSR.C R.YYGTQFHPEVHTPDGAK.L K.SHHNVGGLPER.M R.KADAVYLEEIR.N K.ELGLPDIQVGR.H K.ADAVYLEEIR.N R.KIGGADFLAQGTLPDVIESVSFTGGPSVTIK.S R.IVAVSDGAPFAVIANDER.R R.FMAGLAGITDPEQK.R
YP_615673	Sala_0619	conserved hypothetical protein 730	55.67%	11	
YP_615674	Sala_0620	cytochrome c, class I	35.37%	4	
YP_615675	Sala_0621	cytochrome c, class I	20.28%	4	
YP_615676	Sala_0622	Prephenate dehydratase	49.49%	11	
YP_615678	Sala_0624	hypothetical protein	36.20%	4	
YP_615679	Sala_0625	DNA polymerase I	42.58%	30	
YP_615683	Sala_0629	alkyl hydroperoxide reductase/ Thiol specific antioxidant/ Mal allergen	68.98%	17	
YP_615684	Sala_0630	FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase	55.19%	18	
YP_615685	Sala_0631	glutathione-dependent formaldehyde-activating, GFA	37.65%	4	
YP_615688	Sala_0634	GMP synthase-like protein	66.29%	27	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.VREAGVYSEIVPFSAAEAALR.M R.KFIGAEFINVFEER.K K.IGGADFLAQGLYLPDVIQSVFTGGPSVTIK.S R.NAGLDAIWAQFAVLLPKV.T R.SIFDGLPILGICYGQQVMSQQLGK.V R.IVAUSDGAPFAVANDERR.Y R.AFLTVEPCVDFDLGWQVGER.H K.LVEPLRELFKDEVR.L R.TYDHYCALR.A R.FMAGLAGITDPEQK.R K.VEPGIDGERDGEFGR.A K.FIGAEFINVFEER.K R.FQSEVPSFLAITER.G R.DLPGVGSGLTVPLLDYAVGK.I K.VVEFPFEVALQYGSADER.V K.LTDVTLRSPVPELDDGSATGSGGSSNR.H R.ADGVTTTDLR.D K.SHDTANSFLLTPEIAAFDR.V R.WSVTGNVADADQRTFTDR.I R.WSVTGNVADADQRT.T R.LDQDTLTLGPGGPGVGDPLTR.D R.LAIDNVFDAQK.K K.VTDSASINLR.L R.TALATPVIDEAIAGAVR.A R.NYGEVQLDISPR.A K.LLSFTGSPGVWDLK.A K.FTDWDAALAEVNSK.F K.FGLQAGLFTTR.D R.DGADLFTTDER.L K.VLTAWDHLVGGIVNDVSSYR.V R.DTFIPMISAR.E K.LKDVVPLVNLNK.A K.FTDWDAALAEVNSKFLQAGLFTTR.D R.LAAEATR.N R.FDELALVCVEAGKPIADSEGEVTR.L R.DGADLFTTDER.L R.DADLHALER.I R.AIHADVDR.F K.AAQPNSDLVTDKYTEIAFR.T R.YAESYGASGHR.V K.DWGLYGNDFVRL.Y K.DERFPFPPYLVQQR.D R.KAEVHTAPLAK.D R.DGPTVHVSTK.T K.TAEVDPVYFDIEVIGDIANAVQMK.E R.AWDFDQEEQQLDAAR.L R.TLRADQVAER.G R.GFADSYALR.M R.APQGTETGLSLVR.E R.GRPIAIAISADILAR.T K.EAGGDLTALSMLLDQAAFAETAK.I R.VPDLPAVFDGDTLAILAGFK.Y R.VFGEDLPRESYAK. K.VPDTDDTTVANMVK.V K.STHIEQVAAR.L R.LFSTANTVGLGDTSGLYHGTQQINQGQMDR.W R.VIRPNPWR.L R.DAIVLKDGGQVTEFR.E K.VPAFSEADAR.V K.DGGQVTEFR.E R.TVISWAQNTAIFHNIGFAFR.L R.MIVAEYQR.V R.WNIVVTLNLYPAATESAIVLAK.V R.QGFINGDISTVMSPR.T K.VPAFSEADARVFDLPAVFDGDTLAILAGFK.Y R.WWQYHYGTGK.S R.EGLLPWALQTPALVFDEYDAGRPMVMFVQR.V K.LTLQNR.V R.VLETEGKTLTLDQNR.V R.VNLDAHISR.I R.VMVGHYGTGK.S R.MIVAEYQR.V R.LFSTANTVGLGDTSGLYHGTQQINQGQMDR.W R.EVFGVDIMKVPFSEADAR.V R.WLTGYSQTELEGR.I R.YLDKIDELAK.G R.FPLVPGDSEEFPIPEVPK.T R.AVALGDSALDGEPLDR.H R.VMLLGGEAFTPR.H R.HVWVNFVSSSR.D K.AGRFPLVPGDSEEFPIPEVPK.T K.AQAEAGAAYAAR.V K.TVIGSVPLASR.S R.FGLSLDDVAADASSALPALPALR.A R.LIEPLGMSLTIPFPAK.G R.YAAGFGPDSK.L R.ADALFADAEAVGQTR.A K.PAAQPEVFNYSATSILSDIADTLTPSESPDR.R K.GGDILYIATAPGTGASGADVSR.A R.VDAFDRDPTGNPAVMPLEWLDATL.R R.AJAEENLSETAFLVPEDESGADYELR.W R.DAFAAYQASAR.G R.ALGGQVETLWHEGGYAVIVPDAASV.R R.IEGSVAPVDNADAYFATR.S R.DSQIGAWASDQSRPLDSR.A K.GHGPQFVFTNLSR.K R.DSQIGAWASDQSR.P R.IEFWQDR.A K.GGELAANPHVALLFHVK.S R.KGGELAANPHVALLFHVK.S R.ASEPNDSNAMALATATPDGRPSLR.M R.LSVSFDIATQAPQR.I R.LDLVTLAEVK.G R.ITLADGGTIDLK.L R.IMVDLPADDAALVK.L R.DGANIRLDLPVTLAEVK.G R.ITLADGGTIDLKLPAGVETGTQMR.L R.AQGGFSGFGNDGADFDIFGLFGGR.G R.AQFDRSEIDAGNPAAMPFGYGGAGFR.G K.LPAGVETGTQMR.L K.GQPGGGHGDVITIVK.D R.GGGPFGGGR.S K.VKVPVDPVMLISIPAGSSSGK.V K.SGGRGDLVR.I K.AYDILLSKAK.R K.AYDILLSK.A R.VNAISAGPIK.T K.YLANDYGPQGR.V R.WPTIDFVVAIGYTNK.E K.TLAASGIDFR.L K.WNEYNAPLR.R R.AAAMMAPFDPETGAGGSLTLYSAGK.V R.GLIMGLANDK.S R.VKPLADQLGCDLIDCDVSDMDLDAAFGSLAR.W R.NVTIDVGSALYLLSDASGVTGTHHVDAGYHTIGMK.Q K.TLAASGIDFR.LL.K.W K.SJAWGJAK.A K.ALHANGAELALSYQEVMAK.R R.VAFKPTISILTPVTVNK.A R.LSLSEADIQPFLDKR.R R.LSLSEADIQPFLDKR.R K.AGEATDIVTR.G K.TTGTISLMIENVDQR.S K.GVEIGAGFYAR.L K.AGSSLGAVIECAASGVPAWGAPVYAK.L R.KAGSSLGAVIECAASGVPAWGAPVYAK.L K.LSDLAAMMGINAVK.G
YP_615689	Sala_0635	TonB-dependent receptor	22.47%	11	
YP_615692	Sala_0638	aldehyde dehydrogenase	42.56%	16	
YP_615693	Sala_0639	thiamine pyrophosphate enzyme-like TPP-binding	16.24%	6	
YP_615696	Sala_0642	Cobalt chelatase, CobT subunit	14.50%	6	
YP_615698	Sala_0644	cobalt chelatase, pCobS small subunit	84.19%	23	
YP_615702	Sala_0648	hypothetical protein	19.67%	2	
YP_615703	Sala_0649	Pirin-like protein	21.77%	5	
YP_615705	Sala_0651	hypothetical protein	17.14%	2	
YP_615706	Sala_0652	beta-lactamase	27.15%	5	
YP_615707	Sala_0653	Phenazine biosynthesis PhzC/PhzF protein	43.59%	5	
YP_615708	Sala_0654	pyridoxamine 5'-phosphate oxidase	47.69%	8	
YP_615709	Sala_0655	chaperone DnaJ-like protein	63.61%	15	
YP_615711	Sala_0657	enoyl-acyl-carrier-protein reductase	73.45%	12	
YP_615713	Sala_0659	Chorismate synthase	32.12%	9	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615715	Sala_0661	sodium:dicarboxylate symporter	8.62%	2	R.AGSIQTSR.E R.TLNVIGDLVAATVVSAGIDDRREGDSPG.
YP_615717	Sala_0663	cytochrome P450	18.76%	5	R.HYADALNDGIR.G R.NPDSADHHPGEGDLPIGNTLEQLR.D R.LREEMLAAPAGEGVGHNSLGELELWFAK.E R.AFLVDYFSR.M K.IFFHHVTTTR.I R.VADAETAPEKLER.K R.PAADVPAVGGDLYEAVIAALK.D R.DYLEGFLAAR.P R.IEEVAHVEAPPK.A R.ASFGLYSNDDVAALIDGLAR.V R.GATEAINLVAYSHPK.K R.SADMTLAYEAAR.R R.GHNMVFAHVSNNVLSPLDVAR.A K.VGAEILIDGQAVPR.L K.LYPTGIGVLWSDKLDALPPWQGGSMIDR.V K.DDQJAFVR.G R.NSITLYPENSAGIVSFSMAGVHPHDIGTILDESQVAIR.A R.LPVDVAALGCDYVYVFSGHK.L R.IAIFGAK.D R.DYATVHR.G R.DQFRLTPGWHYLDTAATAQPKQAVIDATLAAMGR.D R.DAQQTDSQDVK.A R.SVLGGTATGYLKG.V R.AIVQDSGAIHQIEMSIGK.D R.SATANAKPELEIFADVK.C K.DATAALHLNIGGAYGR.I R.YADIDAVAAAWPLPAPESILVPAAGGFAR.A K.LLLQAFVAGVDFGAVDEAR.L R.LQELALAK.L R.LLDVYQPDFVHVLADGR.I R.LAILEDTSGLDIDALR.T K.IENLHATVADKPKL.G K.AVLLTHYQR.L R.AAAGFLGFQYVEIPGVSNVQFLR.E K.RPVNVGFSGGEK.K R.GLEPLSGGFELK.L R.TVGDGINTIMR.R R.NEWMQGLDPR.L K.STLSVVLGGRPYEVEGVTVEGQDLLDMEPHER.A R.GQQADGTAVDR.I R.ASELGLAIAINATR.A K.GVGTALFAATR.A R.EDGYPADWGDIGTFTTR.I R.DKALAEQGYR.T R.QADGPHRNPSPGEGGLKR.V R.GWGLSALDIAELQSR.A R.INAENTQOFER.T R.IKDQAAHAAAR.V R.NPTATVEHEATTSK.I K.VSWTQVETSATWV.Y R.VADYEHGWSADIETDFAPK.G K.LSSLEVDPEILEVYR.K R.NFTQCDLSLLGDR.C R.GLQEEAVALVNGFAK.E K.YSTVQNWYPGNAEGLGGYVFTK.R K.LNVPPIDYQDAYYAAAPK.P K.ISDQQLFANQR.G R.AGVYLSISEAIR.E R.GEGLDAAQLGDAFYDQSHLR.E R.FAGATPGQLSNPTLYQATTR.G K.AAWTESAGPAYAR.L R.FHDVLESQVPLDILR.R R.FGGVTATYEGWGLYSEELAK.D R.ASPDPAUSAEELSEELFNAAAAR.A R.GLPLLDALSAQSAER.A K.DNTPNPQGDIEK.A R.YIYVPGQATAYLIGK.L R.VANVAEAEAYVSR.I R.EAYLADVQYVK.A K.APLVWPKYFAER.E R.WDDVSEAAVAR.H R.LPAFFNTLPK.A R.DADYGRWDDVSEAAVAR.H K.GSLQEFFVHLR.T K.DMGFYTDYPSDFGR.L K.AYFALLANYTTTDMTASQIHGELGLAEVAR.I R.LVVDGTGHDKR.W K.TELEALAYHEGVPGHHLQR.A R.HKLQASAAAMR.A K.AFYQSPSPDGSRGTYVNYDLNDMSK.T R.QQAVAPTADGIWR.L K.LLQASAAAMR.A R.TSPQFYHTTR.E R.NHDYIFDQMGAQSQLPAFLINIHR.V R.EQAIQYK.D K.VAPDLEPADIDIVAVALDR.G R.GALELLDGVAAQPAAGAAKPVFLK.V R.LPLAAGGJASAEQAWER.I R.HGLVPLPLNIGANK.D R.GLAAVIVSNTTVARPPLASR.H R.VSDAVGAGA. R.ARHALTSPMLATELAGR.F K.EAIALNLFGR.Q R.NPAPTLIQDLASVYR.A K.TLIGVLDWGLDAK.E R.AIHVDGKPAVQTR.L R.QGVLIEDSEAGQIAAK.M R.LRNPAYAALLR.D K.ALFPQPAIDLAEAGFEVTPALHNWLV.R R.AAYLGDADFVDPVK.G K.VVLAVGSAGGK.R R.GFMDVVPGLSVGVPGNIR.L R.ETAPAAATDPR.F R.FEPVWKDFPAAR.A K.DNPM5WHLLAEAMQLAYADR.A K.VVLAVGSAGGKR.I R.NPAYAALLR.D R.GPGTSVAVDAPPQG. R.FLGPDKPR.G K.RPLSSMSPITVYVDPDGK.V R.LISPYGAAGR.Y R.GAADPRGPTSAVDGAPPQG. K.MQPFYSFTPTDLGSKL K.MQPFYSFTPTDLGSKL R.RLISPYGAAGR.Y R.VGQGDVSVHDWAPLVAGGAWVEEA.A K.LANWMLAQLR.V K.RPHLVGILVDPPEWAAEWAEEGLPK.E K.DLVNKGDNVSPQR.V R.VNGQLSVEK.V R.VLIDDWLTGDIHIDEAGR.I R.MGVLDRPVDILNLR.L K.LVSNIEETRTIMVVVPR.L R.EVAEQVAAALNLR.K R.KDFADAEFTIENEQMTPSMK.I R.DHQHLDNSGAR.A R.AWQALSWR.E R.VEGMLTLQPEILQAMVYGDK.R R.SDAHIVISMESLR.V R.IADDGEICVR.G R.FAIVDPANALAAAR.L R.AAGEATVPTSIGAER.A R.IPVLSDNVWLVHEPASGATMVVDPVAVDVLDAK.A R.LFEGTAEQMFANMQK.L R.GWAITDIWNTHWPHDHTGGNAIK.E
YP_615722	Sala_0668	protein of unknown function DUF59	36.54%	4	
YP_615723	Sala_0669	cysteine desulfurases, SufS subfamily	55.80%	12	
YP_615724	Sala_0670	SufB	55.79%	8	
YP_615725	Sala_0671	FeS assembly ATPase SufC	67.21%	10	
YP_615726	Sala_0672	acetyltransferase, GNAT family	30.99%	4	
YP_615727	Sala_0673	protein of unknown function DUF559	24.86%	3	
YP_615728	Sala_0674	FeS assembly protein SufB	37.17%	12	
YP_615732	Sala_0678	transcriptional regulator, AraC family	14.24%	2	
YP_615733	Sala_0679	protein of unknown function DUF885	60.33%	25	
YP_615734	Sala_0680	dihydroorotate dehydrogenase	35.11%	7	
YP_615735	Sala_0681	Gamma-glutamyltransferase	46.96%	23	
YP_615736	Sala_0682	AMP-dependent synthetase and ligase	39.77%	15	
YP_615738	Sala_0684	Hydroxyacylglutathione hydrolase	49.59%	8	





Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615772	Sala_0718	hypothetical protein	15.16%	4	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615774	Sala_0720	TrkA-N	27.61%	5	R.TLNNINFPFAIAAEVQGR.V R.GANLGGDITTSSTVSAAIEGALAGIR.S R.ILLTNDGYPHAPGMVLEAJAR.Q R.SJALSQVYR.E R.EGMGDSVFEAAEQWGAR.V R.GSIVEGTDPR.G R.FISVTPQLDLTHDPSLAALR.A K.LMPEKPDLLSGVNR.G R.VLAPLMTDMAPR.T R.GYPYVWFLHGIEHSGHSDLEAIDDR.F K.LMPEKPDLLSGVNR.G R.SFDFTPLEHADFAPALGLDFETAAK.M R.RGLAPLSAEILAADAELR.A R.GLAPLSAEILAADAELR.A R.AAESLLELELYPK.M R.LAALPNLPADDVPDEGEAAGNVLSR.W K.VELVITRPEDSDAELER.K R.EQILAEADLPIR.M R.AQLAALHDR.L R.ALQTDIQAALR.R R.DDAFGTTQPK.F K.FREDLQTTDGLWLISTSEMSTNAVR.E R.KTYDLEVWLPQNAYR.E R.DNPHAFDAGLAR.R R.ALGFMLDR.Q K.TYDLEVWLPQNAYR.E R.TVAILEWQQAQGSVDIPAALLPYMGGTR.L R.EIISCSNCGDFQAR.R R.EGGKNEFVHTLNSGLAVGR.T K.LIGQAMAAGDKKAEALKEVAALK.A K.LIGQAMAAGDKKAEALKEAL.A K.AALPAEEAER.A K.SILSEASTLAHLQDGPLREPLADR.A K.IADVGDALR.E R.ASSETDWAIER.L R.ASSETDWAIER.L K.SNLDSDYVPSDDEEFMNER.Q R.PIATMTLEAQR.H R.LQARPIATMTLEAQR.H R.RIDEGEYCAVTEGIFSLAR.L K.SILSEASTLAHLQDGLR.E R.AHFTDNRDSDHDLVADVAASVGLDR.A R.LLTWAGASEVPQAAPTQVQALK.L R.TEESWWADR.N R.DVSDHDLVADVAASVGLDR.A R.APEQTAARLAALK.V R.TGSTARLIVEHAR.L R.I.LGDKLIEDFEAR.E R.GYAATGLNLDVLAGSPK.G R.SVALQDFPAGGISAIDVFK.T R.DTNTYQFVGGGR.W R.TSGSGNPLFLPDSNDYDASLEYFYSR.T K.TSSAEVLEFSGIAQVNR.S R.AVLPNVPLLVGGVTADDFGR.W R.AGDTVQVHQR.A R.IIIEPNSDPPFESIR.R K.SVGGQGLVAGTVLVDVQVAR.V R.EAIEPAALASSAHSPEGLAAIEAGYAR.M R.NLTYGMLDLSK.A K.AIVTQYDRVDFTEALAK.Q K.AIVTQYDDR.V K.GTTIQSTRWNLDFIDVLR.W R.QFSELREIAEPAAAASSAHSPEGLAAIEAGYAR.M R.DLIEAELAGQANAGLFTVRPGVR.G K.FVFTPVGNPEADLTDNR.F R.WNEAEGVTR.L R.VTNGPFSVDGR.T R.ASGGYFAGYNGLLAIDAK.F K.LLAEIPVPVARPTSVAFGAQLDQIFISTASR.D R.GVALVQYALPHMTVRENMAFGLR.N K.VPANEITDRIETVAATLEIDR.L K.LFLLEPLSNLDAALR.L R.EGQTPFELLEDEALR.L R.GGDLTPFFGSALK.E R.IAVAGLDDPR.L K.DAVEGVYVTQR.N R.LEAEVYKCAK.L R.WIASDDPAALK.A R.VGDTLSER.S R.SDIMITGLNFAPELIR.R R.TLTAADSAMVIDAAK.G R.SVPIITFINKVDR.E K.IEASPWETAR.W R.TFAISHDQDKT R.SVPIITFINK.V K.EFGVTDLLAGLASHAPGQPQPAEPAPVRPDDDAVTFVFK.V K.VQANMNPARR.D R.PMLFLAQDR.E R.GAGADRDPGAPVFMK.D R.VGAPFDEIQVADR.L R.WGSVYYGPTGNLGPAAELQAITQTR.A R.TAYGSISSAVALAGAMALHPTAFLR.Y K.SDVGEYLTVWR.F R.AGQPIILSGSQAIAYV. R.ASVQGRDPGPGYSTSK.M K.GAGGVWTPGALLGQALIDR.L R.DLVGAPADTPLVADASDR.A R.KMAGGASGGTASLLETAL.A K.IFTNVDSIVDPK.D K.IFTNVDSIVDPKDFDPK.N R.TQGMIEPFVEAQR.R R.DGICISVGLSSYGDAR.V R.LSGADGTGVWNVLR.A K.QSLIAPGFPAEADYR.V R.VAIFDLEENRFVQR.G R.VAIFDLEENR.F R.AAQLTQTLPLIYDDTGLTIAGLR.T K.TSLATINAIYNAER.W R.TLVENALDTSERVPQAIEEAETALYR.V R.VLAEQSGVSGEALR.M K.SFSQASLTAAEA.A K.AVGGVGLAQLTSGGALIGAR.D R.IFQQTMAELIR.N R.SGDNVQIEISLR.G R.WFGLAEVNAK.S R.HGIGFIIVLYQLLQGSRR.S R.ALNSGGHLSGITTGIASMANAK.I K.ISKEQFQLSR.A K.ELNVPVMALSQLSR.Q R.VVEDLPVQLTDFHFFELHGR.I R.VQIEISEIR.G R.VDPAQIEEAETALYR.V R.ESGIEQDADMVLFVFR.E K.ALTDFDTSITGR.K
YP_615775	Sala_0721	stationary-phase survival protein SurE	66.67%	11	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615776	Sala_0722	seryl-tRNA synthetase	73.47%	21	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615778	Sala_0724	transcriptional regulators, TraR/DksA family	67.97%	8	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615782	Sala_0728	DSBA oxidoreductase	25.65%	4	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615788	Sala_0735	transcriptional regulator, TetR family	28.30%	4	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615794	Sala_0741	TonB-dependent receptor	8.28%	4	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615797	Sala_0744	KDPG and KHG aldolase	32.71%	4	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615799	Sala_0746	GntR-like protein	35.68%	6	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615800	Sala_0747	Senescence marker protein-30 (SMP-30)	39.79%	6	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615804	Sala_0751	ABC transporter related	17.26%	3	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615807	Sala_0754	peptide chain release factor 3	40.62%	17	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615808	Sala_0755	hypothetical protein	26.28%	2	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615813	Sala_0760	hypothetical protein	19.92%	3	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615814	Sala_0761	Saccharopine dehydrogenase	18.72%	4	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615815	Sala_0762	Deoxycytidine triphosphate deaminase	25.54%	4	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615817	Sala_0764	glycoside hydrolase, family 25	11.55%	2	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615818	Sala_0765	Uncharacterized conserved protein UCP032146	9.70%	2	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615819	Sala_0766	replicative DNA helicase	50.89%	17	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G
YP_615821	Sala_0768	phosphoadenosine phosphosulfate reductase	29.85%	5	R.LTAEALPLLR.N R.GAITDLIAMDIDAIDEMQK.T K.TAGAVDLYDYTEFEMR.D R.MEGHADEIHASGLR.L R.EIIEHEDADAITR.E R.FEVPVAGAQANLPEVPDEVKEER.Y R.RIDAVLR.E R.TLPIVIIDEVGEADEDGSSIGATGR.S R.SQADAPAEIDGHVYLR.D R.ERPVAEEVGR.S R.LTNHIVLVGVSGAEAVHELIQR.G R.QAGANNVINPVSTGLLLAGSAQGAHVAEYMADEASIGGR.V R.VAEAQSVLSAGR.D R.SLDQLASGGGR.G

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615822	Sala_0769	Uncharacterized conserved protein UCPO30820	51.35%	8	R.VAPDMPVLFLLDTGK.H R.EMLDAYFAEHLPR.H K.HFFETLALYRDLAAQLGNLNVLTDPDEDELAK.K R.FTQADVIR.L K.LIEIAFPFRR.D R.WPQHQTAAAGVPIWK.L R.AQGDVLDVQIAFMK.C R.AQGDVLDVQIAFMK.R R.LKLIIEAFPFR.D R.CGDSFAFKPLNPADVEAALTR.W R.AQGDVLDVQIAFMK.R R.EAGVYGLER.A R.LAGEITTDQFKPLR.L R.NISSDQWAGAAAEITDPRPWAELLR.Q K.LILHELGADEYRR.Q R.TYDRDVGHFTTR.Q R.QWSSFHPFESYLPR.K R.LHDIGIQUIVER.D R.IAAQFAPPPLDASAPDAIDR.S R.VTHAQNIVLPHVR.K R.KADLYAIWQK.L R.VAIEFSQVRR.R K.LILHELGADEYRR R.KGTENYQLLGGSGAEDVSLATITPGFDEDEGIVDAIER.V R.IAAQFAPPPLDASAPDAIDRSDPFVAVVDQNVAAHK.V R.VTDKYLATR.T R.DGVHGAAFVVGGMGR.T K.VPFGHAIWNISLKVGGIGDASSAQIDLMDLAER.Y K.IAVIAEDER.A K.SLIDPPKAEFDR.I R.QNIIYNIWK.L K.IAVIAEDERAAMR.L K.GTENYQLLGGSGAEDVSLATITPGFDEDEGIVDAIER.V .MYKYDEYDQAMVEAR.V K.LDEAGLAPMLDLSIDIACPLDYSCLANAR.S R.VAVPYGTILDSR.Q R.TPMIAPLIK.D R.SDPFVAVVDQNVAAHK.V R.RQVEEFVAVK.S R.QVEEFAVHK.S K.YDEYDQAMVEAR.V K.LEDAPAILADLASVEMHAIQTSNCIR.N K.LEDAPAILADLASVEMHAIQTSNCIR.N K.ADLYAIWQK.L R.TPMIAPLIKDFVPLDLLSYAEACLR.V R.RLAGEITTDQFKPLR.L R.DGVHGAAFVVGGMGR.T K.DVPLDLLSYAEACLR.V K.ALAHPGIDGLLFTGSAR.T R.TAAILVQSAFLSAGQR.C K.LVELLSAGVPQEVLR.L R.VKAESEAFADLIAR.E R.TEVEAVKVDISVK.A K.DSLADALJAEVRE R.ASIVGGLRDPGSQLVTK.K R.GKVSVDVAEVEIAR.R K.MLALEMGGNNPIVAVDTADIR.T K.AESEAFADLIAR.E R.VTFEAAEAENNTAFGLSAAIIGTQPLYDQFWANAR.A R.LLVGGPDTGK.A R.DPEGSQVTK.K R.ALGAVALLILR.G R.IVGAVALNDVGPQLTAGLDR.I R.TAIDAWMAELPRA. R.IVTYDQKIQAPLR.V R.IVEVPGVGHAPLDPEEAR.T R.VPNGDAGLDLWBPAYR.A R.IRDYVIGAGGSQPTWMHAAR.A R.DFEDLAPHLAQR.R R.AFAELNGAIPYNYGHDWLR.L R.GALSDILAR.S K.TDFPYSNFFPTTK.Q R.HNHVYLISSAR.A R.FSPPTGFYSSAVR.N R.SSGAWAAAGGIGTYSAVNADSYDAEGK.I K.TLQDIAHGGDVEQNLVAFAGHAFNK.T R.AEGISDDVPIVMAGVWYLR.D K.ERHEELJAYADGAVEQVRR.R R.TLDEGDLVLR.F K.TPDNTVFVTEADK.A K.QEAGDHVQLDVGVK.G K.DHDDYTTGYLADPR.S R.DWDDWIDPELQAFQYGRPLTTEESPPIPQAWK.D R.DWYAEGYTEALK.T R.ARDWYAEGYTEALK.T R.AHDIAGGK.G R.AHDIAGGK.G K.VADLMAAVYEDPWLGGHNGLSNAEDPLKPEAPYPR.V K.TPDNTVFVTEADKATR.K R.PLTTEESPPIPQAWK.D R.HEELJAYADGAVEQVRR.A R.HEELJAYADGAVEQVRR.R R.EVWVLVEGGK.G R.DWYAEGYTEALKTPDNTVFVTEADK.A
YP_615823	Sala_0770	nitrite/sulfite reductase, hemoprotein beta-component, ferredoxin-like protein	76.80%	36	K.GLKLKLYGGR.E R.RLPEAEIEELGASVHSDVTLR.I R.IAGAGLDVYTHEPAVDPALLALQNVLLPHLGSATIEGR.E K.ALIAALQTR.I R.LPEAEIEELGASVHSDVTLR.I K.LIANFAGVGDHDLAAAR.A R.IGAMKPTAYLINTAR.G R.GETVDEKALIAALQTR.I R.AFGLSIHYHR.R K.GIMVSNTPGVTEADTMDTALLSVPR.R R.KGPSIDVPLWEYR.R R.KGPSIDVPLWEYR.R R.IITTLIALQR.H R.RGDVVDVTEAPGK.A R.LVAHAHAQEPK.D K.INVHGGATLGHPIGASGT.R R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.AGVSGDDIER.I K.DFTVAVPGAINK.L R.QAMDDYTLTSLR.A R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A K.DGTITAATSSSISDGAADVLR.Q K.AAIAEGAFVAEIAPIVTSGR.R R.LVAHAHAQEPKDFTVAVPGAINK.L R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.GD VWVDTDEAPGK.A R.AKAAAECAFVAEIAPIVTSGR.R K.IPTLPAFAK.D K.SVQATTVVK.V R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.IYMGCVLPAGLGQAPAR.Q R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.QSVADAK.G R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A R.EHVIVLSDHSR.L R.QTLAGLAGEDQPKLR.L R.AIGINGTVPGLIR.L R.VLYHDLVALDRNPDVR.A R.HGEPGQGLDVGHR.V R.MDPTDVAOVNGSTYTFVLVNGVYQDNWTFALFRPGR.V R.GFVNGALGGGALAALACYPAWAPVYVAGIAPPLPSVSGTDIRL.I R.AGLFAPVPLR.A K.MSDHHEPIFPLTGER.V
YP_615826	Sala_0773	aldehyde dehydrogenase	40.12%	13	R.DGVHGAAFVVGGMGR.T K.DVPLDLLSYAEACLR.V K.ALAHPGIDGLLFTGSAR.T R.TAAILVQSAFLSAGQR.C K.LVELLSAGVPQEVLR.L R.VKAESEAFADLIAR.E R.TEVEAVKVDISVK.A K.DSLADALJAEVRE R.ASIVGGLRDPGSQLVTK.K R.GKVSVDVAEVEIAR.R K.MLALEMGGNNPIVAVDTADIR.T K.AESEAFADLIAR.E R.VTFEAAEAENNTAFGLSAAIIGTQPLYDQFWANAR.A R.LLVGGPDTGK.A R.DPEGSQVTK.K R.ALGAVALLILR.G R.IVGAVALNDVGPQLTAGLDR.I R.TAIDAWMAELPRA. R.IVTYDQKIQAPLR.V R.IVEVPGVGHAPLDPEEAR.T R.VPNGDAGLDLWBPAYR.A R.IRDYVIGAGGSQPTWMHAAR.A R.DFEDLAPHLAQR.R R.AFAELNGAIPYNYGHDWLR.L R.GALSDILAR.S K.TDFPYSNFFPTTK.Q R.HNHVYLISSAR.A R.FSPPTGFYSSAVR.N R.SSGAWAAAGGIGTYSAVNADSYDAEGK.I K.TLQDIAHGGDVEQNLVAFAGHAFNK.T R.AEGISDDVPIVMAGVWYLR.D K.ERHEELJAYADGAVEQVRR.R R.TLDEGDLVLR.F K.TPDNTVFVTEADK.A K.QEAGDHVQLDVGVK.G K.DHDDYTTGYLADPR.S R.DWDDWIDPELQAFQYGRPLTTEESPPIPQAWK.D R.DWYAEGYTEALK.T R.ARDWYAEGYTEALK.T R.AHDIAGGK.G R.AHDIAGGK.G K.VADLMAAVYEDPWLGGHNGLSNAEDPLKPEAPYPR.V K.TPDNTVFVTEADKATR.K R.PLTTEESPPIPQAWK.D R.HEELJAYADGAVEQVRR.A R.HEELJAYADGAVEQVRR.R R.EVWVLVEGGK.G R.DWYAEGYTEALKTPDNTVFVTEADK.A
YP_615827	Sala_0774	alpha/beta hydrolase fold	49.84%	10	R.DGVHGAAFVVGGMGR.T K.DVPLDLLSYAEACLR.V K.ALAHPGIDGLLFTGSAR.T R.TAAILVQSAFLSAGQR.C K.LVELLSAGVPQEVLR.L R.VKAESEAFADLIAR.E R.TEVEAVKVDISVK.A K.DSLADALJAEVRE R.ASIVGGLRDPGSQLVTK.K R.GKVSVDVAEVEIAR.R K.MLALEMGGNNPIVAVDTADIR.T K.AESEAFADLIAR.E R.VTFEAAEAENNTAFGLSAAIIGTQPLYDQFWANAR.A R.LLVGGPDTGK.A R.DPEGSQVTK.K R.ALGAVALLILR.G R.IVGAVALNDVGPQLTAGLDR.I R.TAIDAWMAELPRA. R.IVTYDQKIQAPLR.V R.IVEVPGVGHAPLDPEEAR.T R.VPNGDAGLDLWBPAYR.A R.IRDYVIGAGGSQPTWMHAAR.A R.DFEDLAPHLAQR.R R.AFAELNGAIPYNYGHDWLR.L R.GALSDILAR.S K.TDFPYSNFFPTTK.Q R.HNHVYLISSAR.A R.FSPPTGFYSSAVR.N R.SSGAWAAAGGIGTYSAVNADSYDAEGK.I K.TLQDIAHGGDVEQNLVAFAGHAFNK.T R.AEGISDDVPIVMAGVWYLR.D K.ERHEELJAYADGAVEQVRR.R R.TLDEGDLVLR.F K.TPDNTVFVTEADK.A K.QEAGDHVQLDVGVK.G K.DHDDYTTGYLADPR.S R.DWDDWIDPELQAFQYGRPLTTEESPPIPQAWK.D R.DWYAEGYTEALK.T R.ARDWYAEGYTEALK.T R.AHDIAGGK.G R.AHDIAGGK.G K.VADLMAAVYEDPWLGGHNGLSNAEDPLKPEAPYPR.V K.TPDNTVFVTEADKATR.K R.PLTTEESPPIPQAWK.D R.HEELJAYADGAVEQVRR.A R.HEELJAYADGAVEQVRR.R R.EVWVLVEGGK.G R.DWYAEGYTEALKTPDNTVFVTEADK.A
YP_615829	Sala_0776	2-nitropropane dioxygenase, NPD	74.52%	24	R.DGVHGAAFVVGGMGR.T K.DVPLDLLSYAEACLR.V K.ALAHPGIDGLLFTGSAR.T R.TAAILVQSAFLSAGQR.C K.LVELLSAGVPQEVLR.L R.VKAESEAFADLIAR.E R.TEVEAVKVDISVK.A K.DSLADALJAEVRE R.ASIVGGLRDPGSQLVTK.K R.GKVSVDVAEVEIAR.R K.MLALEMGGNNPIVAVDTADIR.T K.AESEAFADLIAR.E R.VTFEAAEAENNTAFGLSAAIIGTQPLYDQFWANAR.A R.LLVGGPDTGK.A R.DPEGSQVTK.K R.ALGAVALLILR.G R.IVGAVALNDVGPQLTAGLDR.I R.TAIDAWMAELPRA. R.IVTYDQKIQAPLR.V R.IVEVPGVGHAPLDPEEAR.T R.VPNGDAGLDLWBPAYR.A R.IRDYVIGAGGSQPTWMHAAR.A R.DFEDLAPHLAQR.R R.AFAELNGAIPYNYGHDWLR.L R.GALSDILAR.S K.TDFPYSNFFPTTK.Q R.HNHVYLISSAR.A R.FSPPTGFYSSAVR.N R.SSGAWAAAGGIGTYSAVNADSYDAEGK.I K.TLQDIAHGGDVEQNLVAFAGHAFNK.T R.AEGISDDVPIVMAGVWYLR.D K.ERHEELJAYADGAVEQVRR.R R.TLDEGDLVLR.F K.TPDNTVFVTEADK.A K.QEAGDHVQLDVGVK.G K.DHDDYTTGYLADPR.S R.DWDDWIDPELQAFQYGRPLTTEESPPIPQAWK.D R.DWYAEGYTEALK.T R.ARDWYAEGYTEALK.T R.AHDIAGGK.G R.AHDIAGGK.G K.VADLMAAVYEDPWLGGHNGLSNAEDPLKPEAPYPR.V K.TPDNTVFVTEADKATR.K R.PLTTEESPPIPQAWK.D R.HEELJAYADGAVEQVRR.A R.HEELJAYADGAVEQVRR.R R.EVWVLVEGGK.G R.DWYAEGYTEALKTPDNTVFVTEADK.A
YP_615831	Sala_0778	Glycolate reductase	45.48%	9	K.GLKLKLYGGR.E R.RLPEAEIEELGASVHSDVTLR.I R.IAGAGLDVYTHEPAVDPALLALQNVLLPHLGSATIEGR.E K.ALIAALQTR.I R.LPEAEIEELGASVHSDVTLR.I K.LIANFAGVGDHDLAAAR.A R.IGAMKPTAYLINTAR.G R.GETVDEKALIAALQTR.I R.AFGLSIHYHR.R K.GIMVSNTPGVTEADTMDTALLSVPR.R R.KGPSIDVPLWEYR.R R.KGPSIDVPLWEYR.R R.IITTLIALQR.H R.RGDVVDVTEAPGK.A R.LVAHAHAQEPK.D K.INVHGGATLGHPIGASGT.R R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.AGVSGDDIER.I K.DFTVAVPGAINK.L R.QAMDDYTLTSLR.A R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A K.DGTITAATSSSISDGAADVLR.Q K.AAIAEGAFVAEIAPIVTSGR.R R.LVAHAHAQEPKDFTVAVPGAINK.L R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.GD VWVDTDEAPGK.A R.AKAAAECAFVAEIAPIVTSGR.R K.IPTLPAFAK.D K.SVQATTVVK.V R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.IYMGCVLPAGLGQAPAR.Q R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.QSVADAK.G R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A R.EHVIVLSDHSR.L R.QTLAGLAGEDQPKLR.L R.AIGINGTVPGLIR.L R.VLYHDLVALDRNPDVR.A R.HGEPGQGLDVGHR.V R.MDPTDVAOVNGSTYTFVLVNGVYQDNWTFALFRPGR.V R.GFVNGALGGGALAALACYPAWAPVYVAGIAPPLPSVSGTDIRL.I R.AGLFAPVPLR.A K.MSDHHEPIFPLTGER.V
YP_615832	Sala_0779	protein of unknown function DUF1058	12.39%	2	R.RGDVVDVTEAPGK.A R.LVAHAHAQEPK.D K.INVHGGATLGHPIGASGT.R R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.AGVSGDDIER.I K.DFTVAVPGAINK.L R.QAMDDYTLTSLR.A R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A K.DGTITAATSSSISDGAADVLR.Q K.AAIAEGAFVAEIAPIVTSGR.R R.LVAHAHAQEPKDFTVAVPGAINK.L R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.GD VWVDTDEAPGK.A R.AKAAAECAFVAEIAPIVTSGR.R K.IPTLPAFAK.D K.SVQATTVVK.V R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.IYMGCVLPAGLGQAPAR.Q R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.QSVADAK.G R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A R.EHVIVLSDHSR.L R.QTLAGLAGEDQPKLR.L R.AIGINGTVPGLIR.L R.VLYHDLVALDRNPDVR.A R.HGEPGQGLDVGHR.V R.MDPTDVAOVNGSTYTFVLVNGVYQDNWTFALFRPGR.V R.GFVNGALGGGALAALACYPAWAPVYVAGIAPPLPSVSGTDIRL.I R.AGLFAPVPLR.A K.MSDHHEPIFPLTGER.V
YP_615834	Sala_0781	Acetyl-CoA C-acetyltransferase	61.77%	22	R.RGDVVDVTEAPGK.A R.LVAHAHAQEPK.D K.INVHGGATLGHPIGASGT.R R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.AGVSGDDIER.I K.DFTVAVPGAINK.L R.QAMDDYTLTSLR.A R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A K.DGTITAATSSSISDGAADVLR.Q K.AAIAEGAFVAEIAPIVTSGR.R R.LVAHAHAQEPKDFTVAVPGAINK.L R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.GD VWVDTDEAPGK.A R.AKAAAECAFVAEIAPIVTSGR.R K.IPTLPAFAK.D K.SVQATTVVK.V R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.IYMGCVLPAGLGQAPAR.Q R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.QSVADAK.G R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A R.EHVIVLSDHSR.L R.QTLAGLAGEDQPKLR.L R.AIGINGTVPGLIR.L R.VLYHDLVALDRNPDVR.A R.HGEPGQGLDVGHR.V R.MDPTDVAOVNGSTYTFVLVNGVYQDNWTFALFRPGR.V R.GFVNGALGGGALAALACYPAWAPVYVAGIAPPLPSVSGTDIRL.I R.AGLFAPVPLR.A K.MSDHHEPIFPLTGER.V
YP_615837	Sala_0784	Copper-resistance protein CopA	30.51%	9	R.RGDVVDVTEAPGK.A R.LVAHAHAQEPK.D K.INVHGGATLGHPIGASGT.R R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.AGVSGDDIER.I K.DFTVAVPGAINK.L R.QAMDDYTLTSLR.A R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A K.DGTITAATSSSISDGAADVLR.Q K.AAIAEGAFVAEIAPIVTSGR.R R.LVAHAHAQEPKDFTVAVPGAINK.L R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.GD VWVDTDEAPGK.A R.AKAAAECAFVAEIAPIVTSGR.R K.IPTLPAFAK.D K.SVQATTVVK.V R.TPMGSMQSLSDASATDLGATAVK.A R.IYMGCVLPAGLGQAPAR.Q R.AMGTFAQDTADAYQLSR.Q R.QSVADAK.G R.IGHDTAYDHFMLDGLEDAVDAGR.A R.EHVIVLSDHSR.L R.QTLAGLAGEDQPKLR.L R.AIGINGTVPGLIR.L R.VLYHDLVALDRNPDVR.A R.HGEPGQGLDVGHR.V R.MDPTDVAOVNGSTYTFVLVNGVYQDNWTFALFRPGR.V R.GFVNGALGGGALAALACYPAWAPVYVAGIAPPLPSVSGTDIRL.I R.AGLFAPVPLR.A K.MSDHHEPIFPLTGER.V

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615838	Sala_0785	copper resistance B precursor	16.20%	3	R.VGFVSLNLAEQAR.K K.SEGETVFGGEVAAEQQLYSR.A R.ADGEEDVSLGIVAGVK.L R.DPEYLAVDGTK.A R.VPTLDEVYPVK.M K.LKGYGDITEK.Q R.LVKGDEITLGG.K K.AQEMALVAEQSLPERDPEYLAVDGTK.A R.REYGPQHQQR.R K.GDTGQNLIGLLER.R R.RLDAVYR.A R.MKGDGQNLIGLLER.R K.MEPNLVVEFYSR. R.EYGPQHQQR.R R.MGENIWGRPK.S K.MSDFGQLR.A R.QLVSHGHVYVWGVK.C K.NYIEASR.M K.AQEMALVAEQSLPER.D K.GYYGDIKTEK.Q R.VPTLDEVYPVKMEPNLVEFYSR. K.FTPTIFSR.Q K.ATVVRVPTLDEVYPVK.M R.VPTLDEVYPVKMEPNLVEFYSR. R.MKGDGQNLIGLLER.R R.MGENIWGRPK.S R.LVKGDEITLGGK.A R.AKFTPTIFSR.Q K.MSDFGQLR.A K.MEPNLVVEFYSR. K.KAQEMALVAEQSLPERDPEYLAVDGTK.A K.KAQEMALVAEQSLPERDPEYLAVDGTK.A K.KAQEMALVAEQSLPER.D K.KAQEMALVAEQSLPERDPEYLAVDGTK.A K.AQEMALVAEQSLPER.D R.LDAVYR.A K.KNYIEASR.M K.KAQEMALVAEQSLPER.D R.DGWPNDGAPASAGADVLAGAR.V R.AMLNFGITEL.L R.VFETLAEVAADCTDIYATVR.K R.SAYVFGPER.S K.TGWSHNDIR.M R.DFEFFASTITEAARPIK. R.QLETSGENEVQASQIGAMVMEALK.G R.DFTTEARDFEFFASTITEAAR.P R.DFEFFASTITEAAR.P K.GFDNVAVIR.F K.SAGYFTDGAIVDPAAAAAMTR.E R.INSVAFPGQLGGPLMHVIAAK.A R.DKGEHGDADVEADV.R.G R.ADDHLVDFDQVEALAR.E R.EHNPALTAGSAYPR.T R.GADIVAGGDTHLALIDLRLPLGITGR.D R.AVLEAQGSVFTNK.Y K.ATIANAQALANR.L K.WFNVAQYVGR.A K.AVAFGEALRPEFK.D R.GGMILTNDIAIKR.R R.ELERQYQIELIASENIVSR.A R.GGMILTNDIAIKR.I R.DADEALER.S K.GEHGDADVEADV.R.G R.GFGIAEFEAIGDMADVLDALR.D K.NGVPPDLPFK.T K.YAEGYRGR.R R.YYQGCAPSDEVEQLAIDR.A R.TLDFAR.F R.GFGIAEFEAIGDMADVLDALR.D R.EQYQIELIASENIVSR.A K.YAEGYRGR.Y K.AVAFGEALRPEFKYAK.A R.IAIAADHAAYELK.A K.LSNPQLETSR. R.EKGEHEVDLGTNGPDSVDYDYGRL R.EHNDANVIAMGAR.L K.GHEVEDLGTNGPDSVDYDYGRL R.ANIHFFHELDQLMK.S R.APVALILHPHQQGGTMNDR.I K.SLDNYLDMR.L K.GITIHHEIPR.A R.APVALILHPHQQGGTMNDR.I K.SLDNYLDMR.L R.AAAAAVEVAR.D R.VFFTSGATELWALLR.G R.AMGVSEADAR.A R.YTSEQELR.D R.LDKDASHVER.L R.DQVAALLPGGGR.V R.SSAGLMAALEGNSGGGATDLAR.A K.EGVEAPEAIIWLANAAEGSVR.D R.DGLSILDQAIAHADLDGGK.V R.LVYAPVSALDGFAR.R R.VIYAASLPDPGELAK.L R.LVFGDNNQHR.S R.AQIALGIEPAMVR.G K.LLESGGPAMPVAAAAATGSR.A R.LWQLLK.G R.LLESTGHHQLAR.Q R.ITPDMLEFAHFSAILQK.E R.GLMELTHAITLAK.V K.FLIFATTEVKNVPTLSR.C K.ALNCIGPDGQGGTIDPCGVCEPCRAITEGR.H R.LDSVEVEVSGGGVLK.I K.AAQEAAAQVQMQEAQAR.L K.TVLIPEENEKDLVEIPANITSGLK.I R.SVVDQFENYAK.L K.AESVITIPENLSDFSGVR.K R.NYLDLIGLPWKK.K K.AQALDDHYALEK.V R.ELGNDGEGGDDLAELQK.I R.LADSVAGNLNIK.V R.GDPASALLELDPEQNAK.F K.LGCVTESVQAALSFK.A R.LEGYTEDEKVEIAK.R R.DIVFPHMVPLFVGR.D K.MPAETAVALSQIDDASR.L K.DGPSAGVMVTAMISTLTGIADR.R K.VADKQALLVEDAPSK.R K.I.LALTEDR.A R.IVEYLAVQAR.T R.HGISDLEDOVAVTGLAWTEVGGELLTIEAVTASGK.G R.APAYGKPSLFAR.K K.AESVITIPENLSDFSGVR.Y K.QALLVEDAPSKR.L K.DLVEIPANITSGLK.I R.SVAALAAAMEAGK.E R.NYLDLIGLPWKK.S K.QALLVEDAPSK.R K.MPAETAVALSQIDDASR.L K.AGTMNPLFLDEIDKLGQDFR.G R.TYIGSLPGK.I R.AMAPSIAEATVR.N K.QVEAHGLKGEFELTEDGLR.D R.QSLGGVRDEAER.G R.KDIHHPGAVPK.D
YP_615839	Sala_0786	RNA-binding S4	88.67%	35	
YP_615841	Sala_0788	tRNA/rRNA methyltransferase (SpoU)	29.44%	5	
YP_615842	Sala_0789	Protein of unknown function DUF193	45.16%	5	
YP_615844	Sala_0791	Glycine hydroxymethyltransferase	63.68%	25	
YP_615845	Sala_0792	sugar-phosphate isomerases, RpiB/LacA/LacB family	41.33%	5	
YP_615846	Sala_0793	hydrolase	24.77%	6	
YP_615847	Sala_0794	aminotransferase, class V	18.46%	6	
YP_615849	Sala_0796	DNA polymerase III, subunits gamma and tau	44.42%	15	
YP_615850	Sala_0797	conserved hypothetical protein 103	31.53%	2	
YP_615851	Sala_0798	ATP-dependent protease La	53.88%	36	





Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615894	Sala_0843	trigger factor	46.69%	31	K.RQVALIESGGVEVQETR.L K.MLESGDGAIAIVDREGLK.Q R.YFPDPLLPLELDDAFLEECR.A K.LFSGATAFGAEPNTQVSLVDAAMPGLMPVNR.E R.LYDPRDRETR.S R.KNYFYADLPQGYQISLVHPLVGEGLTIADEK.A K.LFSGATAFGAEPNTQVSLVDAAMPGLMPVNR.E K.EALGFVFGQTMK.A K.VTFPEYDYPVETLK.G R.LGLLSEIGQAHGVQVSSQEMQR.L R.FVEYQQDALAAQLR.A R.APLYEDKVVDFLEK.A K.SLGLLESLDKL.K.E K.VVDFLEK.A R.LTVPADDKAVMAK.I K.IEEFAAQMK.R K.TVETLNEGLK.R.E K.ELMKDQVEQLNGLTR.T K.VPAATKIDDEFK.S K.MHGAALSADALNK.A K.LRPAALQPAVTLADGYEAGK.D K.LAEFAVTVK.E K.DQVEQELNGLTR.T R.KMHGAALSADALNK.A K.AAAEKEAPEAK.K K.EAVKDEAK.A R.LIMQAAQYRVEDR.Q R.APLYEDK.V K.SLGLLESLDK.L R.LGLLSEIGQAHGVQVSSQEMQR.L K.IEEFAAQMK.R K.EAVKDEAKAEAPAK.K R.QRFVEYQQDALAAQLR.A R.PALQPAVTLADGYEAGK.D K.TVETLNEGLK.R K.EAVKDEAK.A K.IDDEFK.S K.AIDAGVRDLMAK.E K.AEAKPAAK.K R.ALGNAGYPEPR.I R.TWVGQVSAARSTIWNK.L R.EALGQLDLPPVPISYADVADLAR.L R.SASGALETVPWVR.V R.SAAAFDAAAIQTQDR.H R.RPLVLLDQVTDPHNIGAVLR.S R.HAVLALANPDR.A R.MESLNSIAAAIALYAVATASK. R.IGLMGDITETLGETLDGSK.V R.ALEAEAEQYWR.I R.DAPHQGLVIEVDPDGVHLGDLQEEVDAESR.R R.SAAAFDAAAIQTQDRSPPEGSVIAR.S K.VALLVGESEGDGMR.H R.TTILGTPDNRGR.V R.EAATQYHSENEAGWK.S R.AHIVPLSEALAVLVK.A K.TPDAVQAAYR.R K.PSYSRLALDLLITGVRSQEVRL.L R.YAGVYLESQGTTIADLYAAR.L R.ILEAESLISVVR.G R.VKDILAELEMLQDTR.H R.HAEFVDNIAVHFQALVEATGNNTLSFMNR.M K.TSELVADQIR.A R.NANETWAQR.G R.NHQNDYQR.R R.GELQEGDSLPEEGTLMATLIGSRPTLR.E K.MIEEGDEGAVAHWR.L R.LAIEPTVVR.W K.TSELVADQIRAIIR.G K.VALLGTTTLATELGR.M R.AYAVGLANAGASVVADLNKEGAER.V K.IVNLQISAGAFPAQTPIYGISK.V R.LNAGGVYNNGGQINPHPTFGGIGISGFGK.E K.QTVQADIPLAGAK.E K.AGIDFLHYK.T R.ASAEALAQSGVK.V .MKLDNSIAAVTGGASGLGR.A K.VDITSEDSVAGYEAAAR.A K.VAIFDVNEEGR.A R.VNSIMPGFATPPMLAVK.D R.APAIFEGLAASVPPFK.R R.NSYFNGQNL.R.L K.DRAPAIFEGLAASVPPFK.R K.VDAAFQDSGPNQGSR.T R.VYGEIEEGSR.L R.KEGEYLITGR.D K.YNDEAWDPVFAK.A R.APSQIIDDQVWASFQHDR.G R.VVDFLEGLDVSEAVR.R K.GFTAAMLPATTGNLKP.Y R.FAVNVLQIQGQPTSNR.F R.LLDLDFSEAVVERLAGAPR.A R.GGSELVPSDDAAAFVATFPDGLAEVEDR.A K.TGEDFVYVYVVDLDGAPGR.L R.LLPGDQIQITTPDTEPFVQAAE.E K.VAVEVTPQEDVWLPNFR.K R.WTARVASASGAPSQLEGVV.V R.VASSASGAPSQLEGVV.V R.IGALYENDGYR.A R.YSTAEQALPLILLNSDAAR.F K.VAGDAVLSAFK.A R.TSLLLDIAADAASDRPALGSGEEAIDFGTYR.A R.IAFASGDPAIR.R R.ASCEGSTVTVR.G K.VSNFIANDTTQPLFLDPSQGAATAAR.Q K.GVYDTSQYGTDTVPEISGIIK.T R.VGAGGSQASAGNPALLPYK.S R.SDFGNLAAEGVAGVEVYK.S R.FANIEENRPGPTDIYQVQNAAYDFYDFQR.E R.ASLEQAQNIKR.N K.DLAITGAVGSNR.N R.LVGYHLINETK.L R.ASGAFFSALDRYDLLEPFALDVPR.A R.LLGSIEGDVLTPEPNFIGYR.T R.TVASLPAHGAYIAR.Y R.SADEVSTSSASSAPAFDPQPHLILNLAIGGR.L R.AGSSSPTAKVTREYSSARITRGA.A R.IAFIAGSEYPLSQWR.V R.ELGIEIPSQLSLVDFNTPIVR.F R.EELNQAHVHGGITLHDVIDDR.F K.GADGLIPVAAGAGGHAGR.Q R.AADIVSNLFTGVHGNLRL.Q R.EWFDQVWVPLSAGIGHGR.S K.AGIVGSFPALNAR.P R.PQSLDEWLHR.I R.LPVIGSPLFVSGPDLVIAQCK.A K.SNDRLEADIACTAK.W K.DIWSSGGIGAGVSNRPAEVAELETQYLAAR.R R.SILAAQACGADLAYSASFATIAEANADEGVKNGIVEGR.A R.SILAAQACGADLAYSASFATIAEANADEGVK.N K.VPITITSLGAR.E R.IAIDPADIPEGAETVDAR.G R.LGLSSAPAIEMAIAR.D R.DLSLVEETGAPVHFR.Q K.GGKPDVWVPLAANTK.G R.LPFAEALPGMAGAEITLAMGLNLRV.D R.AALMPDNGPLDGVGLVER.A R.LAGLTIINAFENSTR.T
YP_615895	Sala_0844	HhH-GPD	14.15%	2	R.LGLLSEIGQAHGVQVSSQEMQR.L
YP_615897	Sala_0846	RNA methyltransferase TrmH, group 3	70.96%	11	R.SASGALETVPWVR.V R.SAAAFDAAAIQTQDR.H R.RPLVLLDQVTDPHNIGAVLR.S R.HAVLALANPDR.A R.MESLNSIAAAIALYAVATASK. R.IGLMGDITETLGETLDGSK.V R.ALEAEAEQYWR.I R.DAPHQGLVIEVDPDGVHLGDLQEEVDAESR.R R.SAAAFDAAAIQTQDRSPPEGSVIAR.S K.VALLVGESEGDGMR.H R.TTILGTPDNRGR.V R.EAATQYHSENEAGWK.S R.AHIVPLSEALAVLVK.A K.TPDAVQAAYR.R K.PSYSRLALDLLITGVRSQEVRL.L R.YAGVYLESQGTTIADLYAAR.L R.ILEAESLISVVR.G R.VKDILAELEMLQDTR.H R.HAEFVDNIAVHFQALVEATGNNTLSFMNR.M K.TSELVADQIR.A R.NANETWAQR.G R.NHQNDYQR.R R.GELQEGDSLPEEGTLMATLIGSRPTLR.E K.MIEEGDEGAVAHWR.L R.LAIEPTVVR.W K.TSELVADQIRAIIR.G K.VALLGTTTLATELGR.M R.AYAVGLANAGASVVADLNKEGAER.V K.IVNLQISAGAFPAQTPIYGISK.V R.LNAGGVYNNGGQINPHPTFGGIGISGFGK.E K.QTVQADIPLAGAK.E K.AGIDFLHYK.T R.ASAEALAQSGVK.V .MKLDNSIAAVTGGASGLGR.A K.VDITSEDSVAGYEAAAR.A K.VAIFDVNEEGR.A R.VNSIMPGFATPPMLAVK.D R.APAIFEGLAASVPPFK.R R.NSYFNGQNL.R.L K.DRAPAIFEGLAASVPPFK.R K.VDAAFQDSGPNQGSR.T R.VYGEIEEGSR.L R.KEGEYLITGR.D K.YNDEAWDPVFAK.A R.APSQIIDDQVWASFQHDR.G R.VVDFLEGLDVSEAVR.R K.GFTAAMLPATTGNLKP.Y R.FAVNVLQIQGQPTSNR.F R.LLDLDFSEAVVERLAGAPR.A R.GGSELVPSDDAAAFVATFPDGLAEVEDR.A K.TGEDFVYVYVVDLDGAPGR.L R.LLPGDQIQITTPDTEPFVQAAE.E K.VAVEVTPQEDVWLPNFR.K R.WTARVASASGAPSQLEGVV.V R.VASSASGAPSQLEGVV.V R.IGALYENDGYR.A R.YSTAEQALPLILLNSDAAR.F K.VAGDAVLSAFK.A R.TSLLLDIAADAASDRPALGSGEEAIDFGTYR.A R.IAFASGDPAIR.R R.ASCEGSTVTVR.G K.VSNFIANDTTQPLFLDPSQGAATAAR.Q K.GVYDTSQYGTDTVPEISGIIK.T R.VGAGGSQASAGNPALLPYK.S R.SDFGNLAAEGVAGVEVYK.S R.FANIEENRPGPTDIYQVQNAAYDFYDFQR.E R.ASLEQAQNIKR.N K.DLAITGAVGSNR.N R.LVGYHLINETK.L R.ASGAFFSALDRYDLLEPFALDVPR.A R.LLGSIEGDVLTPEPNFIGYR.T R.TVASLPAHGAYIAR.Y R.SADEVSTSSASSAPAFDPQPHLILNLAIGGR.L R.AGSSSPTAKVTREYSSARITRGA.A R.IAFIAGSEYPLSQWR.V R.ELGIEIPSQLSLVDFNTPIVR.F R.EELNQAHVHGGITLHDVIDDR.F K.GADGLIPVAAGAGGHAGR.Q R.AADIVSNLFTGVHGNLRL.Q R.EWFDQVWVPLSAGIGHGR.S K.AGIVGSFPALNAR.P R.PQSLDEWLHR.I R.LPVIGSPLFVSGPDLVIAQCK.A K.SNDRLEADIACTAK.W K.DIWSSGGIGAGVSNRPAEVAELETQYLAAR.R R.SILAAQACGADLAYSASFATIAEANADEGVKNGIVEGR.A R.SILAAQACGADLAYSASFATIAEANADEGVK.N K.VPITITSLGAR.E R.IAIDPADIPEGAETVDAR.G R.LGLSSAPAIEMAIAR.D R.DLSLVEETGAPVHFR.Q K.GGKPDVWVPLAANTK.G R.LPFAEALPGMAGAEITLAMGLNLRV.D R.AALMPDNGPLDGVGLVER.A R.LAGLTIINAFENSTR.T
YP_615921	Sala_0870	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	23.28%	3	R.AYAVGLANAGASVVADLNKEGAER.V K.IVNLQISAGAFPAQTPIYGISK.V R.LNAGGVYNNGGQINPHPTFGGIGISGFGK.E K.QTVQADIPLAGAK.E K.AGIDFLHYK.T R.ASAEALAQSGVK.V .MKLDNSIAAVTGGASGLGR.A K.VDITSEDSVAGYEAAAR.A K.VAIFDVNEEGR.A R.VNSIMPGFATPPMLAVK.D R.APAIFEGLAASVPPFK.R R.NSYFNGQNL.R.L K.DRAPAIFEGLAASVPPFK.R K.VDAAFQDSGPNQGSR.T R.VYGEIEEGSR.L R.KEGEYLITGR.D K.YNDEAWDPVFAK.A R.APSQIIDDQVWASFQHDR.G R.VVDFLEGLDVSEAVR.R K.GFTAAMLPATTGNLKP.Y R.FAVNVLQIQGQPTSNR.F R.LLDLDFSEAVVERLAGAPR.A R.GGSELVPSDDAAAFVATFPDGLAEVEDR.A K.TGEDFVYVYVVDLDGAPGR.L R.LLPGDQIQITTPDTEPFVQAAE.E K.VAVEVTPQEDVWLPNFR.K R.WTARVASASGAPSQLEGVV.V R.VASSASGAPSQLEGVV.V R.IGALYENDGYR.A R.YSTAEQALPLILLNSDAAR.F K.VAGDAVLSAFK.A R.TSLLLDIAADAASDRPALGSGEEAIDFGTYR.A R.IAFASGDPAIR.R R.ASCEGSTVTVR.G K.VSNFIANDTTQPLFLDPSQGAATAAR.Q K.GVYDTSQYGTDTVPEISGIIK.T R.VGAGGSQASAGNPALLPYK.S R.SDFGNLAAEGVAGVEVYK.S R.FANIEENRPGPTDIYQVQNAAYDFYDFQR.E R.ASLEQAQNIKR.N K.DLAITGAVGSNR.N R.LVGYHLINETK.L R.ASGAFFSALDRYDLLEPFALDVPR.A R.LLGSIEGDVLTPEPNFIGYR.T R.TVASLPAHGAYIAR.Y R.SADEVSTSSASSAPAFDPQPHLILNLAIGGR.L R.AGSSSPTAKVTREYSSARITRGA.A R.IAFIAGSEYPLSQWR.V R.ELGIEIPSQLSLVDFNTPIVR.F R.EELNQAHVHGGITLHDVIDDR.F K.GADGLIPVAAGAGGHAGR.Q R.AADIVSNLFTGVHGNLRL.Q R.EWFDQVWVPLSAGIGHGR.S K.AGIVGSFPALNAR.P R.PQSLDEWLHR.I R.LPVIGSPLFVSGPDLVIAQCK.A K.SNDRLEADIACTAK.W K.DIWSSGGIGAGVSNRPAEVAELETQYLAAR.R R.SILAAQACGADLAYSASFATIAEANADEGVKNGIVEGR.A R.SILAAQACGADLAYSASFATIAEANADEGVK.N K.VPITITSLGAR.E R.IAIDPADIPEGAETVDAR.G R.LGLSSAPAIEMAIAR.D R.DLSLVEETGAPVHFR.Q K.GGKPDVWVPLAANTK.G R.LPFAEALPGMAGAEITLAMGLNLRV.D R.AALMPDNGPLDGVGLVER.A R.LAGLTIINAFENSTR.T
YP_615936	Sala_0885	hypothetical protein	7.99%	2	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615939	Sala_0888	amidohydrolase 2	19.89%	5	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R K.GFTAAMLPATTGNLKP.Y R.FAVNVLQIQGQPTSNR.F R.LLDLDFSEAVVERLAGAPR.A R.GGSELVPSDDAAAFVATFPDGLAEVEDR.A K.TGEDFVYVYVVDLDGAPGR.L R.LLPGDQIQITTPDTEPFVQAAE.E K.VAVEVTPQEDVWLPNFR.K R.WTARVASASGAPSQLEGVV.V R.VASSASGAPSQLEGVV.V R.IGALYENDGYR.A R.YSTAEQALPLILLNSDAAR.F K.VAGDAVLSAFK.A R.TSLLLDIAADAASDRPALGSGEEAIDFGTYR.A R.IAFASGDPAIR.R R.ASCEGSTVTVR.G K.VSNFIANDTTQPLFLDPSQGAATAAR.Q K.GVYDTSQYGTDTVPEISGIIK.T R.VGAGGSQASAGNPALLPYK.S R.SDFGNLAAEGVAGVEVYK.S R.FANIEENRPGPTDIYQVQNAAYDFYDFQR.E R.ASLEQAQNIKR.N K.DLAITGAVGSNR.N R.LVGYHLINETK.L R.ASGAFFSALDRYDLLEPFALDVPR.A R.LLGSIEGDVLTPEPNFIGYR.T R.TVASLPAHGAYIAR.Y R.SADEVSTSSASSAPAFDPQPHLILNLAIGGR.L R.AGSSSPTAKVTREYSSARITRGA.A R.IAFIAGSEYPLSQWR.V R.ELGIEIPSQLSLVDFNTPIVR.F R.EELNQAHVHGGITLHDVIDDR.F K.GADGLIPVAAGAGGHAGR.Q R.AADIVSNLFTGVHGNLRL.Q R.EWFDQVWVPLSAGIGHGR.S K.AGIVGSFPALNAR.P R.PQSLDEWLHR.I R.LPVIGSPLFVSGPDLVIAQCK.A K.SNDRLEADIACTAK.W K.DIWSSGGIGAGVSNRPAEVAELETQYLAAR.R R.SILAAQACGADLAYSASFATIAEANADEGVKNGIVEGR.A R.SILAAQACGADLAYSASFATIAEANADEGVK.N K.VPITITSLGAR.E R.IAIDPADIPEGAETVDAR.G R.LGLSSAPAIEMAIAR.D R.DLSLVEETGAPVHFR.Q K.GGKPDVWVPLAANTK.G R.LPFAEALPGMAGAEITLAMGLNLRV.D R.AALMPDNGPLDGVGLVER.A R.LAGLTIINAFENSTR.T
YP_615941	Sala_0890	flavin reductase-like, FMN-binding	15.93%	3	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615943	Sala_0892	protein of unknown function DUF35	43.66%	3	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615944	Sala_0893	acyl-CoA transferases/carnitine dehydratase-like protein	4.43%	3	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615946	Sala_0895	3-alpha-hydroxysteroid dehydrogenase	11.68%	2	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615961	Sala_0910	AMP-dependent synthetase and ligase	8.38%	2	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615965	Sala_0914	TonB-dependent receptor	15.60%	8	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615967	Sala_0916	SapC	14.71%	2	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615969	Sala_0918	tryptophan halogenase	6.56%	2	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615970	Sala_0919	Glucan endo-1,3-beta-D-glucosidase	17.78%	2	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615971	Sala_0920	transcriptional regulator, LacI family	10.83%	2	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615973	Sala_0922	2-nitropropane dioxygenase, NPD	67.80%	12	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615974	Sala_0923	amidohydrolase	27.03%	6	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R
YP_615975	Sala_0924	aspartate carbamoyltransferase	23.26%	6	R.VVDFLEGLDVSEAVR.R

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615977	Sala_0926	excinuclease ABC, A subunit	54.60%	35	R.SNILALTLGNEVR.V R.GVEIDSSVADHAR.S R.LGADVNMHAAQSSVK.K K.HDDRLAGLTINAFFENSTR.T K.KGETLIDTAMTLNAMR.A K.VGQQTLLSGGEAR.V R.TSGTSLGGESQR.I R.LGFLNNVGLDYLNLR.T R.ANNLQNVTR.I R.SVADALQWFSTLEEK.L K.LLEVQLALVDQNSVVIEHNLVVIK.T K.GGEIVAAAGTPEQVVK.E K.AFEVIGNLR.R K.LADGLAYVDLADGVVPGREEDGGAAEQK.M R.LASQIGSGLSGLVYLDEPSIGLHQR.D K.SSLIDTVASAAAR.V R.YVESLSAVAR.Q R.SNPATYGAFTVIR.D R.DWFAGLPEAQR.G K.TADYLLDGLGPEGVK.G K.SSLAFDTIYAEQQR.R R.SVADALQWFSTLEEKLNQQR.Q R.LEFDPELVVPHALS.LK R.HADYVDMGPGAGVHGVEIVAQGTLLDLLK.N K.SNPPSPYYMQVLESIGK.A R.VGIPSPATGEPISAQTVSQMVDR.V K.SLTAAYLTGAK.K R.STVATVTEIYDHR.L R.QFLEMQKQVDEHIDGLSPAISIEQK.T R.LRDLGNTVIVVEHDEDAIR.H R.DALVITGLSGSGK.S K.YKHDIEVVDR.I K.IAGENISMSAQR.S K.GMSIADVDMTVEDAAEFFK.A R.LRPEPLAVK.I R.LADSFETALK.L R.IPLGFTFCVGLSGSGK.S R.DLNGTVVVEHDEDAIR.H R.AYLLAPVVR.G K.GVVDPLR.D R.YAVAAFEVAADVYLLKVPSPDR.L R.IQLLAGQQDGLSLVGTASGASALR.M R.LDNPPAIVVTFADR.Y R.TLVVDEPLAIER.L R.SSLAVDPEQLVSLDEEIALQR.L K.SEATEMIMNLSFLR.S K.LAQPIQAVR.D K.GNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A K.SKGNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GGVVIEPWLDQWYVDAEK.L R.RVPVVADEHADPELGGAVK.I R.IPAVVAEDGR.T R.LNNPSFVER.A R.DAAASADIDWLIK.L R.VPVVADEHADPELGGAVK.I K.TAISDLEVEHEVQGGFWHFY.Y K.ITPGHDFNDFEVGKR.A K.FVELPITGR.R R.FDDAANATVSAWDR.F R.TLYHLGLVR.A R.ADKLAAQLDR.L R.LTAHFPAASK.D R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A R.EQVIMDPHFTR.A K.TDPAIEAK.W K.LDDGHDHIVATTRPETMLADMVAVHPDDAR.Y K.ETGLIPIHTKDKGNAHDAEPR.T K.AELGLPPGAR.L R.WIIGEVADTVAAVEAAFAAYR.F R.DEFVVKVWEWK.A R.AGFKRAEMLNMFDDGANVITADGLPAEYGLLHR.F R.ADYPLITAK.W R.TDFTRDEFVVKVWEWK.A R.TDFTRDEFVVKV R.LVNWDPK.L R.LTAHFPAASK.D K.ATSGGQTR.Q K.ASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N R.IPYSQGLAAFTALQR.R K.LPVAVIHHGGPQSGFNSWSTR.W R.AADAGLVGDTSPKPFGGEEELAWGTDSR.T R.STGLWLVDR.H R.TVFWLDSYLLK.K R.LAEFDPVKLEK.I K.GDTVWGMILKPAK.A K.VGGAAMQVTR.A K.SLVVTAQDVLHPVFR.V R.SVGSIAWAPDGK.S R.PFIFNLEGSK.A K.NETSPAFKDGILYFLSNASGK.S R.HWDEWETPGTYSRPFIFNLEGGK.A R.HWDEWETPGTYSR.P R.SEPEKWNPNVHAK.W R.GVPSQLLVFPDENHVVVK.G K.GAKPIADTAGK.N K.ATEKLPVATVHHGGPQSGFNSWSTR.W R.TVFNWLDYLLK.K K.WLAYAAMAR.P R.VAAPASPDR.W R.RGVPSQLLVFPDENHVVVK.G R.HMFPVNLNANQATDTLPAPSPDGK.W K.LKASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N K.LLAWGDIPK.E K.DKGALVPGSGR.L R.KLTDAWDR.S R.WVVFQMTETEAGSYKR.S R.VDVTIGRVEK.L R.LYKDGIVGVR.H K.ADRNEMSTNLDIYSWLVDNR.M R.WVVFQMTETEAGSYK.R R.PGYEADRLVLR.N R.PGYEADR.L R.NLESGETR.K R.NEMSTNLDIYSWLVDNR.M K.VGGAAMQVTR.A K.TPMLVITSEKDFR.I K.TPMLVITSEK.D
YP_615981	Sala_0930	response regulator receiver protein	30.86%	4	R.VAVAAFEVAADVYLLKVPSPDR.L R.IQLLAGQQDGLSLVGTASGASALR.M R.LDNPPAIVVTFADR.Y R.TLVVDEPLAIER.L R.SSLAVDPEQLVSLDEEIALQR.L K.SEATEMIMNLSFLR.S K.LAQPIQAVR.D K.GNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A K.SKGNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GGVVIEPWLDQWYVDAEK.L R.RVPVVADEHADPELGGAVK.I R.IPAVVAEDGR.T R.LNNPSFVER.A R.DAAASADIDWLIK.L R.VPVVADEHADPELGGAVK.I K.TAISDLEVEHEVQGGFWHFY.Y K.ITPGHDFNDFEVGKR.A K.FVELPITGR.R R.FDDAANATVSAWDR.F R.TLYHLGLVR.A R.ADKLAAQLDR.L R.LTAHFPAASK.D R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A R.EQVIMDPHFTR.A K.TDPAIEAK.W K.LDDGHDHIVATTRPETMLADMVAVHPDDAR.Y K.ETGLIPIHTKDKGNAHDAEPR.T K.AELGLPPGAR.L R.WIIGEVADTVAAVEAAFAAYR.F R.DEFVVKVWEWK.A R.AGFKRAEMLNMFDDGANVITADGLPAEYGLLHR.F R.ADYPLITAK.W R.TDFTRDEFVVKVWEWK.A R.TDFTRDEFVVKV R.LVNWDPK.L R.LTAHFPAASK.D K.ATSGGQTR.Q K.ASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N R.IPYSQGLAAFTALQR.R K.LPVAVIHHGGPQSGFNSWSTR.W R.AADAGLVGDTSPKPFGGEEELAWGTDSR.T R.STGLWLVDR.H R.TVFWLDSYLLK.K R.LAEFDPVKLEK.I K.GDTVWGMILKPAK.A K.VGGAAMQVTR.A K.SLVVTAQDVLHPVFR.V R.SVGSIAWAPDGK.S R.PFIFNLEGSK.A K.NETSPAFKDGILYFLSNASGK.S R.HWDEWETPGTYSRPFIFNLEGGK.A R.HWDEWETPGTYSR.P R.SEPEKWNPNVHAK.W R.GVPSQLLVFPDENHVVVK.G K.GAKPIADTAGK.N K.ATEKLPVATVHHGGPQSGFNSWSTR.W R.TVFNWLDYLLK.K K.WLAYAAMAR.P R.VAAPASPDR.W R.RGVPSQLLVFPDENHVVVK.G R.HMFPVNLNANQATDTLPAPSPDGK.W K.LKASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N K.LLAWGDIPK.E K.DKGALVPGSGR.L R.KLTDAWDR.S R.WVVFQMTETEAGSYKR.S R.VDVTIGRVEK.L R.LYKDGIVGVR.H K.ADRNEMSTNLDIYSWLVDNR.M R.WVVFQMTETEAGSYK.R R.PGYEADRLVLR.N R.PGYEADR.L R.NLESGETR.K R.NEMSTNLDIYSWLVDNR.M K.VGGAAMQVTR.A K.TPMLVITSEKDFR.I K.TPMLVITSEK.D
YP_615982	Sala_0931	signal transduction histidine kinase, LytS	9.23%	2	R.SSLAVDPEQLVSLDEEIALQR.L K.SEATEMIMNLSFLR.S K.LAQPIQAVR.D K.GNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A K.SKGNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GGVVIEPWLDQWYVDAEK.L R.RVPVVADEHADPELGGAVK.I R.IPAVVAEDGR.T R.LNNPSFVER.A R.DAAASADIDWLIK.L R.VPVVADEHADPELGGAVK.I K.TAISDLEVEHEVQGGFWHFY.Y K.ITPGHDFNDFEVGKR.A K.FVELPITGR.R R.FDDAANATVSAWDR.F R.TLYHLGLVR.A R.ADKLAAQLDR.L R.LTAHFPAASK.D R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A R.EQVIMDPHFTR.A K.TDPAIEAK.W K.LDDGHDHIVATTRPETMLADMVAVHPDDAR.Y K.ETGLIPIHTKDKGNAHDAEPR.T K.AELGLPPGAR.L R.WIIGEVADTVAAVEAAFAAYR.F R.DEFVVKVWEWK.A R.AGFKRAEMLNMFDDGANVITADGLPAEYGLLHR.F R.ADYPLITAK.W R.TDFTRDEFVVKVWEWK.A R.TDFTRDEFVVKV R.LVNWDPK.L R.LTAHFPAASK.D K.ATSGGQTR.Q K.ASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N R.IPYSQGLAAFTALQR.R K.LPVAVIHHGGPQSGFNSWSTR.W R.AADAGLVGDTSPKPFGGEEELAWGTDSR.T R.STGLWLVDR.H R.TVFWLDSYLLK.K R.LAEFDPVKLEK.I K.GDTVWGMILKPAK.A K.VGGAAMQVTR.A K.SLVVTAQDVLHPVFR.V R.SVGSIAWAPDGK.S R.PFIFNLEGSK.A K.NETSPAFKDGILYFLSNASGK.S R.HWDEWETPGTYSRPFIFNLEGGK.A R.HWDEWETPGTYSR.P R.SEPEKWNPNVHAK.W R.GVPSQLLVFPDENHVVVK.G K.GAKPIADTAGK.N K.ATEKLPVATVHHGGPQSGFNSWSTR.W R.TVFNWLDYLLK.K K.WLAYAAMAR.P R.VAAPASPDR.W R.RGVPSQLLVFPDENHVVVK.G R.HMFPVNLNANQATDTLPAPSPDGK.W K.LKASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N K.LLAWGDIPK.E K.DKGALVPGSGR.L R.KLTDAWDR.S R.WVVFQMTETEAGSYKR.S R.VDVTIGRVEK.L R.LYKDGIVGVR.H K.ADRNEMSTNLDIYSWLVDNR.M R.WVVFQMTETEAGSYK.R R.PGYEADRLVLR.N R.PGYEADR.L R.NLESGETR.K R.NEMSTNLDIYSWLVDNR.M K.VGGAAMQVTR.A K.TPMLVITSEKDFR.I K.TPMLVITSEK.D
YP_615983	Sala_0932	valyl-tRNA synthetase	43.72%	32	R.SSLAVDPEQLVSLDEEIALQR.L K.SEATEMIMNLSFLR.S K.LAQPIQAVR.D K.GNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A K.SKGNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GGVVIEPWLDQWYVDAEK.L R.RVPVVADEHADPELGGAVK.I R.IPAVVAEDGR.T R.LNNPSFVER.A R.DAAASADIDWLIK.L R.VPVVADEHADPELGGAVK.I K.TAISDLEVEHEVQGGFWHFY.Y K.ITPGHDFNDFEVGKR.A K.FVELPITGR.R R.FDDAANATVSAWDR.F R.TLYHLGLVR.A R.ADKLAAQLDR.L R.LTAHFPAASK.D R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A R.EQVIMDPHFTR.A K.TDPAIEAK.W K.LDDGHDHIVATTRPETMLADMVAVHPDDAR.Y K.ETGLIPIHTKDKGNAHDAEPR.T K.AELGLPPGAR.L R.WIIGEVADTVAAVEAAFAAYR.F R.DEFVVKVWEWK.A R.AGFKRAEMLNMFDDGANVITADGLPAEYGLLHR.F R.ADYPLITAK.W R.TDFTRDEFVVKVWEWK.A R.TDFTRDEFVVKV R.LVNWDPK.L R.LTAHFPAASK.D K.ATSGGQTR.Q K.ASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N R.IPYSQGLAAFTALQR.R K.LPVAVIHHGGPQSGFNSWSTR.W R.AADAGLVGDTSPKPFGGEEELAWGTDSR.T R.STGLWLVDR.H R.TVFWLDSYLLK.K R.LAEFDPVKLEK.I K.GDTVWGMILKPAK.A K.VGGAAMQVTR.A K.SLVVTAQDVLHPVFR.V R.SVGSIAWAPDGK.S R.PFIFNLEGSK.A K.NETSPAFKDGILYFLSNASGK.S R.HWDEWETPGTYSRPFIFNLEGGK.A R.HWDEWETPGTYSR.P R.SEPEKWNPNVHAK.W R.GVPSQLLVFPDENHVVVK.G K.GAKPIADTAGK.N K.ATEKLPVATVHHGGPQSGFNSWSTR.W R.TVFNWLDYLLK.K K.WLAYAAMAR.P R.VAAPASPDR.W R.RGVPSQLLVFPDENHVVVK.G R.HMFPVNLNANQATDTLPAPSPDGK.W K.LKASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N K.LLAWGDIPK.E K.DKGALVPGSGR.L R.KLTDAWDR.S R.WVVFQMTETEAGSYKR.S R.VDVTIGRVEK.L R.LYKDGIVGVR.H K.ADRNEMSTNLDIYSWLVDNR.M R.WVVFQMTETEAGSYK.R R.PGYEADRLVLR.N R.PGYEADR.L R.NLESGETR.K R.NEMSTNLDIYSWLVDNR.M K.VGGAAMQVTR.A K.TPMLVITSEKDFR.I K.TPMLVITSEK.D
YP_615984	Sala_0933	peptidase S9, prolyl oligopeptidase active site region	65.27%	40	R.SSLAVDPEQLVSLDEEIALQR.L K.SEATEMIMNLSFLR.S K.LAQPIQAVR.D K.GNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A K.SKGNVVDPIGLIDQYGADALR.F R.GGVVIEPWLDQWYVDAEK.L R.RVPVVADEHADPELGGAVK.I R.IPAVVAEDGR.T R.LNNPSFVER.A R.DAAASADIDWLIK.L R.VPVVADEHADPELGGAVK.I K.TAISDLEVEHEVQGGFWHFY.Y K.ITPGHDFNDFEVGKR.A K.FVELPITGR.R R.FDDAANATVSAWDR.F R.TLYHLGLVR.A R.ADKLAAQLDR.L R.LTAHFPAASK.D R.GLGEGEAVPAPADGPLSPALSPEGEREIAETR.A R.EQVIMDPHFTR.A K.TDPAIEAK.W K.LDDGHDHIVATTRPETMLADMVAVHPDDAR.Y K.ETGLIPIHTKDKGNAHDAEPR.T K.AELGLPPGAR.L R.WIIGEVADTVAAVEAAFAAYR.F R.DEFVVKVWEWK.A R.AGFKRAEMLNMFDDGANVITADGLPAEYGLLHR.F R.ADYPLITAK.W R.TDFTRDEFVVKVWEWK.A R.TDFTRDEFVVKV R.LVNWDPK.L R.LTAHFPAASK.D K.ATSGGQTR.Q K.ASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N R.IPYSQGLAAFTALQR.R K.LPVAVIHHGGPQSGFNSWSTR.W R.AADAGLVGDTSPKPFGGEEELAWGTDSR.T R.STGLWLVDR.H R.TVFWLDSYLLK.K R.LAEFDPVKLEK.I K.GDTVWGMILKPAK.A K.VGGAAMQVTR.A K.SLVVTAQDVLHPVFR.V R.SVGSIAWAPDGK.S R.PFIFNLEGSK.A K.NETSPAFKDGILYFLSNASGK.S R.HWDEWETPGTYSRPFIFNLEGGK.A R.HWDEWETPGTYSR.P R.SEPEKWNPNVHAK.W R.GVPSQLLVFPDENHVVVK.G K.GAKPIADTAGK.N K.ATEKLPVATVHHGGPQSGFNSWSTR.W R.TVFNWLDYLLK.K K.WLAYAAMAR.P R.VAAPASPDR.W R.RGVPSQLLVFPDENHVVVK.G R.HMFPVNLNANQATDTLPAPSPDGK.W K.LKASPETLEGNIGDVTPLPGGALLYSR.N K.LLAWGDIPK.E K.DKGALVPGSGR.L R.KLTDAWDR.S R.WVVFQMTETEAGSYKR.S R.VDVTIGRVEK.L R.LYKDGIVGVR.H K.ADRNEMSTNLDIYSWLVDNR.M R.WVVFQMTETEAGSYK.R R.PGYEADRLVLR.N R.PGYEADR.L R.NLESGETR.K R.NEMSTNLDIYSWLVDNR.M K.VGGAAMQVTR.A K.TPMLVITSEKDFR.I K.TPMLVITSEK.D
YP_615986	Sala_0935	amidohydrolase	13.55%	4	R.VTAHAHGAEGIK.T R.MWVAGAYITIPK.G R.LGVAVTSEEAERK.A R.AGVDSIEHASVADEEALQLAK.K R.SSQAEQNQLQVR.M R.SAGQRPVPEPFTHTGSEQR.M K.FGAAGDAAQYVVAHEVGHIIQITISGIANQVR.Q R.QTPEAISPVDYAPLVELNLR.L R.EFWEVGSASPLSPIDTDWAR.E K.LPEDLAELPEVK.A K.ALNVVQLIHEPPAWQTGAR.D R.EQVINDVLLAGQPTK.Q R.IIGTASAHSLVASPFK.S K.QFVTEQVAALAAFLTR.D K.AFAADGANLIINGFGDADAIEAERK.E K.TALTOSTSGILGIAK.A K.HGLAGLTK.T R.DEAANITGANLSVDGGWATAA. K.AFAADGANLIINGFGDADAIEAER.K
YP_615987	Sala_0936	protein of unknown function, zinc metalloproteinase putative	20.86%	3	R.VTAHAHGAEGIK.T R.MWVAGAYITIPK.G R.LGVAVTSEEAERK.A R.AGVDSIEHASVADEEALQLAK.K R.SSQAEQNQLQVR.M R.SAGQRPVPEPFTHTGSEQR.M K.FGAAGDAAQYVVAHEVGHIIQITISGIANQVR.Q R.QTPEAISPVDYAPLVELNLR.L R.EFWEVGSASPLSPIDTDWAR.E K.LPEDLAELPEVK.A K.ALNVVQLIHEPPAWQTGAR.D R.EQVINDVLLAGQPTK.Q R.IIGTASAHSLVASPFK.S K.QFVTEQVAALAAFLTR.D K.AFAADGANLIINGFGDADAIEAERK.E K.TALTOSTSGILGIAK.A K.HGLAGLTK.T R.DEAANITGANLSVDGGWATAA. K.AFAADGANLIINGFGDADAIEAER.K
YP_615988	Sala_0937	Patatin	18.96%	4	R.QTPEAISPVDYAPLVELNLR.L R.EFWEVGSASPLSPIDTDWAR.E K.LPEDLAELPEVK.A K.ALNVVQLIHEPPAWQTGAR.D R.EQVINDVLLAGQPTK.Q R.IIGTASAHSLVASPFK.S K.QFVTEQVAALAAFLTR.D K.AFAADGANLIINGFGDADAIEAERK.E K.TALTOSTSGILGIAK.A K.HGLAGLTK.T R.DEAANITGANLSVDGGWATAA. K.AFAADGANLIINGFGDADAIEAER.K
YP_615989	Sala_0938	3-hydroxybutyrate dehydrogenase	56.32%	11	R.QTPEAISPVDYAPLVELNLR.L R.EFWEVGSASPLSPIDTDWAR.E K.LPEDLAELPEVK.A K.ALNVVQLIHEPPAWQTGAR.D R.EQVINDVLLAGQPTK.Q R.IIGTASAHSLVASPFK.S K.QFVTEQVAALAAFLTR.D K.AFAADGANLIINGFGDADAIEAERK.E K.TALTOSTSGILGIAK.A K.HGLAGLTK.T R.DEAANITGANLSVDGGWATAA. K.AFAADGANLIINGFGDADAIEAER.K

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_615990	Sala_0939	hypothetical protein	75.23%	12	K.AAYDGADLTKPDEIMAMFTR.A K.ELEAISGGK.A K.AFAADGANLLINGFGDADAIEARKELEAISGGK.A R.IRDWYGSWQAALADAR.A K.LTGSQRPVGLIFPDNLR.R R.QIFLGTLELGDEK.M R.AVVPAPPSAGDAEAGGTWR.A R.ATATDADKQR.I R.VTAEQGLSSLTK.L R.LVLPAPAYESLLDVTELVAN. R.DWYGSWQAALADAR.A R.PVGLIFPDNLR.R R.DGLGFAYGWFR.C R.QIFLGTLELGDEKMAINYSR.M K.GHGAIEDDEGALLQPMALPNAHLPGDYR.C K.NHISDEAR.L K.GVGGHGYPTTKDPIVLASR.I R.IVQALQTLVSR.E R.SAGLAAEAR.K R.EISPLDSAVTVGSFHAGAK.H K.VGGTGVAVMK.N R.TPSSLHSFWAPDAPAVISTATEALTAMAMK.L R.MPVTVQKDEYTPATNTPEFTEDMATFLK.T K.SLIWVGGVQAEFDAK.K R.SYTDVARDHLLDGIAR.I R.ADMALPVTETGLPGASK.V K.VPPVMGGEDFGR.F R.KLGEVTEK.V R.GEVQAQMPSLMAIYDDLHANPELSFMEVR.S K.SLIWVGGVQAEFDAK.K K.GVGGHGYPTTK.D R.IAKGEAIAAGMPEDR.M K.DKWSGTLVMIGQPAEER.G K.NGPGFVMVR.A K.GEAIAAGMPEDR.M K.WSGTLVMIGQPAEER.G R.MMLEDGLYTR.F K.VGGTGVAVMK.N K.DPIVLASR.I R.FPKPEVLAFLDAQFPAGMIGYPAGYALANVDSVDILVK.G R.DHLLDGLAR.I K.DEYTPATNTPEFTEDMATFLK.T R.DHDGAWDAISGESVAR.M R.EYFGDEAMLGIVK.G K.QVQAIDNHETHVPIIADIDAGFNAEATYLLAK.K K.LMSAEYDSELSSEADNR.I R.QQYDYSWAEGR.D R.IREVVPNAK.L K.TSVPALIEEITYFLR.Q K.LAYNPSFNTLWFR.Q R.AVLTEQGFAPSDYADR.G R.AEVLPEVQSAQSEQR.L R.NTEITAPVYVDANGVQR.L R.LYSVAEAMDMVFLGL.F R.KPGNVMFYVQAPVPK.G K.FDMTIDEVR.A R.SLDLGLPR.A R.AVLTEQGFAPSDYADR.DPR.V R.MPDGVDIETPSHLRPR.N R.GFDPVSDPRA K.GHPFSQVLEFQVLESQMR.L R.LRAEIAAR.K R.LFSALNAR.R R.ASQPAAPEGL K.ATPDEVPDSKFDAR.L R.ECAVFAQDAAGQR.L K.GYEADVDDRETFFEMDR.Q K.FDMTIDEVR.A R.LYSVAEAMDMVFLGL.F R.KPGNVMFYVQAPVPK.G R.KGHPFSQVLEFQVLESQMR.L R.ADKSPGR.Q K.GYEADVDDRETFFEMDR.Q K.ATPDEVPDSK.F R.PAPLANVAAPLAWLAR.N R.AVAVALASEK.G R.GQHQLAEHPR.R R.DNHWGLADWHNR.L R.NHPEVRTYVILHDPQTR.G R.TTITTDHQVHIDADGR.I R.IEQPNAPEMAIAPDAVQR.A R.RLIYGETYQFADGGYHGK.V R.GPVSFLFQGGISGILVNLVSK.S R.VHGESQSTIQSGLTR.G R.YIDSLEYFTHYNSYNPTDPPAADR.T K.TFGLTGEAQLR.L K.TDTALIELPQPVK.V K.LLVGLDYSWNR.V K.YAAGVLANPYGR.D K.WQPGPTLVITVGR.V R.LGAGVYVTKR.R R.LAINATNLLDNR.Y K.SEVNTDLDLPR.H R.TIGLYADASDAR.M R.STGPAWSLVTPSNTTVDALAEVSWNNR.L R.SLQGMASVAHDFSDAVR.L K.CLCVYQDQIR.F K.LKSEVNTDLDLPR.H K.SPGFETQGEINLVYSYDRK.E R.YIDSLEYFTHYNSYNPTDPPAADR.R R.GIEVEASHSLPNDLVLVNYGYNK.L R.GIDALQFR.D R.DRVTSQSQK.D R.NVMATVGYR.F K.VITADQYEAQSAISDVTK.Y R.VTGSSGQKDNATFR.A R.ARDADTYVK.H K.EVLADVNLSDSFAVR.A R.NRVYGEQSITQSGELTR.G R.DIFSAYSITSDPYNFDREIVR.G R.LGAGVYVTKR.R R.YTFVKGKWDYR.Y R.VSVLGRAR.R R.HIASIWSK.T R.DTRVDGFRVR.G K.SPGFETQGEINLVYSYDRK.K R.MNVFSTDNLLQHFHNTGAHVEHK.L R.DADTYVK.H R.YFASCLAR.G R.YAGGLETIDYIDYDALLYDPSGPFRR.E R.ESQKGLVYVQDQIR.F K.RYAGGLETIDYIDYDALLYDPSGPFRR.E K.HVPDDR.V R.AMTQSEGNISHAAK.L R.VLGGMITGAPEMLK.V K.IELAHGTLFLDEVDGIPLSLQVK.L R.SLADEGANLTVAK.A K.AYQTFQDEGLTVTKR R.IVTVADDQR.A R.AIIELALR.T K.ENPGAAGMDLSALDQFAHQAPTLVLLSTPVK.G R.PRPPEYDEVVR.A R.AAFALLK.E K.ELAEQAAGVHPEPK.G R.DADELAGSKELAEQAAGVHPEPK.G K.AYAHQGDAAQFLGHPK.G K.IEAVGGADTAIPAGVDVIDGTGK.V
YP_615991	Sala_0940	Peptidase M20D, amidohydrolase	77.40%	27	
YP_615994	Sala_0943	isocitrate lyase and phosphorylmutase	25.28%	8	
YP_615996	Sala_0945	hypothetical protein	67.16%	24	
YP_615997	Sala_0946	PepSY-associated TM helix	24.70%	8	
YP_615998	Sala_0947	TonB-dependent siderophore receptor	73.21%	41	
YP_616001	Sala_0950	two component, sigma54 specific, transcriptional regulator, Fis family	11.35%	3	
YP_616003	Sala_0952	transcriptional regulator, GntR family	25.22%	2	
YP_616004	Sala_0953	nitroreductase	34.72%	5	
YP_616005	Sala_0954	Amino acid/peptide transporter	7.78%	3	
YP_616006	Sala_0955	amidohydrolase	28.09%	10	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616007	Sala_0956	hypothetical protein	67.22%	19	K.ALGIQEQTGLKPK.M R.GVTFDDEGGR.I K.VSTFHHAVESYK.I K.ANPSTYTPYPPGRTFAVR.G R.IDNGVVFAGGK.I K.MEAYDSVNVNPLVHK.A K.EGICSAWVADWWFK.M R.GVTFDDEGGRIDNGVVFAGGK.I K.PAASADKPAK.F K.VPLVLSLSLDPFSEFL.L R.VAAGGAVVPAGVER.V R.VGLVEVDAVSGNDR.A R.LVIGDGSAPIEGGTVVVR.G R.LAATQSNAGR.L R.VGQVVIWVNDPDELGSRPVAIWDGR.A R.DRYATPQEGALPK.A R.VIDGTTRFLVR.V R.AATFLLE R.AADIVNLK.L K.LLVVGTDGWLVAR.E R.ADAEALVR.V R.VYTPGIVAFSR.V R.FSAGLDIAPALNPMGSPVAVNR.A R.ALQYVAFGEGAALK.A K.MGYATQYAGNVLGLAR.M R.YATPQEGALPK.A
YP_616009	Sala_0958	aldo/keto reductase	64.65%	18	R.MPGASGNTWDQFAAIISSAPAR.A R.AIVAPGGSSNLVAGQGAVDLADMDMVTVR.PA R.LGDTDFYQHR.V K.GGNLYGEAADLDEATR.T R.YSDENLPAIIVDAIGAVADK.H R.VDPAIPIEEVGGMMELVK.E K.QITGVDSGPNAR.K K.AQVLAWLAR.G K.AAPITALSQSEYSIWER.D R.EHIGFVPSPLGR.G R.HIALSEAGPETLR.R K.QITGVDSGPNAR.S R.YSDENLPAIIVDAIGAVADK.HGVS.K R.GEDVIPGTR.R R.DGLVIATK.F R.ATMEDSVGAAVTLTADDIEAIDSAAK.G R.HIALSEAGPETLR.R K.AAPITALQSEYSIWERDEDELPCVCR.E R.VDPAIPIEEVGGMMELVK.E R.SRDELPEHDWR.R R.LFLSTAAALR.D K.ASEELGVAPK.K R.TVGNVVAATAAT.F R.FAAGEETHAPAGETP. K.LSDADAAER.L R.VMAEGDDAGEVER.V K.GSIIQDQIHLIGASWAR.Q R.LADATHIGR.A R.LVIRPSTGLEPLR.V R.LKGGVATVMSNLGLER.F K.GGGVATVMSNLGLER.F R.VMAEGDDAGEVER.V R.FLEGQLL.L R.FAGGPLEDK.Q K.GHGAGATVDR.L R.LALLDAPGLGR.G R.VPTMVLQIDVAAIDIGDAVK.I R.LARPDLAEAALVDFPVMVATSGSLADAATDAFR.A K.QLQLTQVDSFDNGYAR.F R.KAAVMEALAAGAGVNDISALR.Y K.AAVMEALAAGAGVNDISALR.Y R.LGGTVVAVNQAAGAQQLL.V R.DNGAVLSAIVPAELDDWIAAMPGR.L R.VAACVAAGVDR.A R.MIGALNEAARQ.L K.LIVOPGIFRK.G R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E
YP_616010	Sala_0959	sodium:dicarboxylate symporter	12.29%	4	R.SRDELPEHDWR.R R.LFLSTAAALR.D K.ASEELGVAPK.K R.TVGNVVAATAAT.F R.FAAGEETHAPAGETP. K.LSDADAAER.L
YP_616011	Sala_0960	phosphoglucosamine mutase	22.75%	10	R.VMAEGDDAGEVER.V K.GSIIQDQIHLIGASWAR.Q R.LADATHIGR.A R.LVIRPSTGLEPLR.V R.LKGGVATVMSNLGLER.F K.GGGVATVMSNLGLER.F R.VMAEGDDAGEVER.V R.FLEGQLL.L R.FAGGPLEDK.Q K.GHGAGATVDR.L R.LALLDAPGLGR.G R.VPTMVLQIDVAAIDIGDAVK.I R.LARPDLAEAALVDFPVMVATSGSLADAATDAFR.A K.QLQLTQVDSFDNGYAR.F R.KAAVMEALAAGAGVNDISALR.Y K.AAVMEALAAGAGVNDISALR.Y R.LGGTVVAVNQAAGAQQLL.V R.DNGAVLSAIVPAELDDWIAAMPGR.L R.VAACVAAGVDR.A R.MIGALNEAARQ.L K.LIVOPGIFRK.G R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E
YP_616013	Sala_0962	Phosphomethylpyrimidine kinase	25.65%	5	R.VMAEGDDAGEVER.V K.GSIIQDQIHLIGASWAR.Q R.LADATHIGR.A R.LVIRPSTGLEPLR.V R.LKGGVATVMSNLGLER.F K.GGGVATVMSNLGLER.F R.VMAEGDDAGEVER.V R.FLEGQLL.L R.FAGGPLEDK.Q K.GHGAGATVDR.L R.LALLDAPGLGR.G R.VPTMVLQIDVAAIDIGDAVK.I R.LARPDLAEAALVDFPVMVATSGSLADAATDAFR.A K.QLQLTQVDSFDNGYAR.F R.KAAVMEALAAGAGVNDISALR.Y K.AAVMEALAAGAGVNDISALR.Y R.LGGTVVAVNQAAGAQQLL.V R.DNGAVLSAIVPAELDDWIAAMPGR.L R.VAACVAAGVDR.A R.MIGALNEAARQ.L K.LIVOPGIFRK.G R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E
YP_616017	Sala_0966	dihydropteroate synthase	27.66%	7	R.LARPDLAEAALVDFPVMVATSGSLADAATDAFR.A K.QLQLTQVDSFDNGYAR.F R.KAAVMEALAAGAGVNDISALR.Y K.AAVMEALAAGAGVNDISALR.Y R.LGGTVVAVNQAAGAQQLL.V R.DNGAVLSAIVPAELDDWIAAMPGR.L R.VAACVAAGVDR.A R.MIGALNEAARQ.L K.LIVOPGIFRK.G R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E
YP_616019	Sala_0968	hypothetical protein	48.85%	9	R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E
YP_616020	Sala_0969	two component, sigma54 specific, transcriptional regulator, Fis family	10.88%	4	R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E
YP_616021	Sala_0971	alanine dehydrogenase/PNT-like protein	94.37%	25	R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E
YP_616023	Sala_0973	beta-Ig-H3/fascinlin	42.57%	6	R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E
YP_616024	Sala_0974	2-isopropylmalate synthase	56.50%	31	R.AYATIDDLVNAITDK.A R.WFAPVEDELGK.Y R.RAATATAFTGVSASE. R.AATATAFTGVSASE. R.WFAPVEDELGK.YQIK.G R.AVFAGSSDQWAAASJAYGTDESAARR.A K.GNAGVTACEPPK.G R.KVEDVTHAGQPCR.A R.AYATIDDLVNAITDKAR.I R.SVVAADTDLAK.L R.RGDVGLAR.H R.AGASDFVQKPIADR.L R.AAVGSITDVLTAADFR.A K.AAQVELVSAHIK.Q K.QDITVITLIPGRPAPR.L K.LGLEALMEFMPR.I K.AIFMGVGVAGLQAIATAR.R R.RHGVTVGAK.N R.LISDAQLATM.R.S R.LGAQVSATDVR.S R.AQSMILSSQANLAGYK.A K.AVLMANAYGR.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N R.ANDEYAK.L K.EQILSLGAKPIFVENVAGIEGEGAGGYATEMSDEYK.A K.GANIIIGIQPDPTLSGFAEGAWLAAGNPFGAR.A R.AFFMMDTAAAGTSAK.A R.VAATPETVKK.F R.NLNFILSAFWDEKQKPVLDDEEIGNA.VR.L R.SGVSIVDMAESGNGVEGVSGETR.R R.SATKEQLSLGAK.P R.LISDAQLATM.R.S R.IHGVTVIGAK.N K.PIIFENVAGIEGAGGYATEMSDEYK.A K.NIAMLMPADTSAFNR.N K.PILGAEVAVESGAGEQASIAADYGAAGASVGSRA K.ELAGETR.V K.AVLMANAYGR.A K.LTAAALAAQIDAGGQTLK.T K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ESGDSILLTSASGNK.A R.SVLAGLVNHYHVPK.L K.TADGQDLHVR.E K.AVVTQADVQANGVHVHIDAVLLPR.T R.ELGAEIWAFAER.A K.EIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S K.TAIVHVNALAPAWR.K R.WEVPYLPIDPADLGR.S R.APIWSTDLR.D K.YSAFPVPLAK.R R.VPDDVTPQVLTQSR.A R.SGRVPPDVTQVLTQSR.A K.GVAVVLEQDK.G K.AGFKEIEVGFPSGATDFDIYQNLVLR.S R.FQLDWSESHAGTDR.I R.HPYGVALVYTFPSGSHQDAIK.K R.GTGAALGLAGADR.V R.TSFDSLAK.G.T R.QNDERWEVYLPIDPADLGR.S K.RFQLDWSESHAGTDR.I K.IVFMDKDDIK.A R.FFDLLVKA R.DAAIISLHTHNR.G K.MQASFSHIVQALADETSR.E K.KMQASFSHIVQALADETSR.E

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.HPYGGALVYTFSGSHQDAIKK.G K.GGVAWVLEQDKGLK.L R.SYEAIVR.V R.ERQNDERWEVYPLIDPADLGR.S R.DGNQSLIDPMDAEKK.T R.AYLITDAK.R R.APIWLSTDLRDGNQSLIDPMDAEK.K R.AILSAANGA. K.SLFGGGLDITDVATASVR.A K.KMQASFSHIVQALADETS.R.E K.YTGFIDGVTGTLVIDPANPAAR.V K.VTTASAGLTSLLR.A K.DGGKPDFFGAAPADAR.F K.ATIGFEAEGTIR.R R.VAAGTYVADPLHTMVVVEVDHFGFSK.Y K.KATIGFEAEGTIR.R R.VEVITPIAK.V R.SDFGIAYGIPVVSDEVELEIHAAFEKQ. R.RSDFGIAYGIPVVSDEVELEIHAAFEK.Q R.AGKGGKPDFFGAAPADAR.F R.IAPFAALALTAATAATVVAQDSGVPAGPDK.S K.PDFFGAAPADAR.F R.SAAELLDALVAR.E R.LATSVAQTPAVER.A R.VLLDISAQR.L R.AWMDQAAAAFVDER.A R.AVTGDDAQPAPKGEELALAA. R.AVTGDDAQPAPK.G R.EALSSEEFPAASEK.K R.IPVHMIETINK.L K.WAAFAEENAAVDR.I R.ELEENWLEEVAGIDK.W K.NAVIPVDAAVQSNLK.E K.LRELLTAQVESVQFHGK.I R.ESFDDDDDDNTLSLAAMELLKPDALK.F R.LTALGGQMLR.L R.GLQLDLIQEGNIGLMK.A R.FGIGMNTDHTLEEVGQQFSVTR.E R.EIVDLEAMLKDPAPENLDEEGAEDGEISEK.T K.IEYLVQLYSNR.R K.DPAPENLDEEGAEDGEISEK.T K.TAGVSFKDEVEEPAADGDEDEGEGTSGK.R K.EPISLETPIGDEEDSHLGFIEDK.N K.NEADTAPLIDLNEADVKK.L R.ELEENWLEEVAGIDK.K K.NEADTAPLIDLNEADVKK.K R.VLASLTPR.E R.EMGAVELLSR.E K.IAKEPISLETPIGDEEDSHLGFIEDK.N K.EPISLETPIGDEEDSHLGFIEDKNAVIPVDAAVQSNLK.E R.VEISEIAQAAGMSLTFE.R R.QFLHESGREPTPEMAER.L R.LEALSSEEFPAASEK.Y R.LTALGGQMLR.L R.ESFDDDDDDNTLSLAAMELLKPDALK.F K.TAGVSFKDEVEEPAADGDEDEGEGTSGK.R K.SFLDHYVGR.E K.FSTYATWWR.Q R.RLALGGQMLR.L R.KSFLDHYVGR.E R.IRVEISEIAQAAGMSLTFE.R R.EIVDLEAMLKDPAPENLDEEGAEDGEISEK.T K.AVDKFEYR.R R.ALGQTGIAGPLAALLGGLLR.Y R.DVMQAAAEWFAQQLGSSNGAPAR.E K.GAEGFAILEDAPQVLR.L R.LAIPDSGDAELGLMLDIANAR.E K.YLNSPDTPLFDK.G K.ACCPFHNEKTSFTINDEK.G R.TGTAPDDDDALVTLQK.M R.LGSQDMKSK.A R.ESIAMEQSGR.Q K.IKDKDIELR.T K.AIVVELGAESLKD.MGK.V K.AIVVELGAESLKD.D K.FDIDALLAMAR.G R.VGGDFADGVVETSMNHGFVADASTLPAGVETHK.S R.SVQTLPEVWTEQGVIGLAGIDTR.A R.TDTGTEWGGIWAIGK.G K.NAFVSQYHPEASPGQDSFYLFK.F R.DAGAPNGVIAHSPDAK.F R.SVHGALGATR.E R.GWPGLEGDLAK.T R.PHYVADYGAK.D R.PHGVSTSLDTNNGGATAQAR.P R.NVPIFGICLGHQLLALAAGAR.T K.SLFDGSGNGIATGK.N K.GYQTFPASSEVEMPIDGAR.P R.NSITVQAGDFTVTDGK.Y K.VITFESDEGEDDTRPVSVDVWDTGLASK.A R.NVIALQQAIMQSDASIDAK.T K.VIATGDTADYLAGQIEVER.V R.SREEIAVAAR.I R.GLETLSGFNFVDR.L K.AEADKAEQR.Q R.GGLIASPTEVLEESLWGW.E K.ERRDANLPTMGGQALNLTALFMDGTAK.Y R.IKDGDVQLFNTTEGWQSLQDSQSIR.A R.LAYLALQSANLHPGTR.R K.LAQLSDAGIPILGTSPOAIDLAEADRER.F R.EIGVETGGSNVQFVAVNK.D R.EGLPLEEINR.V R.SGIAHTLEAFVLR.T R.AHSLVKPLQDY. K.LGLKQPENGIAR.S R.LLNAQAIR.E R.IGYPVLTSPSYVLGGR.A R.GSGLHEAVK.A R.VAGYDMWFLER.I R.GLMNVQYAVK.D K.GELGVIVQFGGTPK.L K.AMTGGVTEGEVR.A K.DGEVYLIEVNR.A K.AQLGAGDRLPDGR.L R.TGLPSIIRPFTLGGTGGGIAYNR.E R.IAEIVAEK.Q K.SVGEVMAIGR.T K.LAQLSDAGIPILGTSPOAIDLAEADRER.F K.GASHEQLRNELAQR.T R.LVLVNSNPATIMTDPDLADATYVEPITPEIVAK.I R.FAALVINK.L K.FKGAEATLSTAMK.S R.LIVIEVNR.V R.TIHESLQK.A R.PSYVLGGR.A K.IVILGGGPNR.I R.KVILGGGPNR.I R.GLMNVQYAVK.D R.FPGTDPVLSPEMK.S R.FPGTDPVLSPEMK.S R.AMEIVDQAQLENYIETAVQVSGTSPVLIDR.Y K.TIDTCAAEFAQK.T K.STGEVMDIRDNLFAFAK.A K.GAEATLSTAMK.S K.AMTGGVTEGEVR.A R.VAGYDMWFLER.I R.TGLPSIIRPFTLGGTGGGIAYNREEFEQIVR.G
YP_616026	Sala_0976	YceI	88.26%	12	
YP_616027	Sala_0977	hypothetical protein	21.52%	4	
YP_616028	Sala_0978	hypothetical protein	20.41%	2	
YP_616029	Sala_0979	RNA polymerase, sigma 70 subunit, RpoD	59.64%	35	
YP_616030	Sala_0980	DNA primase	18.40%	6	
YP_616032	Sala_0982	GatB/Yqey	42.00%	6	
YP_616033	Sala_0983	carbamoyl-phosphate synthase, small subunit	55.08%	13	
YP_616034	Sala_0984	hypothetical protein	42.86%	3	
YP_616035	Sala_0985	carbamoyl-phosphate synthase, large subunit	55.24%	52	

<b>Accession</b>	<b>Locus tag</b>	<b>Description</b>	<b>Sequence coverage</b>	<b>No. peptides identified</b>	<b>List of peptides identified</b>
YP_616036	Sala_0986	transcription elongation factor GreA	81.65%	12	R.GSGLIHEAVKMTGGVTEGEVR.A K.YGVEMIGAK.A K.IPYLYSTYEAFTFGEPECEANPSDRR.K K.STGEVMGIDRDFNLAFKA.A K.STGEVMGIDR.D K.ERPDAVLPTMGGQALNTALALFNDDGLAK.Y R.AHGDLSENAEYHAAK.E R.QGQVEATIGDLEDKLSR.A K.AEPLIVDAIEEAR.A R.AQVIDPTLLSGDR.I K.YQVGGQAEADAK.A R.IVFGATVLTDEDDKPKV.Y R.AHGDLSENAEYHAAKER.Q K.LTAAALK.A K.ISYNSPLGR.A R.VDDIEVITVPSGDKYYLVTK.I R.QGQVEATIGDLEDK.L R.PLIVDAIEEAR.A R.VPLNGIEDVAAK.R K.VGAGGTVGGEDIVVHR.V K.VGAGGTVGGEDIVVHRVPLNGIEDVAAK.R R.ADVADIAASK.V R.IVTDAAEAER.H K.VAPAIWGDAMAALIER.I R.QVGAVALTHFPK.S R.HDGTGEIVTIAAR.S K.LAGNPVVDQADIIPAAEEAALNTQLLDEK.R R.FRDGGYPPGGR.A R.EWIGIGDAERDDSVFLIAPNER.R R.AGVNAIEQIPLPEEAAAR.A K.LAGNPVVDQADIIPAAEEAALNTQLLDEK.R R.DDGVVFLIAPNER.R R.TGHQVAVVSDLEGRDVADYGR.L R.INVAVQDYNAAVQDYNTTTR.T K.GAANIEQSTLEGVQAR.A K.LSTDDLDPAKVQAFQQAQGNVSSALGR.L R.RADLPNLVETAK.G K.VQAFQQAQGNVSSALGR.L R.LLTVVEAYPDLK.S K.WANVEAQR.R R.FADLMTQLEGTENR.I K.LSTDDLDPAK.V R.AVTNANQAPK.V R.ADLIPNLVETAK.G K.IVHGAQPMTPYR.A K.AKAWNEEAQR.R R.FADLMTQLEGTENR.I K.IVHGAQPMTPYR.A R.LLTVVEAYPDLKSQAR.F R.AVTNANQAPKVFQGG. K.LPAGTVDTLLKPKESK.A K.AAGLDTLSPGPTVFAPNTDAFAK.L K.AALTGLVLYHVPGR.L R.LTADIAAQAQ.A R.NIVENAANSKDHITLVAAVK.A K.IAPADVIGSNGVHVIVDAVLLPA. K.AVLTVQGTTITVWEK.D K.DHTTLVAAVK.A K.AVLTVQGTTITVWEKGAWVSDANGK.A K.AALTGLVLYHVPGR.LTADIAAQAQ.A R.FEYQGVVAPADTAR.L K.APSLQLVDFSGNAALRPER.S R.VDNLFDADYATAFNGTYGR.A R.HDDHNFQGGATTFGANANYSPPNGGATNVR.L R.TDGISSAAVGETR.D R.INTDQIEMNATFTYGNIDR.T R.LDQVYVYAGLNLGLFDGR.F R.LDGYALAGR.A K.SYDVGIDQLADGR.A R.LVFGYEHERPEYDFFGSTDSQK.A R.DGYENJANAR.L R.ALVSIFLR.N R.ADLSGTTPVSGSISGGAYFR.T K.VNDSFGIDGYDGHLLTGNIR.R R.FTLTDADLAFTR.Q R.TSLDLPNQALALEK.T R.ELQALAVEGTR.L K.IHFAVGAQAQR.D R.TRPVTLLEGLQAGAPK.G K.NKONVPLAASAK.S K.IRPGELTASVTVNSGPR.D K.IPLFGYDVHGHRT
YP_616038	Sala_0988	NUDIX hydrolase	15.93%	3	K.APVNTGDNPSR.T R.NFYDYNWPNADNTR.T R.RPDSFFPPAAPSFPGFAPPFGSIIITNGLETR.A R.QLLAQAGPGGGR.E R.DIRPFNLPLDFFPAEYR.G R.WAFTPVVFNGLSFAYAAPNESNPAVIDR.A K.LSFQPTSSDLELSGR.H R.SMEGEVTGNISQR.Q K.DGFAVLLGNR.R R.SGTNEFHGEAFIDYDQGLR.D R.NFLAFADLPVQVFTAGNDQSR.L R.FVAGSVLDPIGVTLGK.F R.ESGEFLSSGINAR.E R.EISGIVGVGNNPR.T R.SYDRNQDFRLQETISVGSFATR.T R.IGGGANQDK.G R.GVFGPTNATFNEDLYGK.L R.WEHTADNWINDLK.L R.RPNELTGT.I R.LRLDINLFNDR.N R.IGGGANQDKGQK.G R.IGFSYELDDAR.F K.LVKNYTAAFPWLAATYTYTEAENR.N K.DFQGGALGGPII.D K.AEFDQVSSVAITAVTR.S K.SGEVDPVHGWWAR.D K.GFFYHFLNEDGTR.R R.GTTGGETAPVSSGARP R.LLVQQLPADAVFAANDQMAVGLIAGLAEGK.S R.VVAGVQPLTALDSEVAAAK.L R.VQVLAGNVATGDATR.A R.VAAATNGDSGVER.A R.NLITEEQAAAVR.Q R.FADNPGQPV.R.E K.DVIHQVGGV.K.A K.ALAAGASSVMVGLLAGTAEAPGETFLFQGR.T R.YFQQDIKQMK.L R.LIDAQAGV.K.V R.ELMTEENLTVRPGVQDEAR.R K.RFESGMIVNPTITPDAPLSDATALMNQHR.I K.LVPEGIEQVFFKPAK.D K.LVGILTHR.D R.ISGIPVVESSGK.L K.LGVPIADGGLR.T R.FESGMIVNPTITPDAPLSDATALMNQHR.I K.LVPEGIEQVFFK.G R.GMGSVGAMAR.G K.VGIGPGSICTTRVVAGVGPQLTALDSEVAAAK.L K.AVNFDPATKDASGR.L K.AAMGYTGSR.T R.GMGSVGAMAR.SADR.Y R.ESHVHVAATR.E R.ELMTEENLTVRPGVQDEARR.L K.VGIGPGSICTTR.V K.ALAAGASSVMVGLLAGTAEAPGETFLFQGR.T
YP_616039	Sala_0989	protein of unknown function DUF477	28.07%	5	
YP_616040	Sala_0990	protein of unknown function DUF477	38.43%	7	
YP_616041	Sala_0991	LemA	74.00%	17	
YP_616047	Sala_0997	beta-Ig-H3/fascinlin	75.54%	10	
YP_616054	Sala_1004	TonB-dependent receptor	39.81%	14	
YP_616064	Sala_1014	glycoside hydrolase, family 3-like protein	14.90%	8	
YP_616065	Sala_1015	TonB-dependent receptor	39.96%	25	
YP_616066	Sala_1016	hypothetical protein	5.35%	2	
YP_616074	Sala_1024	transcriptional regulator, LacI family	14.33%	2	
YP_616077	Sala_1027	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase	61.65%	26	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616078	Sala_1028	Fmu (Sun)	40.91%	8	R.AQTGVAEEALIDFLDPLVGEHDSLLAR.A R.IQTAEILDAIAAAAAR.E R.ADLLETFFEGAPIGAPGWRR.L R.LLHPGQEVAHLADWQGR.A R.EGGAPADAILAEAMR.A R.HPGWTADADYLPGVGR.A R.AAMLALADAQGLALFDSYGPAPIADEPR.A K.LIDLADLVAAPGGK.L
YP_616079	Sala_1029	Tetratricopeptide TPR_2	31.82%	3	R.SIALQQEQGR.A R.IITLALAGLVASLPTASDAQR.A R.EALLLEPNDIVALITGQGEALADK.G R.LALPVAAGDDPNAAVYADAR.A K.ILVQQLGDDIWR.L R.TVAFGGVEIDLPSPGR.I R.DTGPVVTGGAAR.R R.QADJAALIDPGVK.I R.LLWLGHLIGDHTDGHVDNLR.F R.LHQSILGIER.L R.DVAAFANAVHDDGGRGEEVR.L K.NAATAIPDVEIQLSLATLQEVTR.E K.TPVTAYAK.D K.LGVPPNFNFSSGDDLDVGVEAGQK.A K.GWVDYAGLDVK.G K.NGGADQTIANGWIQLAK.A K.ASFANDNIAKK.M R.WTQDVPLVEITAK.N R.TEVKSDVVFVGYGNAPEK.G R.QGAAALVLDHTEPAAYGWVWVSSNTGTQYLAESK.N K.YREAGLQPNNGR.W K.RPDEVLTYGHWDLGR.C R.YHAPDDEYEAITNWEGMMSDLR.L R.WSYKYEEAAR.Q R.MLAMTDWPNWNEGDEFR.A R.ESSDAYECRAPGTAGEEK.T R.ESSDAYEGR.A K.ELFASAGQDFDKL.R.E K.ASFANDNIAK.K R.SIVFLAVTAESGLGSK.Y K.SELDAYVEK.L K.DYVAFYSR.V K.DSDVVFVGYGNAPEK.G K.YYAEVFPVLSQTVGGVMMDALNAVGPADIVVVGAGK.S K.YYAEVFPVLSQTVGGVMMDALNAVGPAD.D K.TVVLVNDPDPENRETEGPNRGR.A R.CTPVDGDDICNVAGVNDASGIAGLVTLAK.A R.APPTAGEEK.T K.AKELFASAGQDFDKL.L R.LYYAAGR.M R.EAGLQPNNGR.W K.NATLTFGGK.T K.GFKPVLAVGK.A K.AAEDYKKNR.Y R.YHAPDDEYEAITNWEGMMSDLR.LYAAGR.M R.SDHSFAK.L R.NVIGVLPGAK.R K.TVVLVNDPDPENRE.E K.DSDVVFVGYGNAPEKGVNDYAGLDVK.G R.AYSIASPAYADELEFLSIK.V R.LQLIQDGPVYLSGR.K R.DALESQLAGDPLVQDQALLQHYLPTVTR.E R.AYSIASPAYADELEFLSIKVPDPPLTSR.L R.IDALIDGGQFLGHLTPAHFDPATDR.V R.EGSNAAPGDFVIER.A R.KPTGTLVADALPGQR.L R.LFLSTGTGLAPPLSLVRDPDIYER.F R.LFLSTGTGLAPPLSLVR.D R.SGEFVMIGLPGEGR.P K.LAPSASLTVENR.S R.FSQQLVHCVR.Q R.SIDIDVGGDTDEERPI. R.IDDNPVGVAR.A K.TGGLGPLWPTGDFR.A R.TGFYQIALGAK.V K.VPQDGAFLINPYGMHFSEVASSLIK.I K.IDIDGNKLDENPWHVNK.A K.YSEAEWTAAR.Q R.WDELINFTVTK.V R.DNVDQALR.A R.HYKPSER.K .MQIIVRDNVVDQALR.A R.VGGQLSGIAR.Y R.DLPPGHPLAAQPNVWPAIEGFR.A R.LLHYPPVEAPAK.G R.AYHHPGSGGAR.G R.YLGLAPDFDDTVK.D K.AFFALPEAVK.R R.AEAHEDINTTLTGAEAGEGLELIDK.D K.EVDLKEFWHVGR.D R.YMSPFLHFR.S R.YLGLAPDFDFTVKDGVSMVR.L R.LFAEFDVGGQLSGIAR.Y R.DFGGSFER.F K.AFFALPEAVK.R K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616080	Sala_1030	Porphyrinomas-type peptidyl-arginine deiminase	38.84%	8	R.LALPVAAGDDPNAAVYADAR.A K.ILVQQLGDDIWR.L R.TVAFGGVEIDLPSPGR.I R.DTGPVVTGGAAR.R R.QADJAALIDPGVK.I R.LLWLGHLIGDHTDGHVDNLR.F R.LHQSILGIER.L R.DVAAFANAVHDDGGRGEEVR.L K.NAATAIPDVEIQLSLATLQEVTR.E K.TPVTAYAK.D K.LGVPPNFNFSSGDDLDVGVEAGQK.A K.GWVDYAGLDVK.G K.NGGADQTIANGWIQLAK.A K.ASFANDNIAKK.M R.WTQDVPLVEITAK.N R.TEVKSDVVFVGYGNAPEK.G R.QGAAALVLDHTEPAAYGWVWVSSNTGTQYLAESK.N K.YREAGLQPNNGR.W K.RPDEVLTYGHWDLGR.C R.YHAPDDEYEAITNWEGMMSDLR.L R.WSYKYEEAAR.Q R.MLAMTDWPNWNEGDEFR.A R.ESSDAYECRAPGTAGEEK.T R.ESSDAYEGR.A K.ELFASAGQDFDKL.R.E K.ASFANDNIAK.K R.SIVFLAVTAESGLGSK.Y K.SELDAYVEK.L K.DYVAFYSR.V K.DSDVVFVGYGNAPEK.G K.YYAEVFPVLSQTVGGVMMDALNAVGPADIVVVGAGK.S K.YYAEVFPVLSQTVGGVMMDALNAVGPAD.D K.TVVLVNDPDPENRETEGPNRGR.A R.CTPVDGDDICNVAGVNDASGIAGLVTLAK.A R.APPTAGEEK.T K.AKELFASAGQDFDKL.L R.LYYAAGR.M R.EAGLQPNNGR.W K.NATLTFGGK.T K.GFKPVLAVGK.A K.AAEDYKKNR.Y R.YHAPDDEYEAITNWEGMMSDLR.LYAAGR.M R.SDHSFAK.L R.NVIGVLPGAK.R K.TVVLVNDPDPENRE.E K.DSDVVFVGYGNAPEKGVNDYAGLDVK.G R.AYSIASPAYADELEFLSIK.V R.LQLIQDGPVYLSGR.K R.DALESQLAGDPLVQDQALLQHYLPTVTR.E R.AYSIASPAYADELEFLSIKVPDPPLTSR.L R.IDALIDGGQFLGHLTPAHFDPATDR.V R.EGSNAAPGDFVIER.A R.KPTGTLVADALPGQR.L R.LFLSTGTGLAPPLSLVRDPDIYER.F R.LFLSTGTGLAPPLSLVR.D R.SGEFVMIGLPGEGR.P K.LAPSASLTVENR.S R.FSQQLVHCVR.Q R.SIDIDVGGDTDEERPI. R.IDDNPVGVAR.A K.TGGLGPLWPTGDFR.A R.TGFYQIALGAK.V K.VPQDGAFLINPYGMHFSEVASSLIK.I K.IDIDGNKLDENPWHVNK.A K.YSEAEWTAAR.Q R.WDELINFTVTK.V R.DNVDQALR.A R.HYKPSER.K .MQIIVRDNVVDQALR.A R.VGGQLSGIAR.Y R.DLPPGHPLAAQPNVWPAIEGFR.A R.LLHYPPVEAPAK.G R.AYHHPGSGGAR.G R.YLGLAPDFDDTVK.D K.AFFALPEAVK.R R.AEAHEDINTTLTGAEAGEGLELIDK.D K.EVDLKEFWHVGR.D R.YMSPFLHFR.S R.YLGLAPDFDFTVKDGVSMVR.L R.LFAEFDVGGQLSGIAR.Y R.DFGGSFER.F K.AFFALPEAVK.R K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616081	Sala_1031	peptidase M28	86.86%	38	R.LALPVAAGDDPNAAVYADAR.A K.ILVQQLGDDIWR.L R.TVAFGGVEIDLPSPGR.I R.DTGPVVTGGAAR.R R.QADJAALIDPGVK.I R.LLWLGHLIGDHTDGHVDNLR.F R.LHQSILGIER.L R.DVAAFANAVHDDGGRGEEVR.L K.NAATAIPDVEIQLSLATLQEVTR.E K.TPVTAYAK.D K.LGVPPNFNFSSGDDLDVGVEAGQK.A K.GWVDYAGLDVK.G K.NGGADQTIANGWIQLAK.A K.ASFANDNIAKK.M R.WTQDVPLVEITAK.N R.TEVKSDVVFVGYGNAPEK.G R.QGAAALVLDHTEPAAYGWVWVSSNTGTQYLAESK.N K.YREAGLQPNNGR.W K.RPDEVLTYGHWDLGR.C R.YHAPDDEYEAITNWEGMMSDLR.L R.WSYKYEEAAR.Q R.MLAMTDWPNWNEGDEFR.A R.ESSDAYECRAPGTAGEEK.T R.ESSDAYEGR.A K.ELFASAGQDFDKL.R.E K.ASFANDNIAK.K R.SIVFLAVTAESGLGSK.Y K.SELDAYVEK.L K.DYVAFYSR.V K.DSDVVFVGYGNAPEK.G K.YYAEVFPVLSQTVGGVMMDALNAVGPADIVVVGAGK.S K.YYAEVFPVLSQTVGGVMMDALNAVGPAD.D K.TVVLVNDPDPENRETEGPNRGR.A R.CTPVDGDDICNVAGVNDASGIAGLVTLAK.A R.APPTAGEEK.T K.AKELFASAGQDFDKL.L R.LYYAAGR.M R.EAGLQPNNGR.W K.NATLTFGGK.T K.GFKPVLAVGK.A K.AAEDYKKNR.Y R.YHAPDDEYEAITNWEGMMSDLR.LYAAGR.M R.SDHSFAK.L R.NVIGVLPGAK.R K.TVVLVNDPDPENRE.E K.DSDVVFVGYGNAPEKGVNDYAGLDVK.G R.AYSIASPAYADELEFLSIK.V R.LQLIQDGPVYLSGR.K R.DALESQLAGDPLVQDQALLQHYLPTVTR.E R.AYSIASPAYADELEFLSIKVPDPPLTSR.L R.IDALIDGGQFLGHLTPAHFDPATDR.V R.EGSNAAPGDFVIER.A R.KPTGTLVADALPGQR.L R.LFLSTGTGLAPPLSLVRDPDIYER.F R.LFLSTGTGLAPPLSLVR.D R.SGEFVMIGLPGEGR.P K.LAPSASLTVENR.S R.FSQQLVHCVR.Q R.SIDIDVGGDTDEERPI. R.IDDNPVGVAR.A K.TGGLGPLWPTGDFR.A R.TGFYQIALGAK.V K.VPQDGAFLINPYGMHFSEVASSLIK.I K.IDIDGNKLDENPWHVNK.A K.YSEAEWTAAR.Q R.WDELINFTVTK.V R.DNVDQALR.A R.HYKPSER.K .MQIIVRDNVVDQALR.A R.VGGQLSGIAR.Y R.DLPPGHPLAAQPNVWPAIEGFR.A R.LLHYPPVEAPAK.G R.AYHHPGSGGAR.G R.YLGLAPDFDDTVK.D K.AFFALPEAVK.R R.AEAHEDINTTLTGAEAGEGLELIDK.D K.EVDLKEFWHVGR.D R.YMSPFLHFR.S R.YLGLAPDFDFTVKDGVSMVR.L R.LFAEFDVGGQLSGIAR.Y R.DFGGSFER.F K.AFFALPEAVK.R K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616082	Sala_1032	oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding	70.48%	12	R.AYSIASPAYADELEFLSIK.V R.LQLIQDGPVYLSGR.K R.DALESQLAGDPLVQDQALLQHYLPTVTR.E R.AYSIASPAYADELEFLSIKVPDPPLTSR.L R.IDALIDGGQFLGHLTPAHFDPATDR.V R.EGSNAAPGDFVIER.A R.KPTGTLVADALPGQR.L R.LFLSTGTGLAPPLSLVRDPDIYER.F R.LFLSTGTGLAPPLSLVR.D R.SGEFVMIGLPGEGR.P K.LAPSASLTVENR.S R.FSQQLVHCVR.Q R.SIDIDVGGDTDEERPI. R.IDDNPVGVAR.A K.TGGLGPLWPTGDFR.A R.TGFYQIALGAK.V K.VPQDGAFLINPYGMHFSEVASSLIK.I K.IDIDGNKLDENPWHVNK.A K.YSEAEWTAAR.Q R.WDELINFTVTK.V R.DNVDQALR.A R.HYKPSER.K .MQIIVRDNVVDQALR.A R.VGGQLSGIAR.Y R.DLPPGHPLAAQPNVWPAIEGFR.A R.LLHYPPVEAPAK.G R.AYHHPGSGGAR.G R.YLGLAPDFDDTVK.D K.AFFALPEAVK.R R.AEAHEDINTTLTGAEAGEGLELIDK.D K.EVDLKEFWHVGR.D R.YMSPFLHFR.S R.YLGLAPDFDFTVKDGVSMVR.L R.LFAEFDVGGQLSGIAR.Y R.DFGGSFER.F K.AFFALPEAVK.R K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616083	Sala_1033	phospholipid/glycerol acyltransferase	25.24%	4	R.SIDIDVGGDTDEERPI. R.IDDNPVGVAR.A K.TGGLGPLWPTGDFR.A R.TGFYQIALGAK.V K.VPQDGAFLINPYGMHFSEVASSLIK.I K.IDIDGNKLDENPWHVNK.A K.YSEAEWTAAR.Q R.WDELINFTVTK.V R.DNVDQALR.A R.HYKPSER.K .MQIIVRDNVVDQALR.A R.VGGQLSGIAR.Y R.DLPPGHPLAAQPNVWPAIEGFR.A R.LLHYPPVEAPAK.G R.AYHHPGSGGAR.G R.YLGLAPDFDDTVK.D K.AFFALPEAVK.R R.AEAHEDINTTLTGAEAGEGLELIDK.D K.EVDLKEFWHVGR.D R.YMSPFLHFR.S R.YLGLAPDFDFTVKDGVSMVR.L R.LFAEFDVGGQLSGIAR.Y R.DFGGSFER.F K.AFFALPEAVK.R K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616088	Sala_1038	class II aldolase/adducin-like protein	25.98%	5	K.VPQDGAFLINPYGMHFSEVASSLIK.I K.IDIDGNKLDENPWHVNK.A K.YSEAEWTAAR.Q R.WDELINFTVTK.V R.DNVDQALR.A R.HYKPSER.K .MQIIVRDNVVDQALR.A R.VGGQLSGIAR.Y R.DLPPGHPLAAQPNVWPAIEGFR.A R.LLHYPPVEAPAK.G R.AYHHPGSGGAR.G R.YLGLAPDFDDTVK.D K.AFFALPEAVK.R R.AEAHEDINTTLTGAEAGEGLELIDK.D K.EVDLKEFWHVGR.D R.YMSPFLHFR.S R.YLGLAPDFDFTVKDGVSMVR.L R.LFAEFDVGGQLSGIAR.Y R.DFGGSFER.F K.AFFALPEAVK.R K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616089	Sala_1039	ribosomal protein S21	33.82%	3	R.WDELINFTVTK.V R.DNVDQALR.A R.HYKPSER.K .MQIIVRDNVVDQALR.A R.VGGQLSGIAR.Y R.DLPPGHPLAAQPNVWPAIEGFR.A R.LLHYPPVEAPAK.G R.AYHHPGSGGAR.G R.YLGLAPDFDDTVK.D K.AFFALPEAVK.R R.AEAHEDINTTLTGAEAGEGLELIDK.D K.EVDLKEFWHVGR.D R.YMSPFLHFR.S R.YLGLAPDFDFTVKDGVSMVR.L R.LFAEFDVGGQLSGIAR.Y R.DFGGSFER.F K.AFFALPEAVK.R K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616090	Sala_1040	ZOG-Fe(II) oxygenase	49.84%	13	R.VGGQLSGIAR.Y R.DLPPGHPLAAQPNVWPAIEGFR.A R.LLHYPPVEAPAK.G R.AYHHPGSGGAR.G R.YLGLAPDFDDTVK.D K.AFFALPEAVK.R R.AEAHEDINTTLTGAEAGEGLELIDK.D K.EVDLKEFWHVGR.D R.YMSPFLHFR.S R.YLGLAPDFDFTVKDGVSMVR.L R.LFAEFDVGGQLSGIAR.Y R.DFGGSFER.F K.AFFALPEAVK.R K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616091	Sala_1041	protein of unknown function DUF589	33.33%	4	K.SEPDAYAWQLVK.D R.VTFTEWQLIK.M K.DITGIVDWGR.N K.GDEALFYHSNIGK.E K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616093	Sala_1043	pseudouridine synthase	28.63%	3	K.QYLALIDVPAADGGDITDLPLAK.T R.VFLDGEALVDPKAGLVPDAPR.D R.VHAIEGLGFLAGDPPYVGR.G K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616094	Sala_1044	cell wall hydrolase, SleB	12.37%	3	K.SICGVVFGQSER.A K.PDSADMTDQRAAAMSFYLR.D K.LAASPLHALGLR.A R.NLHTDLDDGVKIV.V K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S
YP_616095	Sala_1045	cysteine synthases	81.05%	25	K.VFAVEPEASVIVGGQPAPHPIQIGAGFIPR.N R.VLGFNYDTGER.Y R.IGLAMIEAAER.D K.EGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G K.ANSLETIGNTPHIR.M R.YLSPDFLPEI. R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L R.TTGPDELADR.D R.RAATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LVLPMESSSLER.R R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T K.LFPDAEVDVW.S R.NLHTDLDDGVKIVDASAAK.D R.LMLAYGATDLTPR.E R.SNPGSISKDR.I .MKANSLETIGNTPHIR.M R.IGLAMIEAAER.D R.AIELVETTPGAWMPQQFENEANIDVHIR.T R.IGLAMIEAAERDGLSK.E R.DGSLKEGGTIVEPTSIGNTGIGLMAAAVK.G R.AATEEGMLVGISSGATLAAIAQK.L K.LFPDAEVDVW.K.S R.AFAVAIAEALR.W R.TLPGQIADAGLDGFFIAR.L K.LINPVVYAIR.R K.FDEGDALFVGGQPSDQVK.A K.ADLINDGEVAIQEGNDKPYIYR.G R.GFQVDEWKL.R.E K.DLTPSSVDHADFHAR.P R.RYPFLAK.L R.EVFAEQVK.S

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.NFEAQR.T R.FFPVFSAGDNPVPLALMLNEGINTFVDDQGGK.L R.TGMFMELK.A R.RLDSAFVLVQIAVPLTSDVFSACR.F R.GFQMVDEK.L K.MQLVTEPAV. K.LQPTDELSCFDPTSGAIGK.F K.KADLLMDGEVAIQEENDKPYIYR.G K.KADLLMDGEVAIQEENDKPYIYR.G K.AVLEKKNFEAQR.T K.ADLLMDGEVAIQEENDKPYIYR.G R.YPFLAK.L R.HIDVAAGIAEAGVLQSFHDAVLTHGLR.F R.ALVAGIEAVLPDGSIFDGLAPLKK.D R.ELAAQVAENFEK.Y K.FADL.SDELLR.A R.AFTLTPSDDEAIDNIQK.L R.NENIEQFVVK.T K.LTGVNIPVHGATADAAAPKDEPR.E R.AGEIHMDDQSSR.I K.TASFVLPIMIDLAHGR.A K.LADK.FSNPK.T K.AAGTLNLSVSDVAAR.G R.AIDESGSEPTAIQAGAPSVLMMR.D K.GVSHVNFADAPWHPDDYVHR.I R.SLLEPTRELAQVAENFEK.Y K.GVDVLIATPGR.L R.IAELDRFK.A K.GVDVLIATPGR.LMDLFR.G R.ETVHEGIEAPEAFLGLFSGENIGK.M R.DLPTPLDKDQLR.V K.AAPVLPQLAALER.L R.LGKPGIDVYFDNVGGEHLDAAFATANDFAR.F K.AWHLTSRPGQLPTIDNFKR.D K.SYASRQLDQPHGTGAIGK.V R.VAAAKPGDVFVVSAGAVGSVAVQIAK.A K.LPTALLDAGLPQTFLHNMGLTGTAWIGLLR.V K.AREMTVIGSAGGAEK.C R.TFDLLIDAPYATGAGSVALDK.L K.NLAALGAPR.A R.LGVIAFSDSWISLETGER.E R.ETLFSMLTSR.L R.NQVIEMLTEGK.N R.VLEHLGLQVSR.L R.LDYNTEGLLLTNDGAFKR.Q R.AFGDLSAQLEELVIMGIEIDGIR.Y R.LLIEDRRTAFDNEHLK.H K.HAGYDVVATVDSGEAVR.F R.AQTGDRDAYQNAFGR.I R.GVPYIATAAGGAR.M R.LIGYLAPEK.A R.MQEGTSLMQMPR.A R.FAQLFGGLHEHIAAPAPEDPLKFR.D R.AGLPVVLLDPTTGGVTSYAMLGDVQIAEPK.A R.AEYLLDHGMDMVHRK.D R.DTADNLWHK.C K.ALIGFAGQR.V R.GTTTADIFAIAAFAFR.Q R.FPQQAQAR.V K.AATDLPAVGFVGR.T R.LPTVLDGAGGLYVSVAGITGQQQAQASIDEAVAR.L R.VADGVVGSADFIIIAHGDAAAPHVEAFTR.T R.TLDAIHSK.E R.LKAATDLPAVGFVGR.T R.VGVDGVLCVDPAEEDPELGPALR.A R.HPOTRVLMLGYNPMTIR.G R.AMGIDL.R.L K.LLGAEVVAVTSGAR.T R.VRVEPVTDAEALASFQK.L R.PSPLWLAQR.L R.DFQSVIGDEAR.E R.LPDMLIAPVGGGSAIGLPHFPLDDEIVGVVEAAGEGLDGK.H R.LEGIIIPALESAHAIAAER.I K.LTRLEGIIPALESAHAIAAER.I R.YVAETLMLPLDLEH.H R.EDLNHTGAHK.I R.AAQADPAKAEFDYLLK.H K.TYLLQDQAGQTEAHISAGLDYPSIGPEHSLWHDIGR.V K.INNCIGILLAK.R K.HAASLAGKPGILHGNK.T K.AEFDYLLK.H R.LGATHIGLVHYEPSQR.H R.ILFDAPAAALPGGTGR.F K.AIGLKAETLIR.H K.VALLLVNASQTLTGEALSMVRPDIQFHGSETPEWLTVVK.R K.DMDKIAAFLK.A K.LGLPFLDLK.L K.AIQALRLEPAITVHAAGGR.A R.VIAVTVLTSLDAPLEDIGLTPHQVVR.L K.AWPGFFVVGVR.P R.LVTPAQMSDQASILVGRPTQSSDPDLAAR.E R.EAGLDGIVCSGQEVK.S R.PITQSSDPDLAAR.E R.RLDAIER.Q R.WSLKRRLLDAIERQAADLR.A R.NPVLTEINTGLAR.M K.LGLSIEPSTQVPR.D R.VLLALTQAGASR.E R.SHGIIAEPVTFGLK.M K.VVESDQGLSLELLK.S R.TEVEAEVYSPGQK.G K.HDVIAFLTWVAENVEEAR.F K.ALWVWATRPAIDVAIDAEAVTK.H R.LSADQTELFDLDYHMK.H R.FIGPDATTLDFALAR.L R.YARPEMTAIWSAENR.F K.MAEYAEFSR.C K.HVDITFDR.V R.MGLVHSQR.V R.SAVTPAMENVALWHER.D R.VLLALTQAGASREDSYALVQR.N R.PAIDVAIDAIEAVTK.H R.LTGVIDKLLVYVDR.M R.DRHAMFFAVLGVIASSIER.L K.HVDTIFDRVFGAA. R.VEAHVAEK.L R.EDSYALVQR.N K.SDADVTR.L K.RNPVLTEINTGLAR.M K.ALWVWATR.P R.LTGVIDK.L R.DISHSSVER.F R.SAVTPAMENVALWHERDISHSSVER.F R.MGGLVHSQR.V R.LSADQTELFDLDYHMK.H R.AEIAICISGAVGTANIDPR.V K.VVESDQGLSLELLKSDADVTR.L R.HAMFFAVLGVIASSIER.L R.FSIIWEIEAHATDALAELGTVPPSAK.A K.MAEYAEFSR.C R.EFGSLAQLVSDPESLR.R R.VDGLGDTGIAALK.I R.AAQIGEQPDGVLGFTVTPAIR.A R.ALVDQINIKR.R R.ALVDQINIKR.K R.NPAADGQQR.L K.LIGAGLAAIGAGMAAIGVGNVFGSLESALR.N
YP_616099	Sala_1049	FAD linked oxidase-like protein	11.39%	2	
YP_616101	Sala_1051	DEAD/DEAH box helicase-like protein	45.63%	15	
YP_616105	Sala_1055	Alcohol dehydrogenase, zinc-binding	58.16%	9	
YP_616107	Sala_1057	conserved hypothetical protein 95	32.78%	4	
YP_616108	Sala_1058	Pseudouridine synthase, Rsu	22.81%	4	
YP_616109	Sala_1059	response regulator receiver protein	25.52%	2	
YP_616112	Sala_1062	acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, beta subunit	51.24%	9	
YP_616113	Sala_1063	tryptophan synthase, alpha subunit	64.02%	10	
YP_616114	Sala_1064	tryptophan synthase, beta subunit	54.88%	14	
YP_616115	Sala_1065	Phosphoribosylanthranilate isomerase	44.60%	5	
YP_616116	Sala_1066	orotidine 5'-phosphate decarboxylase	54.02%	7	
YP_616117	Sala_1067	hypothetical protein	13.14%	2	
YP_616118	Sala_1068	adenylosuccinate lyase	77.63%	35	
YP_616120	Sala_1070	DNA repair protein RadC	11.03%	2	
YP_616124	Sala_1074	Uncharacterized conserved protein UCPO25560	25.37%	3	
YP_616127	Sala_1077	H+-transporting two-sector ATPase, C subunit	56.00%	2	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616128	Sala_1078	H+-transporting two-sector ATPase, B/B' subunit	34.34%	5	K.LLSAAEADIAAR.S R.SSAMAIEESVAAEAAAGELVAK.L K.AAHAAADKLEESYR.Q K.VADDLAAAK.A R.KVADDLAAAK.A R.IAAEANALAEVR.A K.ALVDQAIASIAK.G K.LIADRHDVAADK.A R.ARADAEQAQVAK.A R.ADAEAQAQVAK.A K.ALVDQAIASIAK.G R.LDAESLKAIEYEA.L K.AKADATALIAR.R K.ADATALIAR.R K.QLGEAEQLRLDAESLK.A K.GVPGAIAAMLDR.R K.GVPGAIAAMLDR.I R.HDVAADK.A R.YELLLELAEFGLEDKPR.A R.TEEQLGGATVELLES.R.A K.LFSGLEDSSALRPEVASAIDLIVR.E R.HLRPEQALGLR.A K.VIAALALPVDLDR.A R.GLYEPHGSAPDIAGK.G K.AADAILFGAVGDPFR.F K.ANVLETSQLWR.D R.AELGLFANLRPAK.L R.HSGGDEANAR.I R.GADLGGTMTALGDVVAALNG. R.ELNGDVYFGEK.G K.AKAADAILFGAVGDPFR.F R.ALVGGAAACATGHPPLAETLAK.A K.GIANPLAMILSLAMLLR.H R.QGYDIMSYSSEVSR.R R.LCSVDKANVLETSQLWR.D K.FINVELPFQR.N R.INIGLEDPRDIADLDQALTR.V R.FGIDTTVVDGR.D R.SEHGETSEALFLTSYTYDSAEVAAR.F R.ILHPGLASHPHQDLAK.S R.VFFFTFANPTMVDIVDR.H R.NTGNLSPFNWVVMK.G R.FGIDTTVVDGRDNEAWER.A R.DIADLDQALTR.V K.AHGITSVDNFAFATSALQRPMDFGADVAYSATK.L R.RQSENALAVGK.F R.EQAMAFNALELVDISNIGDSR.S R.FAGEAQGMYSR.L R.LQNPTVAMLEER.I R.VLAGAVGTEK.F R.INIGLEDPR.D R.FAGEAQGMYSR.L R.EQAMAFNALELVDISNIGDSR.S K.TWHPTQAVR.G K.AHGITSVDNFAFATSALQR.P R.WLIDHLCPR.F R.TQATGMAAMTALLCQLSAGDHIVAAK.A R.NTGNLSPFNWVVMK.G R.ADMGWEGMLR.I R.ADMGWEGMLR.I R.VENHGDVAQQLSR.H R.VAVSYLPEQSHPALGR.W R.MDSFFFSATTGPVTVR.V R.QGFLQFEESVR.A R.AADDELAVTPAAVQQIR.A R.YSQQADVRF.F R.GYWLVAPTQWR.Q R.ALEDMGLVLLFR.R R.LGDAGLAIDAAAANGLGHANVPAMLAEGDIAAGR.V R.AMQAQGSSQSLTIAAPR.D K.GLELTGEAQGLDALR.Q R.IDSLEWASPSQVAR.L R.NIPFLTVEAFK.G R.WSDVPLTHASFSSAGTAGWPR.D R.RADQLVDLIAGR.I R.AVTANLIAQYGAPVAVDVGATSSNLSGTVR.L K.LYLDELAAQVAAGK.R R.FEKGVATVLLDVAAGADEK.V K.GVATVLLDVAAGADEKVGRL.I K.GGSETGVLSMILLGQR.K R.LLDVNADKMLVANVDGVSFAGGPR.F R.AAFVGSADADQRR.L K.MVLNVDGVSFAGGPR.F K.GVATVLLDVAAGADEK.V R.LTAGLSAYR.D R.ALLGLVDR.M K.ILNVASASADKIR.A R.GTSVSFIPDPEIFGEHGR.F K.SALEVIMTMLHSGGK.F R.RGTSVSFIPDPEIFGEHGR.F K.ILNVASASADK.I R.VTLPQYEER.H R.NGHVYLAQPLYL.L R.GAPLPLEELGATPNR.R R.DHDFHFLSDNMDR.G R.DDAHRAELATLTK.G R.ALHHLAAEVIDNSMDEAVAGHATR.I R.AFGELIGQK.K R.FTTTNTANSFADNGK.T R.AGYTPGGGALFVITGGGAYAR.L K.DKDYV/VNVPGSAPATNPFLNNGGTDIR.R R.MGNFVLGAVVEGGHVAR.D R.NDKDQPEFFR.L R.DSVSGFSTTPASYTMSR.E R.MGNFVLGAVVEGGHVAR.D R.EADYQANAR.L R.DFDGPIYSIGGATLQGNDR.G R.IVSIQGGFIR.Q K.GLTASQADELGVSR.N K.PAAEAPHIENAAAAPTKEAPR.I K.TAAPATAKPAPAATAAR.P R.QQPGDQQAIPPPAPPR.R R.PASTVPRPEPK.P R.LVPAKPSPEADK.T R.AYQAQLR.G R.RPPPPPPFGGPR.V K.TSLLDNR.I K.PAPAATAARPTAPATPR.P R.VIPFISIDDRVIVDAAHPAVEVAPDSFTTK.M R.VIAPESDYVDDDAAR.Q R.DGAKPQFANDR.V K.LADLLIIDADPTENIR.N R.NVTPGPIFEYAQDSNR.D R.IAEGLAYEQPR.F R.GGWSNIDALR.A R.GATLFSADLANIFANAPVDDKAPK.F R.TIADFLLGDITVPIEGGTPTR.I R.LLNQPNWSPDQQLVAK.K R.WAEVSPDGR.S R.AHTNVWEHPILTK.H R.WTDAGLGEHVTGASGSSR.K R.SLGTGEVWYHVS GGAGVPLVK.K R.KVTATPGHYAEPF.F R.IFSTGEIYGAK.A R.IAATGTAER.I R.AGLILAPR.I R.YSLEDGSISTVASGNGGAVRPTSPDQGR.R
YP_616129	Sala_1079	H+-transporting two-sector ATPase, B/B' subunit	59.09%	13	
YP_616134	Sala_1084	Recombinational DNA repair protein (RecF pathway)-like protein	17.71%	2	
YP_616135	Sala_1085	3-isopropylmalate dehydrogenase	60.34%	15	
YP_616136	Sala_1086	Cystathionine gamma-synthase	71.57%	25	
YP_616137	Sala_1087	ApaG	36.09%	3	
YP_616138	Sala_1088	transcriptional regulator, LysR family	48.29%	8	
YP_616140	Sala_1090	putative beta-lactamase	45.60%	13	
YP_616141	Sala_1091	DNA topoisomerase IV, B subunit	25.19%	14	
YP_616142	Sala_1092	membrane protein	50.54%	9	
YP_616144	Sala_1094	GcrA cell cycle regulator	66.09%	11	
YP_616148	Sala_1098	amidohydrolase	44.99%	34	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.WGEDPGVYR.I R.VHAGSELVSDYEVSPDGR.T R.IAAGPAGAITIPAGAVTIDATGK.T R.GATLFSADLANLAFANAPVDDK.A R.RVIAPESDYVDDAAR.Q R.LYDPTMNEAETGSR.K R.AATIMPATSLGYAK.D K.SQLVSTDLGDGDKR.V R.VFVMASTDGK.S R.VFVMASTDGK.S R.KVPIAVDEGSMWNVDPDGR.T R.GGGDNVWIMNR.D R.DAYWVETEK.P K.DLASGAETK.L K.AAGVYAEINGYDDALAHV.R R.WPAPVVLHAGEVLAQPVAAIR.L R.VGFDVAGQMSGTVHLGTADQPYR.A R.WAALVGQPELVGDRP.Y R.RLVETADIVANLPHDALVK.L R.LVEPVAYPGAPGDVPVIR.A R.APQLGEHSDAIIAEIGYDVDAIAALR.A K.LGLDYDLSLAINR.I R.FANINRPVAGPTHDR.D K.FGALPTDTAGR.A R.HPLQYLSLTPNGVK.V K.GLVYDAGEFLQVQYK.N R.TQDKLEAADNV R.WTDQLAARPAVK.R R.VFESGAILHLAEK.F R.SGAEPVRFESGAILHLAEK.F R.VTGDPAQLR.E R.HDASDFDLR.T R.WTDQLAAR.P K.IWTWOKESGGR.F R.LAESTFJAGADYTIADMAINWPYVALVK.G R.FANINRPVAGPTHDRDLVGR.H R.ERHDASDFDLR.T K.GLVYDAGEFLQVQYK.NVLR.W K.TITYGGSNEIQR.N R.LTETLEAVHYGAPYFR.G R.KTITYGGSNEIQR.N R.QFIADNYPALR.G K.TWTTLAQHADWGFLLR.T K.QQEGISFLIDMK.S R.TELDGDKPLLANPFFK.R K.SPGITVRIITLGEHEVNEWLEDVR.V R.FWSEETAR.A R.DGDHYVNGQK.T R.TGIAGVAASK.R R.GFEGDNEHPGDPYHR.A K.GWIAPAWPEYGGTWTPTQR.F K.VIGIEPYLPTVIAGGALK.A K.LHEGTEVGTQR.K R.ASEIYFENVAIRDALLGGEGALPLIER.I R.FVGNAIQTHGGIGITQELAIHYFR.K R.DKDGISFLIDAK.L K.SVVYAAPWATHLLVTAR.S K.DGAGFVLNGHK.S K.AVGGQADAMPEIAGNMIVAFAYAEQGR.Y K.KDGAQFVLNGHK.S R.RGEGWILTR R.VAHRDGDPPVVEAGGAR.I R.GALLIDKDR.G R.DQSDALQIEGVLLAHR.D R.GAGDSAEDELQDLWMR.L K.VYAAALR.R R.ALVGGLQDVTGNIR.L R.AEAGAEIEETM.K R.VVSGPGVIVDIETLALEGR.A R.VQATEGGHIDFAPLDSIEDAILAR.L R.HILVNDFAVGHAVAQADESYFGR.L K.LITTHPQGLFGAAAFAR.Q R.LTGPDELPATGTSVIGPGTGLGVAHIWR.D R.FTNWPIIRPALIGEK.L K.DHASFTAWQDFEGR.Q R.SLGEATLHTK.D K.GRFEFMAALPK.L K.AIWAAALSGLDLSLAAAAADR.F R.AVALIAGPTR.G R.AVTPLDKAIWAAALSGLDLSLAAAAADR.F R.FAIAIEGGR.V R.LTGPDELPATGTSVIGPGTGLGVAHIWRDESGR.V R.SLGEATLHTKDHASFTAWQDFEGR.Q R.FTNWPIIR.P R.FEGFMAALPK.L R.MREQIVTDIGGTHAR.F R.EQIVTDIGGTHAR.F R.AVALIAGPTRGEIIR.F R.DESGVRVQATEGGHIDFAPLDSIEDAILAR.L K.GRFEFMAALPK.L R.LDQVLLTSPSIVPEPAR.Y R.SQTYFHLLGR.A R.TIGVETAQVMNR.Y R.DTAANDELLR.H K.GLSSGVLPISATVTSHVVEVLK.T K.ALATLNDIHPVGETR.S R.SIGLLGAVEIVADK.T K.TGGDFVHGTYSGHPVAAVALR.N R.TGNVTGPHLAK.A R.SIGLLGAVEIVADKTTT.A R.LPHIFFNAGSEANDTVFR.M R.FGGAETGAPMAR.D R.LITTHAEGCYTIDGGGHR.I R.WNAYHGSTVAGVSLGGMK.A R.KYGLLLVADEVICGFR.T R.FGGAETGAPMAR.D K.YGLLLVADEVICGFR.T K.AMHAGQDLPVGVVHVR.Q K.VAASIDDIGAASK.A K.AAGVVDAAVTPR.Y R.AAAEDAPDGHNFAR.G K.VLLLEPLSALDAK.L R.HDQEDFTWDDR.V K.VYLNHGVTPHGDVWVALRPEK.I R.FNPELQVFEAFTR.V K.SVNETLPADVATIER.M K.VLFDSPYAGR.I R.IAWLSEAGDMFR.L K.NNPVIFPPADVLA.C K.KFHEDDQDQLLK.G K.AGNPGYDVIWPSNDFVER.M K.HITETLTPNAAAK.A K.NIDAAVINVEYDLQR.K K.FHEDDQDQLLK.G K.SKVSATPDSWK.V K.NAHAFINVIDANVDKHTITETLYPTNAAAK.A K.NAHAFINVIDANVDK.H K.FKAGNPGYDVIWPSNDFVER.M K.FSMPYTWLALIGYR.K K.EGSQLNSDNLCPK.G K.TLANGEEAR.L K.NIDAAVINVEYDLQRK.F K.ADMMLPLDHSPLPNKK.N R.NLLGDFFETIYAK.D R.LPGADSNPYLAIASLVCYIGMVD.R R.TAATLDFAPTFQLGHPPLFELQRL R.IFFTNSGSESVDTALK.I
YP_616149	Sala_1099	L-carnitine dehydratase/bile acid-inducible protein F	35.71%	7	
YP_616150	Sala_1100	glutathione S-transferase-like protein	58.70%	16	
YP_616154	Sala_1104	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	46.60%	13	
YP_616155	Sala_1105	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	41.95%	9	
YP_616157	Sala_1107	putative FecR	11.25%	3	
YP_616158	Sala_1108	RNA polymerase, sigma-24 subunit, ECF subfamily	24.28%	3	
YP_616159	Sala_1109	Autotransporter beta-domain	2.52%	2	
YP_616160	Sala_1110	Glucokinase	78.33%	22	
YP_616161	Sala_1111	peptidase C26	20.33%	4	
	Sala_1112	aminotransferase class-III	36.61%	14	
YP_616162	Sala_1113	protein of unknown function DUF808	9.32%	2	
YP_616163	Sala_1114	spermidine/putrescine ABC transporter ATP-binding subunit	16.49%	4	
YP_616166	Sala_1117	extracellular solute-binding protein, family 1	57.88%	19	
YP_616170	Sala_1121	Glutamate--ammonia ligase	9.15%	2	
YP_616171	Sala_1122	aminotransferase class-III	40.64%	9	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.ASELGAYWEDAHSK.G R.VGGATASQMWGVTPDIITMAK.G R.HGILLIFDEVITAFGR.V R.LVLDLHGAETIAAVVPEPMAGSTGVLPVPPVGLSR.L R.GDNQQLASFWMPETANR.A R.ATGDIIALSPLIVEK.E K.EQDAMFGTIADLDRID. R.WVDQEKDPLLVADNVVAIANDAAIR.L R.HTTTQLQSEASARK.D R.GAEMPEFVHFDPLMYQGSSDAFLAPR.D R.NLGGAGTIGSGTVSNR.D R.ADAGVDMTFDGLQIAHAAK.T K.VLLVGLTNDVSLR.G K.GGFFQSKPSSAMSPVFTPDALGDQWK.D R.EKVLVGLTNDVSLR.G R.GAEMPEFVHFDPLMYQGSSDAFLAPR.D R.LAALAEIDLHDAIPK.F R.LAALAEIDLHDAIPK.E R.HHSIFGAIQTV.A R.DADGGPKPVSEGLGYSCLAEVR.T K.PSSAMSPVFTPDALGDQWK.D K.GGFFQSKPSSAMSPVFTPDALGDQWK.D R.GAEMPEFVHFDPLMYQGSSDAFLAPR.D R.GAEMPEFVHFDPLMYQGSSDAFLAPR.D K.GGFFQSK.P R.DLLSSGQDYLLKPLSLDQVR.E K.FQSAIGELSR.K R.LLDGADVVESEVAASAK.S R.GGVGASVATSLAWAISEQADR.Q R.AIDIVIPFDPK.L R.VLLVANKFQSAIGELSR.K R.QVLPFFHLVSEAGTILLVSDVTLAAAR.D R.NAFEMTIVDIPR.Q R.GLIDADNPSR.I R.ASDKLSLSAEAPHQVMTDGSAFFQLEELR.N R.VAIEDPSLYGASSAQTVR.A R.DTGHDPVAATR.A R.NSIYQFDVAAK.D K.DVPVTTGAVPDGHIR.V R.SLESVHPVVR.N R.LQQGWFDMGIR.Y R.TKPTGAGELTK.T R.YGDRVAIEDPSLYGASSAQTVR.A K.DGELPPSEQGR.L K.APGETSIYATDASGR.V R.DTDGFLNGFLGFFVGR.Q R.SPDDAAEAE.L R.VRPEVSELSTEGAIEMQGFQIPALTIR.R R.LVQAFVGDQTK.V R.LDSNVGDADRPR.G K.MPGLGDVPLLTGTFK.S R.SPDDAAEAE.LVQAFVGDQTK.V K.VYVSLAYPTVLSNGR.I R.TATPLQVNLQVR.I R.SIGAIKMPGLGDVPLLTGTFK.S R.VRPEVSELSTEGAIEMQGFQIPALTIR.R R.SGLVATLAQNLTAISGETADFLAGGEFVPIPGNFAGTTIEYR.K R.RGETELVVTPVLPVPSANDIK.L R.QAGTITTDANGNTSITTPGTR.S R.LLISLPAASVDFVADKVDVQVR.S R.GGSSDASPGFSIK. R.YDAEEDTKTPVR.T R.TFGSVTLEATPEIAEK.I R.QLPVGTIVGPDVSR.F R.PLAESAGELDAIASGEIIVPASGGTAAER.K R.LLALRALAESAGELDAIASGEIIVPASGGTAAER.K R.HPTTAGQPLTQALVHNDR.G R.ADLLVNAAGAWADQVAASGVAPVGIQPR.R R.IWLTPHDETVPDHPDVPVEIDVATAIDR.L R.SAAFVHESVGGAGVQPLTR.A R.LQSVVDVPAALER.K K.VNSETIFWTEYSSK.A K.NGPGAEREVE. K.VGEFVAFK.Y K.NKVGEFVAFK.Y K.NAIESIQKNGPGAEREVE. K.NAIESIQ.N K.TLSSGEADTTNMR.M K.KPVANADLQRL.L K.GNPGGGWAVLR.W K.GHAGHDNELADQLASDAALK.M K.GIAEUVENSFLLETR.G R.EVALTDEEFAALPLAR.G R.DLPAHVHADLPDNLMLGER.V R.VSEGDLPFFVELLDHLAK.R R.AVADFAGAR.E R.AYDVAVTHASWTFSTGSDCDIGR.A R.AHDWIHTPPGALVTR.K K.RVSEGLPFFVELLDHLAK.R R.MIVGAPSSNSLR.L R.IVELALER.F R.GHDVDPAWLDSIGTLGITAGASAPETLVR.E R.EVIDAVSARVIVEDVVAEENMVFK.L K.GAIFVESLDQPDGVPVFSAHGVK.A R.HRPAIAGR.G R.EVIDAVSARVIVEDVVAEENMVFK.L R.TVTLPHYATVQGGTAVAK.K R.LGNVAVTFAEQTR.G R.AQASAYDR.A R.RPGDQDAIDPLSLPEVR.A K.RLGNVAVTFAEQTR.G R.AAATLPDIQER.I R.DNIEELAGVGTATR.T R.TACPAVAVPLHTGDTLFDPTQTSR.D K.VYQLANFDVATR.R K.RRPGDQDAIDPLSLPEVR.A R.TACPAVAVPLHTGDTLFDPTQTSR.DAR.A R.GAVVGDALALLEYAGHEVIR.E R.LYLDAGSQIR.N R.FAAAPESAWLALFR.A R.YREALGEEVGAIPGLYPGDYLPVGEK.L R.LADDSWREELALHDLR.G R.EQGLVYDGLLEAPKGETPEDWEPVELPLFR.S R.IVLNDPELTATR.L K.GETPEDWEPVELPLFR.S R.AGNFVLADVVDEVKDAVR.F R.EQGLVYDGLLEAPK.G R.DNPWWYLQYANAR.I R.IVEAAAFAR.E R.EYVNDAGAQQVDVLR.S K.AVAALTEGK.T R.EALGEEVGAIPGLYPGDYLPVGEK.L R.STQFGDDQDRPIR.K R.FSDHIGALDALAAR.D K.AADAGIVLPAPAPER.L K.LGHHDIPSSAELOQAAGKPAAEK.L R.IAFVADVAFAAFHAWYHLGNDSAAAR.I R.SAVSEPRDDAAGDITATMAAMVLAAS.K R.KAADAGIVLPAPAPER.L K.SETADELIDWADHAGTVK.R K.SDGSWTFYFADLAVHFQK.S R.KSDGSWTFYFADLAVHFQK.S R.KADAQMDFFAR.V R.ANELALVK.L R.LRANELALVK.L K.SETADELIDWADHAGTVK.R K.LAAEHGDR.F
YP_616172	Sala_1123	periplasmic sensor signal transduction histidine kinase	8.51%	2	
YP_616173	Sala_1124	fumarylacetoacetate (FAA) hydrolase	53.15%	16	
YP_616176	Sala_1127	response regulator receiver protein	41.00%	10	
YP_616177	Sala_1128	hypothetical protein	49.30%	9	
YP_616178	Sala_1129	type II and III secretion system protein	55.17%	17	
YP_616179	Sala_1130	Flp pilus assembly CpaB	28.70%	6	
YP_616181	Sala_1132	FAD dependent oxidoreductase	24.20%	4	
YP_616182	Sala_1133	protein of unknown function DUF1508	63.86%	6	
YP_616183	Sala_1134	ribonuclease H	38.67%	4	
YP_616184	Sala_1135	homoserine kinase	38.44%	8	
YP_616185	Sala_1136	hydroxymethylbutenyl pyrophosphate reductase	34.97%	7	
YP_616186	Sala_1137	hypothetical protein	58.74%	11	
YP_616187	Sala_1138	arginyl-tRNA synthetase	76.00%	34	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616188	Sala_1139	Sporulation related	33.88%	5	R.RFSDHIGALDALAAR.D R.ALADLLAVELGALDEVVAGVAGPGFINLR.L R.AEAVGAMDMIR.A K.LLGHHDIFSSAELQAAGK.P R.VISPATVGGSTVYR.L R.FAYLADLNR.V K.TFEGEGDASFSAEAGAAGPK.V R.VAGENCIVR.
YP_616189	Sala_1140	Beta-N-acetylhexosaminidase	37.61%	11	K.AAASEAAAPGDAMIQLGAFSSEGAAGK.A R.AILSGLQAGVGVK.H R.APASAEAR.L R.ANPLILIDQEGGR.V R.ALDDTHEALPTVTASDRELQDLAPFAALR.D R.ELQTDLAPFAALR.D R.ALDDTHEALPTVTASDR.E MIPAFGLSGLITLDDR.A R.DCAPAGYILFGR.N R.MDDMIGIANR.L R.IAGARDEGEFAALVDQR.D R.DEGEFAALVDQR.D R.AVIEAIAAR.H R.HAGSGIQLVER.G R.WHFQTPADLAHLR.R R.AAAEVLAIVAYHEPVSRA K.TTDTFLQHFGLSSR.K R.AIEAMLFASDEPLDAR.Q R.APDLSATPTTAETENR. K.QIDAQRAAPDLSATPTTAETENR. K.GMSDDATPTAPK.Q R.DIESVGEAGDR.A R.DIESVGEAGDRAI. K.GVGRDIESVGEAGDR.A R.AAIEDALSFPEESAGR.L R.YALISAIVVDK.A R.DVIGLAEAGEGAAR.E K.PDFRVDVIGLAEAGEGAARERIGR.L R.LRPDLAPLHVER.I R.ISTLAQQGYDGVFHR.V R.FLDNQYVWGEVIEGMEHVDALPK.G R.VIPGFMAQGGDPTGTGMGGSQLPDLQFNFSEPHVR.G K.CEPPREKTIKK.A R.ATLAEDLGAGDITSLATPADAR.F R.AIAETGVYVSGR.L R.QYVDAIAGTGATLDTR.K R.DAITVAGLPIAER.F R.VAQVPELVAGATHLLDNMGLDRLR.T R.SALNTVQHLSGIATMTR.Q R.TSVAIVDGR.V R.QYVDAIAGTGATLDTRK.T R.LTQSPAADIGLDFALA. K.DNHVAVAGSVEEAVR.R R.MSVIPTIAPFLPGLLR.L R.EAEELADMAAASAPLVGELR.M K.DALAFDAIAPVYR.D R.IDKLPTEGLTIVATPLAASLAESIGATGK.D R.QDNALGTLWNMVFQTK.L R.FAAELGGR.A R.FAQGITGCEGYESAAGLVAAR.F R.ALSEPHNITVYR.E R.SDQGSNAVGLLR.E R.SDDAALETQLHPFVR.A R.FTAYFGGDFPFRIPGR.K R.ATGGYDGHDR.L K.VLTAQQWTFERER.V K.VLTAQQWTFER.E R.EWPGIDAPYR.L R.QSVLTSIPFQVKG.S R.GGQGITNIDNIAR.N R.DATAEVVNLQWR.H K.FEGDDEDRLIGVALLDESDDVLLATR.Q R.LYAAQEGGFIPGRPK.K R.EELVAVRDEFATR.R K.TSYLDYAMSVIVSR.A K.DNENEPTLPAER.M R.IEGVADIRDESNR.E R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L K.TAMVLNLDKDTVDQPNYDASR.E K.DEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.LAEGDEVISLSLHR.V R.AAPWKDNEPTLPAER.M R.VGTTGDEREAYLR.A R.STHVIEGRNDR.Q R.NGVPVAFPAQAHQLMLVDQAK.L R.LVIAEGEMEAATYR.L R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.NSMDAFTNVPNSGK.I K.IVGDVGMGNVHPHGDSAIYDALAR.M K.DILSAFIIFR.E R.STHVIEGR.N R.LFDVAEGEHVSAALLIEDGDEDADDGRDVEASDNPVSEAPTE. R.FAGDDVREFQSR.N R.EQFILTVCANGYK.L R.TLAPAADGIDDEDLIEREMVTVTMDGYIK.R R.LIGVALLDESDDVLLATR.Q R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L R.DRAHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V K.RTPLATFR.A R.TIDALTPAQGR.I R.AVAPGLTVPPIAAANLLR.T R.AVSDADQVTAETGR. R.LGELADYPAFTAGR.L R.EAVGAALPEAAR.T R.TDSGGGSLGIYAR.A R.ITPDEGASLEISDWR.A R.GFASIVDGPATAPK.G R.TASVTATSAGSALQLGR.N R.EIVLVAEPGAVLGEIALLDGGER.T R.VLEPELIDISESEG. R.TADQTIESDR.A K.SWEESGIIALEQGR.V R.TADQTIESDRAYASGPR.L R.LAELQSPDSIFSGLSVEDWAEITR.R K.GKELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V R.VELSQTELGNFAGMSR.E K.ELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V K.LSPNSHVASYGTNEISER.H K.GLMAASLAALLQAR.G R.AFGILLDAPAPDLTAWYDIMDR.K R.FIFITGGVSSLGK.G K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A R.KQHPEGEVITIGVKG.Y R.NTSGIANASSTFEGPTDEPVVGLITWMSAEGQLQR.R R.K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A K.SKPFDPHPLFAGFIEAIVK.Q R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIK.D K.SLNEALVHGGMAHR.V R.IYQGIIAK.E R.GANTDLGGTMR.L R.DNAISVHVTLPYIAAAGELK.T K.QHPEGEVITIGVKG.Y R.YEVNGAYR.E R.WLDAEMEREDLVANLEPHLIGLVPGGFGR.G R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIKDFAR.A R.HRYEVNGAYR.E K.GLMAASLAALLQAR.G
YP_616191	Sala_1142	putative transcriptional regulator	41.12%	6	R.AVIEAIAAR.H R.HAGSGIQLVER.G R.WHFQTPADLAHLR.R R.AAAEVLAIVAYHEPVSRA K.TTDTFLQHFGLSSR.K R.AIEAMLFASDEPLDAR.Q R.APDLSATPTTAETENR. K.QIDAQRAAPDLSATPTTAETENR. K.GMSDDATPTAPK.Q R.DIESVGEAGDR.A R.DIESVGEAGDRAI. K.GVGRDIESVGEAGDR.A R.AAIEDALSFPEESAGR.L R.YALISAIVVDK.A R.DVIGLAEAGEGAAR.E K.PDFRVDVIGLAEAGEGAARERIGR.L R.LRPDLAPLHVER.I R.ISTLAQQGYDGVFHR.V R.FLDNQYVWGEVIEGMEHVDALPK.G R.VIPGFMAQGGDPTGTGMGGSQLPDLQFNFSEPHVR.G K.CEPPREKTIKK.A R.ATLAEDLGAGDITSLATPADAR.F R.AIAETGVYVSGR.L R.QYVDAIAGTGATLDTR.K R.DAITVAGLPIAER.F R.VAQVPELVAGATHLLDNMGLDRLR.T R.SALNTVQHLSGIATMTR.Q R.TSVAIVDGR.V R.QYVDAIAGTGATLDTRK.T R.LTQSPAADIGLDFALA. K.DNHVAVAGSVEEAVR.R R.MSVIPTIAPFLPGLLR.L R.EAEELADMAAASAPLVGELR.M K.DALAFDAIAPVYR.D R.IDKLPTEGLTIVATPLAASLAESIGATGK.D R.QDNALGTLWNMVFQTK.L R.FAAELGGR.A R.FAQGITGCEGYESAAGLVAAR.F R.ALSEPHNITVYR.E R.SDQGSNAVGLLR.E R.SDDAALETQLHPFVR.A R.FTAYFGGDFPFRIPGR.K R.ATGGYDGHDR.L K.VLTAQQWTFERER.V K.VLTAQQWTFER.E R.EWPGIDAPYR.L R.QSVLTSIPFQVKG.S R.GGQGITNIDNIAR.N R.DATAEVVNLQWR.H K.FEGDDEDRLIGVALLDESDDVLLATR.Q R.LYAAQEGGFIPGRPK.K R.EELVAVRDEFATR.R K.TSYLDYAMSVIVSR.A K.DNENEPTLPAER.M R.IEGVADIRDESNR.E R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L K.TAMVLNLDKDTVDQPNYDASR.E K.DEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.LAEGDEVISLSLHR.V R.AAPWKDNEPTLPAER.M R.VGTTGDEREAYLR.A R.STHVIEGRNDR.Q R.NGVPVAFPAQAHQLMLVDQAK.L R.LVIAEGEMEAATYR.L R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.NSMDAFTNVPNSGK.I K.IVGDVGMGNVHPHGDSAIYDALAR.M K.DILSAFIIFR.E R.STHVIEGR.N R.LFDVAEGEHVSAALLIEDGDEDADDGRDVEASDNPVSEAPTE. R.FAGDDVREFQSR.N R.EQFILTVCANGYK.L R.TLAPAADGIDDEDLIEREMVTVTMDGYIK.R R.LIGVALLDESDDVLLATR.Q R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L R.DRAHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V K.RTPLATFR.A R.TIDALTPAQGR.I R.AVAPGLTVPPIAAANLLR.T R.AVSDADQVTAETGR. R.LGELADYPAFTAGR.L R.EAVGAALPEAAR.T R.TDSGGGSLGIYAR.A R.ITPDEGASLEISDWR.A R.GFASIVDGPATAPK.G R.TASVTATSAGSALQLGR.N R.EIVLVAEPGAVLGEIALLDGGER.T R.VLEPELIDISESEG. R.TADQTIESDR.A K.SWEESGIIALEQGR.V R.TADQTIESDRAYASGPR.L R.LAELQSPDSIFSGLSVEDWAEITR.R K.GKELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V R.VELSQTELGNFAGMSR.E K.ELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V K.LSPNSHVASYGTNEISER.H K.GLMAASLAALLQAR.G R.AFGILLDAPAPDLTAWYDIMDR.K R.FIFITGGVSSLGK.G K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A R.KQHPEGEVITIGVKG.Y R.NTSGIANASSTFEGPTDEPVVGLITWMSAEGQLQR.R R.K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A K.SKPFDPHPLFAGFIEAIVK.Q R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIK.D K.SLNEALVHGGMAHR.V R.IYQGIIAK.E R.GANTDLGGTMR.L R.DNAISVHVTLPYIAAAGELK.T K.QHPEGEVITIGVKG.Y R.YEVNGAYR.E R.WLDAEMEREDLVANLEPHLIGLVPGGFGR.G R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIKDFAR.A R.HRYEVNGAYR.E K.GLMAASLAALLQAR.G
YP_616192	Sala_1143	twin-arginine translocation protein, Tata/E family	46.75%	3	R.APDLSATPTTAETENR. K.QIDAQRAAPDLSATPTTAETENR. K.GMSDDATPTAPK.Q R.DIESVGEAGDR.A R.DIESVGEAGDRAI. K.GVGRDIESVGEAGDR.A R.AAIEDALSFPEESAGR.L R.YALISAIVVDK.A R.DVIGLAEAGEGAAR.E K.PDFRVDVIGLAEAGEGAARERIGR.L R.LRPDLAPLHVER.I R.ISTLAQQGYDGVFHR.V R.FLDNQYVWGEVIEGMEHVDALPK.G R.VIPGFMAQGGDPTGTGMGGSQLPDLQFNFSEPHVR.G K.CEPPREKTIKK.A R.ATLAEDLGAGDITSLATPADAR.F R.AIAETGVYVSGR.L R.QYVDAIAGTGATLDTR.K R.DAITVAGLPIAER.F R.VAQVPELVAGATHLLDNMGLDRLR.T R.SALNTVQHLSGIATMTR.Q R.TSVAIVDGR.V R.QYVDAIAGTGATLDTRK.T R.LTQSPAADIGLDFALA. K.DNHVAVAGSVEEAVR.R R.MSVIPTIAPFLPGLLR.L R.EAEELADMAAASAPLVGELR.M K.DALAFDAIAPVYR.D R.IDKLPTEGLTIVATPLAASLAESIGATGK.D R.QDNALGTLWNMVFQTK.L R.FAAELGGR.A R.FAQGITGCEGYESAAGLVAAR.F R.ALSEPHNITVYR.E R.SDQGSNAVGLLR.E R.SDDAALETQLHPFVR.A R.FTAYFGGDFPFRIPGR.K R.ATGGYDGHDR.L K.VLTAQQWTFERER.V K.VLTAQQWTFER.E R.EWPGIDAPYR.L R.QSVLTSIPFQVKG.S R.GGQGITNIDNIAR.N R.DATAEVVNLQWR.H K.FEGDDEDRLIGVALLDESDDVLLATR.Q R.LYAAQEGGFIPGRPK.K R.EELVAVRDEFATR.R K.TSYLDYAMSVIVSR.A K.DNENEPTLPAER.M R.IEGVADIRDESNR.E R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L K.TAMVLNLDKDTVDQPNYDASR.E K.DEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.LAEGDEVISLSLHR.V R.AAPWKDNEPTLPAER.M R.VGTTGDEREAYLR.A R.STHVIEGRNDR.Q R.NGVPVAFPAQAHQLMLVDQAK.L R.LVIAEGEMEAATYR.L R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.NSMDAFTNVPNSGK.I K.IVGDVGMGNVHPHGDSAIYDALAR.M K.DILSAFIIFR.E R.STHVIEGR.N R.LFDVAEGEHVSAALLIEDGDEDADDGRDVEASDNPVSEAPTE. R.FAGDDVREFQSR.N R.EQFILTVCANGYK.L R.TLAPAADGIDDEDLIEREMVTVTMDGYIK.R R.LIGVALLDESDDVLLATR.Q R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L R.DRAHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V K.RTPLATFR.A R.TIDALTPAQGR.I R.AVAPGLTVPPIAAANLLR.T R.AVSDADQVTAETGR. R.LGELADYPAFTAGR.L R.EAVGAALPEAAR.T R.TDSGGGSLGIYAR.A R.ITPDEGASLEISDWR.A R.GFASIVDGPATAPK.G R.TASVTATSAGSALQLGR.N R.EIVLVAEPGAVLGEIALLDGGER.T R.VLEPELIDISESEG. R.TADQTIESDR.A K.SWEESGIIALEQGR.V R.TADQTIESDRAYASGPR.L R.LAELQSPDSIFSGLSVEDWAEITR.R K.GKELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V R.VELSQTELGNFAGMSR.E K.ELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V K.LSPNSHVASYGTNEISER.H K.GLMAASLAALLQAR.G R.AFGILLDAPAPDLTAWYDIMDR.K R.FIFITGGVSSLGK.G K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A R.KQHPEGEVITIGVKG.Y R.NTSGIANASSTFEGPTDEPVVGLITWMSAEGQLQR.R R.K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A K.SKPFDPHPLFAGFIEAIVK.Q R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIK.D K.SLNEALVHGGMAHR.V R.IYQGIIAK.E R.GANTDLGGTMR.L R.DNAISVHVTLPYIAAAGELK.T K.QHPEGEVITIGVKG.Y R.YEVNGAYR.E R.WLDAEMEREDLVANLEPHLIGLVPGGFGR.G R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIKDFAR.A R.HRYEVNGAYR.E K.GLMAASLAALLQAR.G
YP_616195	Sala_1146	Entericidin EcnAB	28.57%	3	R.APDLSATPTTAETENR. K.QIDAQRAAPDLSATPTTAETENR. K.GMSDDATPTAPK.Q R.DIESVGEAGDR.A R.DIESVGEAGDRAI. K.GVGRDIESVGEAGDR.A R.AAIEDALSFPEESAGR.L R.YALISAIVVDK.A R.DVIGLAEAGEGAAR.E K.PDFRVDVIGLAEAGEGAARERIGR.L R.LRPDLAPLHVER.I R.ISTLAQQGYDGVFHR.V R.FLDNQYVWGEVIEGMEHVDALPK.G R.VIPGFMAQGGDPTGTGMGGSQLPDLQFNFSEPHVR.G K.CEPPREKTIKK.A R.ATLAEDLGAGDITSLATPADAR.F R.AIAETGVYVSGR.L R.QYVDAIAGTGATLDTR.K R.DAITVAGLPIAER.F R.VAQVPELVAGATHLLDNMGLDRLR.T R.SALNTVQHLSGIATMTR.Q R.TSVAIVDGR.V R.QYVDAIAGTGATLDTRK.T R.LTQSPAADIGLDFALA. K.DNHVAVAGSVEEAVR.R R.MSVIPTIAPFLPGLLR.L R.EAEELADMAAASAPLVGELR.M K.DALAFDAIAPVYR.D R.IDKLPTEGLTIVATPLAASLAESIGATGK.D R.QDNALGTLWNMVFQTK.L R.FAAELGGR.A R.FAQGITGCEGYESAAGLVAAR.F R.ALSEPHNITVYR.E R.SDQGSNAVGLLR.E R.SDDAALETQLHPFVR.A R.FTAYFGGDFPFRIPGR.K R.ATGGYDGHDR.L K.VLTAQQWTFERER.V K.VLTAQQWTFER.E R.EWPGIDAPYR.L R.QSVLTSIPFQVKG.S R.GGQGITNIDNIAR.N R.DATAEVVNLQWR.H K.FEGDDEDRLIGVALLDESDDVLLATR.Q R.LYAAQEGGFIPGRPK.K R.EELVAVRDEFATR.R K.TSYLDYAMSVIVSR.A K.DNENEPTLPAER.M R.IEGVADIRDESNR.E R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L K.TAMVLNLDKDTVDQPNYDASR.E K.DEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.LAEGDEVISLSLHR.V R.AAPWKDNEPTLPAER.M R.VGTTGDEREAYLR.A R.STHVIEGRNDR.Q R.NGVPVAFPAQAHQLMLVDQAK.L R.LVIAEGEMEAATYR.L R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.NSMDAFTNVPNSGK.I K.IVGDVGMGNVHPHGDSAIYDALAR.M K.DILSAFIIFR.E R.STHVIEGR.N R.LFDVAEGEHVSAALLIEDGDEDADDGRDVEASDNPVSEAPTE. R.FAGDDVREFQSR.N R.EQFILTVCANGYK.L R.TLAPAADGIDDEDLIEREMVTVTMDGYIK.R R.LIGVALLDESDDVLLATR.Q R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L R.DRAHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V K.RTPLATFR.A R.TIDALTPAQGR.I R.AVAPGLTVPPIAAANLLR.T R.AVSDADQVTAETGR. R.LGELADYPAFTAGR.L R.EAVGAALPEAAR.T R.TDSGGGSLGIYAR.A R.ITPDEGASLEISDWR.A R.GFASIVDGPATAPK.G R.TASVTATSAGSALQLGR.N R.EIVLVAEPGAVLGEIALLDGGER.T R.VLEPELIDISESEG. R.TADQTIESDR.A K.SWEESGIIALEQGR.V R.TADQTIESDRAYASGPR.L R.LAELQSPDSIFSGLSVEDWAEITR.R K.GKELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V R.VELSQTELGNFAGMSR.E K.ELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V K.LSPNSHVASYGTNEISER.H K.GLMAASLAALLQAR.G R.AFGILLDAPAPDLTAWYDIMDR.K R.FIFITGGVSSLGK.G K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A R.KQHPEGEVITIGVKG.Y R.NTSGIANASSTFEGPTDEPVVGLITWMSAEGQLQR.R R.K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A K.SKPFDPHPLFAGFIEAIVK.Q R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIK.D K.SLNEALVHGGMAHR.V R.IYQGIIAK.E R.GANTDLGGTMR.L R.DNAISVHVTLPYIAAAGELK.T K.QHPEGEVITIGVKG.Y R.YEVNGAYR.E R.WLDAEMEREDLVANLEPHLIGLVPGGFGR.G R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIKDFAR.A R.HRYEVNGAYR.E K.GLMAASLAALLQAR.G
YP_616196	Sala_1147	magnesium transporter	10.86%	4	R.AAIEDALSFPEESAGR.L R.YALISAIVVDK.A R.DVIGLAEAGEGAAR.E K.PDFRVDVIGLAEAGEGAARERIGR.L R.LRPDLAPLHVER.I R.ISTLAQQGYDGVFHR.V R.FLDNQYVWGEVIEGMEHVDALPK.G R.VIPGFMAQGGDPTGTGMGGSQLPDLQFNFSEPHVR.G K.CEPPREKTIKK.A R.ATLAEDLGAGDITSLATPADAR.F R.AIAETGVYVSGR.L R.QYVDAIAGTGATLDTR.K R.DAITVAGLPIAER.F R.VAQVPELVAGATHLLDNMGLDRLR.T R.SALNTVQHLSGIATMTR.Q R.TSVAIVDGR.V R.QYVDAIAGTGATLDTRK.T R.LTQSPAADIGLDFALA. K.DNHVAVAGSVEEAVR.R R.MSVIPTIAPFLPGLLR.L R.EAEELADMAAASAPLVGELR.M K.DALAFDAIAPVYR.D R.IDKLPTEGLTIVATPLAASLAESIGATGK.D R.QDNALGTLWNMVFQTK.L R.FAAELGGR.A R.FAQGITGCEGYESAAGLVAAR.F R.ALSEPHNITVYR.E R.SDQGSNAVGLLR.E R.SDDAALETQLHPFVR.A R.FTAYFGGDFPFRIPGR.K R.ATGGYDGHDR.L K.VLTAQQWTFERER.V K.VLTAQQWTFER.E R.EWPGIDAPYR.L R.QSVLTSIPFQVKG.S R.GGQGITNIDNIAR.N R.DATAEVVNLQWR.H K.FEGDDEDRLIGVALLDESDDVLLATR.Q R.LYAAQEGGFIPGRPK.K R.EELVAVRDEFATR.R K.TSYLDYAMSVIVSR.A K.DNENEPTLPAER.M R.IEGVADIRDESNR.E R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L K.TAMVLNLDKDTVDQPNYDASR.E K.DEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.LAEGDEVISLSLHR.V R.AAPWKDNEPTLPAER.M R.VGTTGDEREAYLR.A R.STHVIEGRNDR.Q R.NGVPVAFPAQAHQLMLVDQAK.L R.LVIAEGEMEAATYR.L R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.NSMDAFTNVPNSGK.I K.IVGDVGMGNVHPHGDSAIYDALAR.M K.DILSAFIIFR.E R.STHVIEGR.N R.LFDVAEGEHVSAALLIEDGDEDADDGRDVEASDNPVSEAPTE. R.FAGDDVREFQSR.N R.EQFILTVCANGYK.L R.TLAPAADGIDDEDLIEREMVTVTMDGYIK.R R.LIGVALLDESDDVLLATR.Q R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L R.DRAHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V K.RTPLATFR.A R.TIDALTPAQGR.I R.AVAPGLTVPPIAAANLLR.T R.AVSDADQVTAETGR. R.LGELADYPAFTAGR.L R.EAVGAALPEAAR.T R.TDSGGGSLGIYAR.A R.ITPDEGASLEISDWR.A R.GFASIVDGPATAPK.G R.TASVTATSAGSALQLGR.N R.EIVLVAEPGAVLGEIALLDGGER.T R.VLEPELIDISESEG. R.TADQTIESDR.A K.SWEESGIIALEQGR.V R.TADQTIESDRAYASGPR.L R.LAELQSPDSIFSGLSVEDWAEITR.R K.GKELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V R.VELSQTELGNFAGMSR.E K.ELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V K.LSPNSHVASYGTNEISER.H K.GLMAASLAALLQAR.G R.AFGILLDAPAPDLTAWYDIMDR.K R.FIFITGGVSSLGK.G K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A R.KQHPEGEVITIGVKG.Y R.NTSGIANASSTFEGPTDEPVVGLITWMSAEGQLQR.R R.K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A K.SKPFDPHPLFAGFIEAIVK.Q R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIK.D K.SLNEALVHGGMAHR.V R.IYQGIIAK.E R.GANTDLGGTMR.L R.DNAISVHVTLPYIAAAGELK.T K.QHPEGEVITIGVKG.Y R.YEVNGAYR.E R.WLDAEMEREDLVANLEPHLIGLVPGGFGR.G R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIKDFAR.A R.HRYEVNGAYR.E K.GLMAASLAALLQAR.G
YP_616197	Sala_1148	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin type	68.24%	5	R.LRPDLAPLHVER.I R.ISTLAQQGYDGVFHR.V R.FLDNQYVWGEVIEGMEHVDALPK.G R.VIPGFMAQGGDPTGTGMGGSQLPDLQFNFSEPHVR.G K.CEPPREKTIKK.A R.ATLAEDLGAGDITSLATPADAR.F R.AIAETGVYVSGR.L R.QYVDAIAGTGATLDTR.K R.DAITVAGLPIAER.F R.VAQVPELVAGATHLLDNMGLDRLR.T R.SALNTVQHLSGIATMTR.Q R.TSVAIVDGR.V R.QYVDAIAGTGATLDTRK.T R.LTQSPAADIGLDFALA. K.DNHVAVAGSVEEAVR.R R.MSVIPTIAPFLPGLLR.L R.EAEELADMAAASAPLVGELR.M K.DALAFDAIAPVYR.D R.IDKLPTEGLTIVATPLAASLAESIGATGK.D R.QDNALGTLWNMVFQTK.L R.FAAELGGR.A R.FAQGITGCEGYESAAGLVAAR.F R.ALSEPHNITVYR.E R.SDQGSNAVGLLR.E R.SDDAALETQLHPFVR.A R.FTAYFGGDFPFRIPGR.K R.ATGGYDGHDR.L K.VLTAQQWTFERER.V K.VLTAQQWTFER.E R.EWPGIDAPYR.L R.QSVLTSIPFQVKG.S R.GGQGITNIDNIAR.N R.DATAEVVNLQWR.H K.FEGDDEDRLIGVALLDESDDVLLATR.Q R.LYAAQEGGFIPGRPK.K R.EELVAVRDEFATR.R K.TSYLDYAMSVIVSR.A K.DNENEPTLPAER.M R.IEGVADIRDESNR.E R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L K.TAMVLNLDKDTVDQPNYDASR.E K.DEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.LAEGDEVISLSLHR.V R.AAPWKDNEPTLPAER.M R.VGTTGDEREAYLR.A R.STHVIEGRNDR.Q R.NGVPVAFPAQAHQLMLVDQAK.L R.LVIAEGEMEAATYR.L R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.NSMDAFTNVPNSGK.I K.IVGDVGMGNVHPHGDSAIYDALAR.M K.DILSAFIIFR.E R.STHVIEGR.N R.LFDVAEGEHVSAALLIEDGDEDADDGRDVEASDNPVSEAPTE. R.FAGDDVREFQSR.N R.EQFILTVCANGYK.L R.TLAPAADGIDDEDLIEREMVTVTMDGYIK.R R.LIGVALLDESDDVLLATR.Q R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L R.DRAHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V K.RTPLATFR.A R.TIDALTPAQGR.I R.AVAPGLTVPPIAAANLLR.T R.AVSDADQVTAETGR. R.LGELADYPAFTAGR.L R.EAVGAALPEAAR.T R.TDSGGGSLGIYAR.A R.ITPDEGASLEISDWR.A R.GFASIVDGPATAPK.G R.TASVTATSAGSALQLGR.N R.EIVLVAEPGAVLGEIALLDGGER.T R.VLEPELIDISESEG. R.TADQTIESDR.A K.SWEESGIIALEQGR.V R.TADQTIESDRAYASGPR.L R.LAELQSPDSIFSGLSVEDWAEITR.R K.GKELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V R.VELSQTELGNFAGMSR.E K.ELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V K.LSPNSHVASYGTNEISER.H K.GLMAASLAALLQAR.G R.AFGILLDAPAPDLTAWYDIMDR.K R.FIFITGGVSSLGK.G K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A R.KQHPEGEVITIGVKG.Y R.NTSGIANASSTFEGPTDEPVVGLITWMSAEGQLQR.R R.K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A K.SKPFDPHPLFAGFIEAIVK.Q R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIK.D K.SLNEALVHGGMAHR.V R.IYQGIIAK.E R.GANTDLGGTMR.L R.DNAISVHVTLPYIAAAGELK.T K.QHPEGEVITIGVKG.Y R.YEVNGAYR.E R.WLDAEMEREDLVANLEPHLIGLVPGGFGR.G R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIKDFAR.A R.HRYEVNGAYR.E K.GLMAASLAALLQAR.G
YP_616199	Sala_1150	nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase	50.16%	10	R.AAIEDALSFPEESAGR.L R.YALISAIVVDK.A R.DVIGLAEAGEGAAR.E K.PDFRVDVIGLAEAGEGAARERIGR.L R.LRPDLAPLHVER.I R.ISTLAQQGYDGVFHR.V R.FLDNQYVWGEVIEGMEHVDALPK.G R.VIPGFMAQGGDPTGTGMGGSQLPDLQFNFSEPHVR.G K.CEPPREKTIKK.A R.ATLAEDLGAGDITSLATPADAR.F R.AIAETGVYVSGR.L R.QYVDAIAGTGATLDTR.K R.DAITVAGLPIAER.F R.VAQVPELVAGATHLLDNMGLDRLR.T R.SALNTVQHLSGIATMTR.Q R.TSVAIVDGR.V R.QYVDAIAGTGATLDTRK.T R.LTQSPAADIGLDFALA. K.DNHVAVAGSVEEAVR.R R.MSVIPTIAPFLPGLLR.L R.EAEELADMAAASAPLVGELR.M K.DALAFDAIAPVYR.D R.IDKLPTEGLTIVATPLAASLAESIGATGK.D R.QDNALGTLWNMVFQTK.L R.FAAELGGR.A R.FAQGITGCEGYESAAGLVAAR.F R.ALSEPHNITVYR.E R.SDQGSNAVGLLR.E R.SDDAALETQLHPFVR.A R.FTAYFGGDFPFRIPGR.K R.ATGGYDGHDR.L K.VLTAQQWTFERER.V K.VLTAQQWTFER.E R.EWPGIDAPYR.L R.QSVLTSIPFQVKG.S R.GGQGITNIDNIAR.N R.DATAEVVNLQWR.H K.FEGDDEDRLIGVALLDESDDVLLATR.Q R.LYAAQEGGFIPGRPK.K R.EELVAVRDEFATR.R K.TSYLDYAMSVIVSR.A K.DNENEPTLPAER.M R.IEGVADIRDESNR.E R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L K.TAMVLNLDKDTVDQPNYDASR.E K.DEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.LAEGDEVISLSLHR.V R.AAPWKDNEPTLPAER.M R.VGTTGDEREAYLR.A R.STHVIEGRNDR.Q R.NGVPVAFPAQAHQLMLVDQAK.L R.LVIAEGEMEAATYR.L R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.NSMDAFTNVPNSGK.I K.IVGDVGMGNVHPHGDSAIYDALAR.M K.DILSAFIIFR.E R.STHVIEGR.N R.LFDVAEGEHVSAALLIEDGDEDADDGRDVEASDNPVSEAPTE. R.FAGDDVREFQSR.N R.EQFILTVCANGYK.L R.TLAPAADGIDDEDLIEREMVTVTMDGYIK.R R.LIGVALLDESDDVLLATR.Q R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L R.DRAHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V K.RTPLATFR.A R.TIDALTPAQGR.I R.AVAPGLTVPPIAAANLLR.T R.AVSDADQVTAETGR. R.LGELADYPAFTAGR.L R.EAVGAALPEAAR.T R.TDSGGGSLGIYAR.A R.ITPDEGASLEISDWR.A R.GFASIVDGPATAPK.G R.TASVTATSAGSALQLGR.N R.EIVLVAEPGAVLGEIALLDGGER.T R.VLEPELIDISESEG. R.TADQTIESDR.A K.SWEESGIIALEQGR.V R.TADQTIESDRAYASGPR.L R.LAELQSPDSIFSGLSVEDWAEITR.R K.GKELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V R.VELSQTELGNFAGMSR.E K.ELLVQSDPGDMMLLLETGAR.V K.LSPNSHVASYGTNEISER.H K.GLMAASLAALLQAR.G R.AFGILLDAPAPDLTAWYDIMDR.K R.FIFITGGVSSLGK.G K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A R.KQHPEGEVITIGVKG.Y R.NTSGIANASSTFEGPTDEPVVGLITWMSAEGQLQR.R R.K.EAVIPALDADSISVVPQYHGEGLDSEVLR.A K.SKPFDPHPLFAGFIEAIVK.Q R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIK.D K.SLNEALVHGGMAHR.V R.IYQGIIAK.E R.GANTDLGGTMR.L R.DNAISVHVTLPYIAAAGELK.T K.QHPEGEVITIGVKG.Y R.YEVNGAYR.E R.WLDAEMEREDLVANLEPHLIGLVPGGFGR.G R.RGDYLGATVQVPHVTDIAIKDFAR.A R.HRYEVNGAYR.E K.GLMAASLAALLQAR.G
YP_616206	Sala_1157	transcriptional regulator, LysR family	11.96%	2	R.MSVIPTIAPFLPGLLR.L R.EAEELADMAAASAPLVGELR.M K.DALAFDAIAPVYR.D R.IDKLPTEGLTIVATPLAASLAESIGATGK.D R.QDNALGTLWNMVFQTK.L R.FAAELGGR.A R.FAQGITGCEGYESAAGLVAAR.F R.ALSEPHNITVYR.E R.SDQGSNAVGLLR.E R.SDDAALETQLHPFVR.A R.FTAYFGGDFPFRIPGR.K R.ATGGYDGHDR.L K.VLTAQQWTFERER.V K.VLTAQQWTFER.E R.EWPGIDAPYR.L R.QSVLTSIPFQVKG.S R.GGQGITNIDNIAR.N R.DATAEVVNLQWR.H K.FEGDDEDRLIGVALLDESDDVLLATR.Q R.LYAAQEGGFIPGRPK.K R.EELVAVRDEFATR.R K.TSYLDYAMSVIVSR.A K.DNENEPTLPAER.M R.IEGVADIRDESNR.E R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L K.TAMVLNLDKDTVDQPNYDASR.E K.DEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.LAEGDEVISLSLHR.V R.AAPWKDNEPTLPAER.M R.VGTTGDEREAYLR.A R.STHVIEGRNDR.Q R.NGVPVAFPAQAHQLMLVDQAK.L R.LVIAEGEMEAATYR.L R.AGMATKDEDVTELVFTSTHTPVLFFSTAGK.V R.NSMDAFTNVPNSGK.I K.IVGDVGMGNVHPHGDSAIYDALAR.M K.DILSAFIIFR.E R.STHVIEGR.N R.LFDVAEGEHVSAALLIEDGDEDADDGRDVEASDNPVSEAPTE. R.FAGDDVREFQSR.N R.EQFILTVCANGYK.L R.TLAPAADGIDDEDLIEREMVTVTMDGYIK.R R.LIGVALLDESDDVLLATR.Q R.GRPMINLLAQGETISTVPLPEDESEWGK.L R.DRAHLLGLVAVSNLDEVYR.I R.AHLLGLVAVSNLDEVYR.I

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.KFDYPLNVDPTGMSPYQHGEVYVDDGAETDLDLGHYR.F R.GDYLGTAVQVPHVTDAIKDFAR.A R.ELASLGVQPDILLCR.C R.DEDLVANLEPHGILVPGGFER.G K.YVSLPDAYK.S K.TKPTQHSVR.E K.RGANTDLGGTMR.L K.SEGGGLVGGSPAGLLSAR.G R.GAADFMTR.A K.FYPIIEAAGL R.ILYGSSVNGDNAELLDTGDVDGALVGGASLTAAK.F R.FGDAQAIR.I R.ESGGAIDHVLQAESVPDLDPQR.F R.FAIAYEPIWAIGTGLVPTVADVAAMHGAI.R.D R.FAIAYEPIWAIGTGLVPTVADVAAMHGAI.R.D R.EGGESDADYR.A R.AIFAAADTHPEVDVVALCPFFTLIGAMAAAAPGK.A K.MNGLKEALGEAR.A R.IAPALAEPPYALLLEQR.R K.FDQTVFENFLR.Q R.FAQVILPDQAAANR.L K.ANEAIVDYNAIQDAVNSGASIEEATDR.K R.VPELALLFSMAEGSVK.T R.PLAPAFGNELLEQLAAEAR.R K.SLNEAFAAGNIGNVQAIQGR.R K.RGEVVGPLQTLGWTVVR.V R.VYKDNAAQYATETR.R R.VAALARPLAPAFGNELLEQLAAEAR.R R.IADLPFAFVSGK.F R.SLADASAIR.A R.RAELGANGER.V R.KLQIVETPAILNNGR.A R.GQATFIPASAFAPK.G R.QQLLEQLAAPPQMPR.I R.GWVWIALDEV.R R.APGQPGFTLAADLAPLVAQAFQVGGEGEQIATIVENK.F K.ANEAIVDYNAIQDAVNSGASIEEATDR.L R.RGQATFIPASAFAPK.G R.VIQYAMFDR.A R.GEVVGLQTLGWTVVR.V R.ASVFPVAVTDAEIR.V K.SIIAAAPPPAQIR.Q R.SGASLASAAEAAGLSASTTGDGQSAVAATSAVAAR.A K.VGGEEIGVGLR.D K.DNAAQYATETR.R R.RVGVITNK.G R.QNGISEAQLR.R R.GELSEWR.F R.AELGANGERVPELALLFSMAEGSVK.T K.LQIVETPAILNNGR.A R.LSSASPHADGASTAALTQSITATPATSPER.F R.YSLIGLDPDMFEVR.G R.LADELFLIAPVWDR.G R.IAPGKDAIDALFAGFPAGTVSGAPK.V R.LIADIETPVSAALK.L K.LIEPERGDWVLESVESGETR.G R.FSTFDLPPFDLYR.A R.HDRDAFVPEAGALQALR.D R.APGAGLGLPDMIFVRPTTLVDFDR.L R.AAALALAGGHGAVVWQR.L K.AGALFAAR.E R.DAFVPEAGALQALR.D R.AEHLMLDLGR.N K.DYIAAGDIFQVLSQR.F R.TSAEAEENR.E R.FAAMVAAK.D K.ATPGVTSATPIEQPLTTFGGR.V K.LAAQAVSDWR.S R.GVEFLTQQLWDPISIR.F R.DHGSAAVATHNER.L R.ALANRPLLVADPEPTGNLDEATADR.V R.RGEIVALLSPSGSK.S R.VFDQFVALVR.D R.GAGQAEAEADRAADLLAR.L R.GAGQAEAEADR.A K.STMLQAVGLLEGGFGGTR.I R.VDFDGGPVDGQMLTGR.W R.QHGEQSLDHGLTWTR.F K.GAGGGSFSDYKER.R K.IDVNGDDADPIFK.H K.VLLIVNTASK.C K.LPGGGTQSLADYR.G R.LANGAPLIDVLAALYQDAR.G R.ESSASVVAWALITDLDPLK.L K.AQDIPVGPGR.G R.STGGGLFGGDIAPTQLPAEPWTLAER.M R.LGIDIAPPSINESEADFSVGR.T R.LDLVAGISEAALSIVAPR.E K.LVPHPTDPWTLER.A R.WDAQVYELQR.G R.VSNPEAWLQPAEMEDAFSDLPEAIR.N R.TDGLICLTGGGEGALAR.L R.GDFASLDDFASR.I R.FLNLTLSDR.S R.DTVAQITFGK.L K.TANELFDLIDKFAQYGNK.S R.SNVHAIETIQDPAFDLSSR.S R.VLFFDAALFIVER.L R.LFDEQLVYIINHAEDR.V K.WWLPDEVVFDLPHATGK.I R.IVDDEGKELPR.D R.SNWGEVGTDR.R K.SGEVVISSELENAVAGPVGQEAAGVYHPK.W K.HVIGGSAAPR.A K.ADADAADAGWFDTDVSVLHPDGMVQITDR.A R.GQLTSVEHFVLDASAQGDYK.S R.GPWIIQR.Y K.KPGAESVEAAIIEYKDK.V R.LRQTSVEHFVLDASAQGDYK.S K.KPGAESVEAAIIEYK.D K.AGVYVGHAWGMTETSPIGTMGR.R R.IALLTSDSR.S R.ALIKDETDLVSR.L R.SGDRLEELLGAGHILAAAR.A R.LDGDQJSGELFR.W R.LHNWIDDPDQVVTGGTGLTR.D R.TIGTSTIQR.A R.GTYIFALPGSTGAVTDAWEGILASQLDSR.H K.VIAAYNAGPAPVAR.W R.YLQYLSREPATGGLLPK.V R.PGTARDYR.W R.AAVAGEPAVQSR.L K.TPAANMDLQGR.Y R.IAAGLTLSDAR.G K.LLDAMLQAGLVR.R K.LAFPGGALLGDSAGLVNVR.I R.AISDGGYQSVPK.L R.SLDELPEWR.T R.AGDTLDAYQAYDDSVKWK.E K.GSEVGAHILSGAVIDPR.S K.YTFFAEGAR.G K.ELWIDDPENHAPGR.V K.HHPDNETLYR.A K.DPSIPVEVWPLYDEPAQR.Y R.LSSVFLSNTNHEEDQPVHLQK.D R.ESMPYDVVIVGAGPAGLSAIR.L K.ADYAPGLELHAK.Y
YP_616220	Sala_1171	preprotein translocase, SecE subunit	17.53%	2	
YP_616221	Sala_1172	Triosephosphate isomerase	66.94%	9	
YP_616222	Sala_1173	hypothetical protein	62.56%	32	
YP_616223	Sala_1174	anthranilate synthase component I	49.11%	16	
YP_616224	Sala_1175	Lipoprotein releasing system, transmembrane protein, LolC/E family	12.02%	3	
YP_616225	Sala_1176	ABC transporter related	44.44%	7	
YP_616226	Sala_1177	hypothetical protein	23.62%	3	
YP_616227	Sala_1178	Glutathione peroxidase	22.78%	3	
YP_616228	Sala_1179	DNA polymerase III, alpha subunit	20.65%	14	
YP_616229	Sala_1180	AMP-dependent synthetase and ligase	44.38%	15	
YP_616231	Sala_1182	Molybdenum cofactor biosynthesis protein	68.39%	7	
YP_616232	Sala_1183	Lytic transglycosylase, catalytic	11.05%	5	
YP_616233	Sala_1184	Uracyl-DNA glycosylase superfamily	9.16%	2	
YP_616234	Sala_1185	Electron-transferring-flavoprotein dehydrogenase	52.63%	22	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616235	Sala_1186	Tetratricopeptide TPR_2	27.80%	9	K.WGDLGGTLAGITMWAETLK.I R.YCPAGVYEVIGQEEGNPR.F R.DGSHKADYAPGLELHAK.Y R.AGDTLDAYQAADDSSWVK.K K.SGMMAAEAAFAAVSAGR.A K.GVATGDMGVAR.D R.TMGCPLEVPVNDNQHWLTK.N R.NPHISPFQEMQK.W K.WGDLGGTLAGITMWAETLK.I K.GVATGDMGVAR.D R.LADEIGLSRSLQVALR.A R.AEAAARNDAPR.M R.RAGEAAR.L R.LEAALGEEDR.A R.IALAAGEREDPMLLLDPQPVTPR.A R.ATLVEALAR.D R.APQNASITDLSLWYFLIGR.T R.AGSAQWILGLADGLAR.T R.AELMLQADQWDAAPLIER.A R.THFELPELGDATLAR.I R.YGADRVPPLAVR.L R.IAGVPVLLVNR.Q R.QDLVGDAGQAFLAER.L R.LVVDLNRREEAPGVLPASDGHAVPGNALDAAAR.E R.AGGIMAILGELDR.A R.TITLAVADSVLAER.R R.RWDSLDR.I R.RHYEEDDSVLR.N R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.HYEEGDDSVLR.N R.FSGTSGLSIGHVPEAAEGTIGLVENGLINIDIPSR.T K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.GDAAWQPAKPR.P K.EVALDLVDMVAAADEK.Y K.DSDFGKPIAVNSFTQFVPGHVHLK.D K.ITPGMLMAALR.I K.GKEVALDLVDMVAAADEK.Y K.TAGVDESILK.F K.VFESQDAAVAGILTGQVEAGDVVIR.Y K.GGPGMQLYPTSYLKS R.SADHAFSK.D R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNK.W K.EFNTIADDGIAMGDMGLYSLPSR.D R.TNDPEVQK.F K.SDVHMEVDVHR.A R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNKWDIAR.T K.GLGAACALVTDGR.F K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.DGGLAVLSGNVAPDGCIVK.T R.KVSVLQAYAAITTSAAAR.G R.EIEAAGVAK.E R.VIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.FGDIAVEVPPFAFLQPTAAQQAALVDVAVR.A K.LQLLDQGVLELLEGVK.A R.RPLVPTLNR.F R.LRDDGIIPGNR.A R.FAVDQGDGLEILWQDRPTVR.F R.DRVIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.AIGDASTVADLFAVGTALSVLQAGR.K R.ADYQVDDLIQK.Q K.EADLPEIAALSHLIFNSPGQIAR.F R.VNPMHSEGEVAK.Y R.AGDPGFATR.F R.FAPLDQHYSMVK.T R.FDTRVPSAVVDAAK.I R.YFQTPLLSPEYQDDIGAWGK.G K.IVTPNGVQTFEVLVGGAR.Q R.YRDDAIELIEHLQK.R K.RPDLHAYVGVQGDIFR.K K.EVAALAEALPYQGEFTIAK.A K.TWIGIATLGLK.D K.TAEVDADHIDATAALR.Q K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.HGLPWQVK.E R.IDPVVYEGKEIVPLQFLK.A K.VLVIGAGGVSVAVHK.M K.GKTIWGIATLGLK.D R.HWENGDMVETPPMSVK.Q K.NMYLMYHEEIESLK.T K.MAMNSDIFPDTLASR.R K.FKCDIAGSVK.A K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.AVLPEPAGSLGGTK.G R.IDPVVYEGK.E R.FKDAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.VTFPTDALTSLVGGVNDLQFAEISE. K.VAALLPQTPLLLEVDGR.T R.LTDTPEQAAAGVGVSGNHAQGVAAAK.R R.LHLVIEPQGAALAAVLAKG.V K.AESLQVQAFK.I K.AEAPAPAEITTTITFPVDTVPAEEVDATAPHR.F R.GTYDGTSEHQIFTR.G R.RASGDETLK.Y R.GGEDLTLR.R K.WFVGEVHYATTAGPGQYK.L R.QFDVSVIVTYDR.V K.ELIAEIVAMR.A R.SYAPGFITTSLSPLVAGVLSVR.H R.DAQQAAAAVLLK.Q R.DAGLPVMDSTTHIVPLMVGDPVR.A K.KISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.ISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.AFGVMGGYIAADR.N R.GGGITRDEAAHR.V R.ELTSALVEIWRLELQKQ.A K.EGALLFTSGYISNEATLGLK.L K.VIEAMEAALHDVAGSGGTR.N R.VTIECTLQK.A R.FTPGPAHDEAMMR.E R.ALLPTAVIYAADYAGLPGYR.K R.SDERPPPLAVLAPYIGSIETV. R.GVALIDGAEIAR.R R.LRGETVDPVIAR.A K.SVIGVLSGTEATR.Q R.IAHLTDGQAWPAIAPVGIIVTR.S R.QIGSGNIGATNLR.T R.KGLAAATLLLDGAK.G K.GLAAATLLLDGAK.G K.GAAAVLLAR.H R.HIFSDEDIYSPLLR.D R.FGSGEALDAPDLVLR.G R.QALVDLLGPTVTVDELVR.Q R.DGATLQTADEVEIAGPIDRR.M R.YGPVTDGTTNATLPK.T K.AGHFTVDIVETKPLTR.N R.LIATDPRREGAISHVQELLR.S K.FRFGFALYDEGRDDAEDEDAR.L R.TSVLSDGTGK.T K.DIPAEDFDLYALR.L R.YVGYDFTAEEELDDVSGGR.A R.LSITSEADAR.A R.ELDTLIDAYR.A R.AQVQAVLER.F K.TTDPATLMEEAIALIDAR.A R.YDGGYVDPKPR.Q R.FGPIYQLGEGSEAK.R
YP_616236	Sala_1187	4-(cytidine 5'-diphospho)-2-C-methyl-D-erythritol kinase	13.43%	3	R.YGADRVPPLAVR.L R.IAGVPVLLVNR.Q R.QDLVGDAGQAFLAER.L R.LVVDLNRREEAPGVLPASDGHAVPGNALDAAAR.E R.AGGIMAILGELDR.A R.TITLAVADSVLAER.R R.RWDSLDR.I R.RHYEEDDSVLR.N R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.HYEEGDDSVLR.N R.FSGTSGLSIGHVPEAAEGTIGLVENGLINIDIPSR.T K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.GDAAWQPAKPR.P K.EVALDLVDMVAAADEK.Y K.DSDFGKPIAVNSFTQFVPGHVHLK.D K.ITPGMLMAALR.I K.GKEVALDLVDMVAAADEK.Y K.TAGVDESILK.F K.VFESQDAAVAGILTGQVEAGDVVIR.Y K.GGPGMQLYPTSYLKS R.SADHAFSK.D R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNK.W K.EFNTIADDGIAMGDMGLYSLPSR.D R.TNDPEVQK.F K.SDVHMEVDVHR.A R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNKWDIAR.T K.GLGAACALVTDGR.F K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.DGGLAVLSGNVAPDGCIVK.T R.KVSVLQAYAAITTSAAAR.G R.EIEAAGVAK.E R.VIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.FGDIAVEVPPFAFLQPTAAQQAALVDVAVR.A K.LQLLDQGVLELLEGVK.A R.RPLVPTLNR.F R.LRDDGIIPGNR.A R.FAVDQGDGLEILWQDRPTVR.F R.DRVIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.AIGDASTVADLFAVGTALSVLQAGR.K R.ADYQVDDLIQK.Q K.EADLPEIAALSHLIFNSPGQIAR.F R.VNPMHSEGEVAK.Y R.AGDPGFATR.F R.FAPLDQHYSMVK.T R.FDTRVPSAVVDAAK.I R.YFQTPLLSPEYQDDIGAWGK.G K.IVTPNGVQTFEVLVGGAR.Q R.YRDDAIELIEHLQK.R K.RPDLHAYVGVQGDIFR.K K.EVAALAEALPYQGEFTIAK.A K.TWIGIATLGLK.D K.TAEVDADHIDATAALR.Q K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.HGLPWQVK.E R.IDPVVYEGKEIVPLQFLK.A K.VLVIGAGGVSVAVHK.M K.GKTIWGIATLGLK.D R.HWENGDMVETPPMSVK.Q K.NMYLMYHEEIESLK.T K.MAMNSDIFPDTLASR.R K.FKCDIAGSVK.A K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.AVLPEPAGSLGGTK.G R.IDPVVYEGK.E R.FKDAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.VTFPTDALTSLVGGVNDLQFAEISE. K.VAALLPQTPLLLEVDGR.T R.LTDTPEQAAAGVGVSGNHAQGVAAAK.R R.LHLVIEPQGAALAAVLAKG.V K.AESLQVQAFK.I K.AEAPAPAEITTTITFPVDTVPAEEVDATAPHR.F R.GTYDGTSEHQIFTR.G R.RASGDETLK.Y R.GGEDLTLR.R K.WFVGEVHYATTAGPGQYK.L R.QFDVSVIVTYDR.V K.ELIAEIVAMR.A R.SYAPGFITTSLSPLVAGVLSVR.H R.DAQQAAAAVLLK.Q R.DAGLPVMDSTTHIVPLMVGDPVR.A K.KISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.ISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.AFGVMGGYIAADR.N R.GGGITRDEAAHR.V R.ELTSALVEIWRLELQKQ.A K.EGALLFTSGYISNEATLGLK.L K.VIEAMEAALHDVAGSGGTR.N R.VTIECTLQK.A R.FTPGPAHDEAMMR.E R.ALLPTAVIYAADYAGLPGYR.K R.SDERPPPLAVLAPYIGSIETV. R.GVALIDGAEIAR.R R.LRGETVDPVIAR.A K.SVIGVLSGTEATR.Q R.IAHLTDGQAWPAIAPVGIIVTR.S R.QIGSGNIGATNLR.T R.KGLAAATLLLDGAK.G K.GLAAATLLLDGAK.G K.GAAAVLLAR.H R.HIFSDEDIYSPLLR.D R.FGSGEALDAPDLVLR.G R.QALVDLLGPTVTVDELVR.Q R.DGATLQTADEVEIAGPIDRR.M R.YGPVTDGTTNATLPK.T K.AGHFTVDIVETKPLTR.N R.LIATDPRREGAISHVQELLR.S K.FRFGFALYDEGRDDAEDEDAR.L R.TSVLSDGTGK.T K.DIPAEDFDLYALR.L R.YVGYDFTAEEELDDVSGGR.A R.LSITSEADAR.A R.ELDTLIDAYR.A R.AQVQAVLER.F K.TTDPATLMEEAIALIDAR.A R.YDGGYVDPKPR.Q R.FGPIYQLGEGSEAK.R
YP_616237	Sala_1188	N-formylglutamate amidohydrolase	20.58%	2	R.YGADRVPPLAVR.L R.IAGVPVLLVNR.Q R.QDLVGDAGQAFLAER.L R.LVVDLNRREEAPGVLPASDGHAVPGNALDAAAR.E R.AGGIMAILGELDR.A R.TITLAVADSVLAER.R R.RWDSLDR.I R.RHYEEDDSVLR.N R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.HYEEGDDSVLR.N R.FSGTSGLSIGHVPEAAEGTIGLVENGLINIDIPSR.T K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.GDAAWQPAKPR.P K.EVALDLVDMVAAADEK.Y K.DSDFGKPIAVNSFTQFVPGHVHLK.D K.ITPGMLMAALR.I K.GKEVALDLVDMVAAADEK.Y K.TAGVDESILK.F K.VFESQDAAVAGILTGQVEAGDVVIR.Y K.GGPGMQLYPTSYLKS R.SADHAFSK.D R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNK.W K.EFNTIADDGIAMGDMGLYSLPSR.D R.TNDPEVQK.F K.SDVHMEVDVHR.A R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNKWDIAR.T K.GLGAACALVTDGR.F K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.DGGLAVLSGNVAPDGCIVK.T R.KVSVLQAYAAITTSAAAR.G R.EIEAAGVAK.E R.VIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.FGDIAVEVPPFAFLQPTAAQQAALVDVAVR.A K.LQLLDQGVLELLEGVK.A R.RPLVPTLNR.F R.LRDDGIIPGNR.A R.FAVDQGDGLEILWQDRPTVR.F R.DRVIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.AIGDASTVADLFAVGTALSVLQAGR.K R.ADYQVDDLIQK.Q K.EADLPEIAALSHLIFNSPGQIAR.F R.VNPMHSEGEVAK.Y R.AGDPGFATR.F R.FAPLDQHYSMVK.T R.FDTRVPSAVVDAAK.I R.YFQTPLLSPEYQDDIGAWGK.G K.IVTPNGVQTFEVLVGGAR.Q R.YRDDAIELIEHLQK.R K.RPDLHAYVGVQGDIFR.K K.EVAALAEALPYQGEFTIAK.A K.TWIGIATLGLK.D K.TAEVDADHIDATAALR.Q K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.HGLPWQVK.E R.IDPVVYEGKEIVPLQFLK.A K.VLVIGAGGVSVAVHK.M K.GKTIWGIATLGLK.D R.HWENGDMVETPPMSVK.Q K.NMYLMYHEEIESLK.T K.MAMNSDIFPDTLASR.R K.FKCDIAGSVK.A K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.AVLPEPAGSLGGTK.G R.IDPVVYEGK.E R.FKDAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.VTFPTDALTSLVGGVNDLQFAEISE. K.VAALLPQTPLLLEVDGR.T R.LTDTPEQAAAGVGVSGNHAQGVAAAK.R R.LHLVIEPQGAALAAVLAKG.V K.AESLQVQAFK.I K.AEAPAPAEITTTITFPVDTVPAEEVDATAPHR.F R.GTYDGTSEHQIFTR.G R.RASGDETLK.Y R.GGEDLTLR.R K.WFVGEVHYATTAGPGQYK.L R.QFDVSVIVTYDR.V K.ELIAEIVAMR.A R.SYAPGFITTSLSPLVAGVLSVR.H R.DAQQAAAAVLLK.Q R.DAGLPVMDSTTHIVPLMVGDPVR.A K.KISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.ISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.AFGVMGGYIAADR.N R.GGGITRDEAAHR.V R.ELTSALVEIWRLELQKQ.A K.EGALLFTSGYISNEATLGLK.L K.VIEAMEAALHDVAGSGGTR.N R.VTIECTLQK.A R.FTPGPAHDEAMMR.E R.ALLPTAVIYAADYAGLPGYR.K R.SDERPPPLAVLAPYIGSIETV. R.GVALIDGAEIAR.R R.LRGETVDPVIAR.A K.SVIGVLSGTEATR.Q R.IAHLTDGQAWPAIAPVGIIVTR.S R.QIGSGNIGATNLR.T R.KGLAAATLLLDGAK.G K.GLAAATLLLDGAK.G K.GAAAVLLAR.H R.HIFSDEDIYSPLLR.D R.FGSGEALDAPDLVLR.G R.QALVDLLGPTVTVDELVR.Q R.DGATLQTADEVEIAGPIDRR.M R.YGPVTDGTTNATLPK.T K.AGHFTVDIVETKPLTR.N R.LIATDPRREGAISHVQELLR.S K.FRFGFALYDEGRDDAEDEDAR.L R.TSVLSDGTGK.T K.DIPAEDFDLYALR.L R.YVGYDFTAEEELDDVSGGR.A R.LSITSEADAR.A R.ELDTLIDAYR.A R.AQVQAVLER.F K.TTDPATLMEEAIALIDAR.A R.YDGGYVDPKPR.Q R.FGPIYQLGEGSEAK.R
YP_616238	Sala_1189	dihydroxy-acid dehydratase	61.55%	29	R.YGADRVPPLAVR.L R.IAGVPVLLVNR.Q R.QDLVGDAGQAFLAER.L R.LVVDLNRREEAPGVLPASDGHAVPGNALDAAAR.E R.AGGIMAILGELDR.A R.TITLAVADSVLAER.R R.RWDSLDR.I R.RHYEEDDSVLR.N R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.HYEEGDDSVLR.N R.FSGTSGLSIGHVPEAAEGTIGLVENGLINIDIPSR.T K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.GDAAWQPAKPR.P K.EVALDLVDMVAAADEK.Y K.DSDFGKPIAVNSFTQFVPGHVHLK.D K.ITPGMLMAALR.I K.GKEVALDLVDMVAAADEK.Y K.TAGVDESILK.F K.VFESQDAAVAGILTGQVEAGDVVIR.Y K.GGPGMQLYPTSYLKS R.SADHAFSK.D R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNK.W K.EFNTIADDGIAMGDMGLYSLPSR.D R.TNDPEVQK.F K.SDVHMEVDVHR.A R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNKWDIAR.T K.GLGAACALVTDGR.F K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.DGGLAVLSGNVAPDGCIVK.T R.KVSVLQAYAAITTSAAAR.G R.EIEAAGVAK.E R.VIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.FGDIAVEVPPFAFLQPTAAQQAALVDVAVR.A K.LQLLDQGVLELLEGVK.A R.RPLVPTLNR.F R.LRDDGIIPGNR.A R.FAVDQGDGLEILWQDRPTVR.F R.DRVIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.AIGDASTVADLFAVGTALSVLQAGR.K R.ADYQVDDLIQK.Q K.EADLPEIAALSHLIFNSPGQIAR.F R.VNPMHSEGEVAK.Y R.AGDPGFATR.F R.FAPLDQHYSMVK.T R.FDTRVPSAVVDAAK.I R.YFQTPLLSPEYQDDIGAWGK.G K.IVTPNGVQTFEVLVGGAR.Q R.YRDDAIELIEHLQK.R K.RPDLHAYVGVQGDIFR.K K.EVAALAEALPYQGEFTIAK.A K.TWIGIATLGLK.D K.TAEVDADHIDATAALR.Q K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.HGLPWQVK.E R.IDPVVYEGKEIVPLQFLK.A K.VLVIGAGGVSVAVHK.M K.GKTIWGIATLGLK.D R.HWENGDMVETPPMSVK.Q K.NMYLMYHEEIESLK.T K.MAMNSDIFPDTLASR.R K.FKCDIAGSVK.A K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.AVLPEPAGSLGGTK.G R.IDPVVYEGK.E R.FKDAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.VTFPTDALTSLVGGVNDLQFAEISE. K.VAALLPQTPLLLEVDGR.T R.LTDTPEQAAAGVGVSGNHAQGVAAAK.R R.LHLVIEPQGAALAAVLAKG.V K.AESLQVQAFK.I K.AEAPAPAEITTTITFPVDTVPAEEVDATAPHR.F R.GTYDGTSEHQIFTR.G R.RASGDETLK.Y R.GGEDLTLR.R K.WFVGEVHYATTAGPGQYK.L R.QFDVSVIVTYDR.V K.ELIAEIVAMR.A R.SYAPGFITTSLSPLVAGVLSVR.H R.DAQQAAAAVLLK.Q R.DAGLPVMDSTTHIVPLMVGDPVR.A K.KISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.ISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.AFGVMGGYIAADR.N R.GGGITRDEAAHR.V R.ELTSALVEIWRLELQKQ.A K.EGALLFTSGYISNEATLGLK.L K.VIEAMEAALHDVAGSGGTR.N R.VTIECTLQK.A R.FTPGPAHDEAMMR.E R.ALLPTAVIYAADYAGLPGYR.K R.SDERPPPLAVLAPYIGSIETV. R.GVALIDGAEIAR.R R.LRGETVDPVIAR.A K.SVIGVLSGTEATR.Q R.IAHLTDGQAWPAIAPVGIIVTR.S R.QIGSGNIGATNLR.T R.KGLAAATLLLDGAK.G K.GLAAATLLLDGAK.G K.GAAAVLLAR.H R.HIFSDEDIYSPLLR.D R.FGSGEALDAPDLVLR.G R.QALVDLLGPTVTVDELVR.Q R.DGATLQTADEVEIAGPIDRR.M R.YGPVTDGTTNATLPK.T K.AGHFTVDIVETKPLTR.N R.LIATDPRREGAISHVQELLR.S K.FRFGFALYDEGRDDAEDEDAR.L R.TSVLSDGTGK.T K.DIPAEDFDLYALR.L R.YVGYDFTAEEELDDVSGGR.A R.LSITSEADAR.A R.ELDTLIDAYR.A R.AQVQAVLER.F K.TTDPATLMEEAIALIDAR.A R.YDGGYVDPKPR.Q R.FGPIYQLGEGSEAK.R
YP_616241	Sala_1192	(Uracil-5)-methyltransferase	36.09%	8	R.YGADRVPPLAVR.L R.IAGVPVLLVNR.Q R.QDLVGDAGQAFLAER.L R.LVVDLNRREEAPGVLPASDGHAVPGNALDAAAR.E R.AGGIMAILGELDR.A R.TITLAVADSVLAER.R R.RWDSLDR.I R.RHYEEDDSVLR.N R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.HYEEGDDSVLR.N R.FSGTSGLSIGHVPEAAEGTIGLVENGLINIDIPSR.T K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.GDAAWQPAKPR.P K.EVALDLVDMVAAADEK.Y K.DSDFGKPIAVNSFTQFVPGHVHLK.D K.ITPGMLMAALR.I K.GKEVALDLVDMVAAADEK.Y K.TAGVDESILK.F K.VFESQDAAVAGILTGQVEAGDVVIR.Y K.GGPGMQLYPTSYLKS R.SADHAFSK.D R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNK.W K.EFNTIADDGIAMGDMGLYSLPSR.D R.TNDPEVQK.F K.SDVHMEVDVHR.A R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNKWDIAR.T K.GLGAACALVTDGR.F K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.DGGLAVLSGNVAPDGCIVK.T R.KVSVLQAYAAITTSAAAR.G R.EIEAAGVAK.E R.VIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.FGDIAVEVPPFAFLQPTAAQQAALVDVAVR.A K.LQLLDQGVLELLEGVK.A R.RPLVPTLNR.F R.LRDDGIIPGNR.A R.FAVDQGDGLEILWQDRPTVR.F R.DRVIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.AIGDASTVADLFAVGTALSVLQAGR.K R.ADYQVDDLIQK.Q K.EADLPEIAALSHLIFNSPGQIAR.F R.VNPMHSEGEVAK.Y R.AGDPGFATR.F R.FAPLDQHYSMVK.T R.FDTRVPSAVVDAAK.I R.YFQTPLLSPEYQDDIGAWGK.G K.IVTPNGVQTFEVLVGGAR.Q R.YRDDAIELIEHLQK.R K.RPDLHAYVGVQGDIFR.K K.EVAALAEALPYQGEFTIAK.A K.TWIGIATLGLK.D K.TAEVDADHIDATAALR.Q K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.HGLPWQVK.E R.IDPVVYEGKEIVPLQFLK.A K.VLVIGAGGVSVAVHK.M K.GKTIWGIATLGLK.D R.HWENGDMVETPPMSVK.Q K.NMYLMYHEEIESLK.T K.MAMNSDIFPDTLASR.R K.FKCDIAGSVK.A K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.AVLPEPAGSLGGTK.G R.IDPVVYEGK.E R.FKDAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.VTFPTDALTSLVGGVNDLQFAEISE. K.VAALLPQTPLLLEVDGR.T R.LTDTPEQAAAGVGVSGNHAQGVAAAK.R R.LHLVIEPQGAALAAVLAKG.V K.AESLQVQAFK.I K.AEAPAPAEITTTITFPVDTVPAEEVDATAPHR.F R.GTYDGTSEHQIFTR.G R.RASGDETLK.Y R.GGEDLTLR.R K.WFVGEVHYATTAGPGQYK.L R.QFDVSVIVTYDR.V K.ELIAEIVAMR.A R.SYAPGFITTSLSPLVAGVLSVR.H R.DAQQAAAAVLLK.Q R.DAGLPVMDSTTHIVPLMVGDPVR.A K.KISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.ISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.AFGVMGGYIAADR.N R.GGGITRDEAAHR.V R.ELTSALVEIWRLELQKQ.A K.EGALLFTSGYISNEATLGLK.L K.VIEAMEAALHDVAGSGGTR.N R.VTIECTLQK.A R.FTPGPAHDEAMMR.E R.ALLPTAVIYAADYAGLPGYR.K R.SDERPPPLAVLAPYIGSIETV. R.GVALIDGAEIAR.R R.LRGETVDPVIAR.A K.SVIGVLSGTEATR.Q R.IAHLTDGQAWPAIAPVGIIVTR.S R.QIGSGNIGATNLR.T R.KGLAAATLLLDGAK.G K.GLAAATLLLDGAK.G K.GAAAVLLAR.H R.HIFSDEDIYSPLLR.D R.FGSGEALDAPDLVLR.G R.QALVDLLGPTVTVDELVR.Q R.DGATLQTADEVEIAGPIDRR.M R.YGPVTDGTTNATLPK.T K.AGHFTVDIVETKPLTR.N R.LIATDPRREGAISHVQELLR.S K.FRFGFALYDEGRDDAEDEDAR.L R.TSVLSDGTGK.T K.DIPAEDFDLYALR.L R.YVGYDFTAEEELDDVSGGR.A R.LSITSEADAR.A R.ELDTLIDAYR.A R.AQVQAVLER.F K.TTDPATLMEEAIALIDAR.A R.YDGGYVDPKPR.Q R.FGPIYQLGEGSEAK.R
YP_616247	Sala_1198	Orn/DAP/Arg decarboxylase 2	22.56%	6	R.YGADRVPPLAVR.L R.IAGVPVLLVNR.Q R.QDLVGDAGQAFLAER.L R.LVVDLNRREEAPGVLPASDGHAVPGNALDAAAR.E R.AGGIMAILGELDR.A R.TITLAVADSVLAER.R R.RWDSLDR.I R.RHYEEDDSVLR.N R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.HYEEGDDSVLR.N R.FSGTSGLSIGHVPEAAEGTIGLVENGLINIDIPSR.T K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.GDAAWQPAKPR.P K.EVALDLVDMVAAADEK.Y K.DSDFGKPIAVNSFTQFVPGHVHLK.D K.ITPGMLMAALR.I K.GKEVALDLVDMVAAADEK.Y K.TAGVDESILK.F K.VFESQDAAVAGILTGQVEAGDVVIR.Y K.GGPGMQLYPTSYLKS R.SADHAFSK.D R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNK.W K.EFNTIADDGIAMGDMGLYSLPSR.D R.TNDPEVQK.F K.SDVHMEVDVHR.A R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNKWDIAR.T K.GLGAACALVTDGR.F K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.DGGLAVLSGNVAPDGCIVK.T R.KVSVLQAYAAITTSAAAR.G R.EIEAAGVAK.E R.VIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.FGDIAVEVPPFAFLQPTAAQQAALVDVAVR.A K.LQLLDQGVLELLEGVK.A R.RPLVPTLNR.F R.LRDDGIIPGNR.A R.FAVDQGDGLEILWQDRPTVR.F R.DRVIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.AIGDASTVADLFAVGTALSVLQAGR.K R.ADYQVDDLIQK.Q K.EADLPEIAALSHLIFNSPGQIAR.F R.VNPMHSEGEVAK.Y R.AGDPGFATR.F R.FAPLDQHYSMVK.T R.FDTRVPSAVVDAAK.I R.YFQTPLLSPEYQDDIGAWGK.G K.IVTPNGVQTFEVLVGGAR.Q R.YRDDAIELIEHLQK.R K.RPDLHAYVGVQGDIFR.K K.EVAALAEALPYQGEFTIAK.A K.TWIGIATLGLK.D K.TAEVDADHIDATAALR.Q K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.HGLPWQVK.E R.IDPVVYEGKEIVPLQFLK.A K.VLVIGAGGVSVAVHK.M K.GKTIWGIATLGLK.D R.HWENGDMVETPPMSVK.Q K.NMYLMYHEEIESLK.T K.MAMNSDIFPDTLASR.R K.FKCDIAGSVK.A K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.AVLPEPAGSLGGTK.G R.IDPVVYEGK.E R.FKDAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.VTFPTDALTSLVGGVNDLQFAEISE. K.VAALLPQTPLLLEVDGR.T R.LTDTPEQAAAGVGVSGNHAQGVAAAK.R R.LHLVIEPQGAALAAVLAKG.V K.AESLQVQAFK.I K.AEAPAPAEITTTITFPVDTVPAEEVDATAPHR.F R.GTYDGTSEHQIFTR.G R.RASGDETLK.Y R.GGEDLTLR.R K.WFVGEVHYATTAGPGQYK.L R.QFDVSVIVTYDR.V K.ELIAEIVAMR.A R.SYAPGFITTSLSPLVAGVLSVR.H R.DAQQAAAAVLLK.Q R.DAGLPVMDSTTHIVPLMVGDPVR.A K.KISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.ISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.AFGVMGGYIAADR.N R.GGGITRDEAAHR.V R.ELTSALVEIWRLELQKQ.A K.EGALLFTSGYISNEATLGLK.L K.VIEAMEAALHDVAGSGGTR.N R.VTIECTLQK.A R.FTPGPAHDEAMMR.E R.ALLPTAVIYAADYAGLPGYR.K R.SDERPPPLAVLAPYIGSIETV. R.GVALIDGAEIAR.R R.LRGETVDPVIAR.A K.SVIGVLSGTEATR.Q R.IAHLTDGQAWPAIAPVGIIVTR.S R.QIGSGNIGATNLR.T R.KGLAAATLLLDGAK.G K.GLAAATLLLDGAK.G K.GAAAVLLAR.H R.HIFSDEDIYSPLLR.D R.FGSGEALDAPDLVLR.G R.QALVDLLGPTVTVDELVR.Q R.DGATLQTADEVEIAGPIDRR.M R.YGPVTDGTTNATLPK.T K.AGHFTVDIVETKPLTR.N R.LIATDPRREGAISHVQELLR.S K.FRFGFALYDEGRDDAEDEDAR.L R.TSVLSDGTGK.T K.DIPAEDFDLYALR.L R.YVGYDFTAEEELDDVSGGR.A R.LSITSEADAR.A R.ELDTLIDAYR.A R.AQVQAVLER.F K.TTDPATLMEEAIALIDAR.A R.YDGGYVDPKPR.Q R.FGPIYQLGEGSEAK.R
YP_616249	Sala_1200	alpha/beta hydrolase fold	25.55%	5	R.YGADRVPPLAVR.L R.IAGVPVLLVNR.Q R.QDLVGDAGQAFLAER.L R.LVVDLNRREEAPGVLPASDGHAVPGNALDAAAR.E R.AGGIMAILGELDR.A R.TITLAVADSVLAER.R R.RWDSLDR.I R.RHYEEDDSVLR.N R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.HYEEGDDSVLR.N R.FSGTSGLSIGHVPEAAEGTIGLVENGLINIDIPSR.T K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.GDAAWQPAKPR.P K.EVALDLVDMVAAADEK.Y K.DSDFGKPIAVNSFTQFVPGHVHLK.D K.ITPGMLMAALR.I K.GKEVALDLVDMVAAADEK.Y K.TAGVDESILK.F K.VFESQDAAVAGILTGQVEAGDVVIR.Y K.GGPGMQLYPTSYLKS R.SADHAFSK.D R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNK.W K.EFNTIADDGIAMGDMGLYSLPSR.D R.TNDPEVQK.F K.SDVHMEVDVHR.A R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.AGLLHAHLPTVHSATLGDALNKWDIAR.T K.GLGAACALVTDGR.F K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.DGGLAVLSGNVAPDGCIVK.T R.KVSVLQAYAAITTSAAAR.G R.EIEAAGVAK.E R.VIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.FGDIAVEVPPFAFLQPTAAQQAALVDVAVR.A K.LQLLDQGVLELLEGVK.A R.RPLVPTLNR.F R.LRDDGIIPGNR.A R.FAVDQGDGLEILWQDRPTVR.F R.DRVIGLLEGQVDFPGEILPALLSAPHSR.R R.AIGDASTVADLFAVGTALSVLQAGR.K R.ADYQVDDLIQK.Q K.EADLPEIAALSHLIFNSPGQIAR.F R.VNPMHSEGEVAK.Y R.AGDPGFATR.F R.FAPLDQHYSMVK.T R.FDTRVPSAVVDAAK.I R.YFQTPLLSPEYQDDIGAWGK.G K.IVTPNGVQTFEVLVGGAR.Q R.YRDDAIELIEHLQK.R K.RPDLHAYVGVQGDIFR.K K.EVAALAEALPYQGEFTIAK.A K.TWIGIATLGLK.D K.TAEVDADHIDATAALR.Q K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.HGLPWQVK.E R.IDPVVYEGKEIVPLQFLK.A K.VLVIGAGGVSVAVHK.M K.GKTIWGIATLGLK.D R.HWENGDMVETPPMSVK.Q K.NMYLMYHEEIESLK.T K.MAMNSDIFPDTLASR.R K.FKCDIAGSVK.A K.DAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.AVLPEPAGSLGGTK.G R.IDPVVYEGK.E R.FKDAGLMALLGSFDPGVTSVFTTWLR.K K.VTFPTDALTSLVGGVNDLQFAEISE. K.VAALLPQTPLLLEVDGR.T R.LTDTPEQAAAGVGVSGNHAQGVAAAK.R R.LHLVIEPQGAALAAVLAKG.V K.AESLQVQAFK.I K.AEAPAPAEITTTITFPVDTVPAEEVDATAPHR.F R.GTYDGTSEHQIFTR.G R.RASGDETLK.Y R.GGEDLTLR.R K.WFVGEVHYATTAGPGQYK.L R.QFDVSVIVTYDR.V K.ELIAEIVAMR.A R.SYAPGFITTSLSPLVAGVLSVR.H R.DAQQAAAAVLLK.Q R.DAGLPVMDSTTHIVPLMVGDPVR.A K.KISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.ISDILLAEYGVYQPINPFTVPR.G K.AFGVMGGYIAADR.N R.GGGITRDEAAHR.V R.ELTSALVEIWRLELQKQ.A K.EGALLFTSGYISNEATLGLK.L K.VIEAMEAALHDVAGSGGTR.N R.VTIECTLQK.A R.FTPGPAHDEAMMR.E R.ALLPTAVIYAADYAGLPGYR.K R.SDERPPPLAVLAPYIGSIETV. R.GVALIDGAEIAR.R R.LRGETVDPVIAR.A K.SVIGVLSGTEATR.Q R.IAHLTDGQAWPAIAPVGIIVTR.S R.QIGSGNIGATNLR.T R.KGLAAATLLLDGAK.G K.GLAAATLLLDGAK.G K.GAAAVLLAR.H R.HIFSDEDIYSPLLR.D R.FGSGEALDAPDLVLR.G R.QALVDLLGPTVTVDELVR.Q R.DGATLQTADEVEIAGPIDRR.M R.YGPVTDGTTNATLPK.T K.AGHFTVDIVETKPLTR.N R.LIATDPRREGAISHVQELLR.S K.FRFGFALYDEGRDDAEDEDAR.L R.TSVLSDGTGK.T K.DIPAEDFDLYALR.L R.YVGYDFTAEEELDDVSGGR.A R.LSITSEADAR.A R.ELDTLIDAYR.A R.AQVQAVLER.F K.TTDPATLMEEAIALIDAR.A R.YDGGYVDPKPR.Q R.FGPIYQLGEGSEAK.R
YP_616251	Sala_1202	Pyridoxal-5'-phosphate-dependent enzyme, beta subunit	31.83%	5	R.YGADRVPPLAVR.L R.IAGVPVLLVNR.Q R.QDLVGDAGQAFLAER.L R.LVVDLNRREEAPGVLPASDGHAVPGNALDAAAR.E R.AGGIMAILGELDR.A R.TITLAVADSVLAER.R R.RWDSLDR.I R.RHYEEDDSVLR.N R.INIPVVFVSGPMEAGK.V R.HYEEGDDSVLR.N R.FSGTSGLSIGHVPEAAEGTIGLVENGLINIDIPSR.T K.FFMAAPGGVPTQTAFSQAR.R K.GDAAWQPAKPR.P 

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.LLTAFLEL.F R.IAQALYEDGAIYMR.T R.NPPPTTSTLQQEAA.R.K K.FAQSGGNGEADNGPETLGTDPESGLEVTK.R.S R.AKAERLNTFGPHPTSGGEMK.L K.TGVEVERHETQPPR.Y R.FGPYQLGEGSEAKR.S R.YGPYLLHDGK.Y R.ALDVYLVGFTLSPVLR.K K.VLASYGVR.D K.LGGTAEIFDGMNAAVR.I R.VTFNAIK.Q R.PSTYASILQVLK.D R.LYELIWK.R R.IAEAAANGGR.G K.VGGGDHAR.L K.LGFSASHMR.I R.TDGVQMDGSAISAAR.K R.EVGVHPESGKPIMAGLGR.Y K.FAQSGGNGEADNGPETLGTDPESGLEVTK.R R.SSIPKDIPEADFLLDYLALR.L R.KFAQSGGNGEADNGPETLGTDPESGLEVTK.R R.HETQPPR.Y R.ALASQMASAR.L .MQLVIVESPAK.A K.MEELGIGRPSYASILQVLK.D K.DRDYR.V R.QLHEELPYQSTVETELFR.M K.VKENWDEDR.S K.STLVNVLVQK.V K.LLTLATLNAK.L R.RPPEYIVSR.E R.VLGLVLASELYTR.F R.FTLAGWGAIDGQQAAPK.H K.AALQEWALR.G K.AAAAALLAELGQEK. R.LDLPALIR.F K.YLPSFVPLIPGR.I R.DGIWVWLNGLPLR.E R.VIGLPGDSVELRGVWLNGLPLR.E R.VIGLPGDSVELR.D R.SFFLSPNIPSEMQPR.L R.LLIGDYLK.M K.THLDAIAIILANLAEAQDFGGR.R R.VFANAVLLGVNPFQDGVGELG.E R.SLGAIAFYEHR.V K.LTDVAADPRAR.L R.AVPGDRPSTTLLDQVSPR.S K.TFTTTTLLNANSALQWLDEAGVADPVGR.F R.HSDRYDVAVVSNVDGAALDEAFK.F K.TLFSGGIANPTENR.A K.FSPEHTLVAVASK.T K.GLAEGTDFDPATQALMK.A R.AAEHSAERGDGAPESVHAAQALHQR.M R.HLLHIGIGGSALGPDLVVALGR.H R.LLPAYLQLEMESNGK.S R.GDGAPESVHAAQALHQR.M R.FIALTANPGR.A R.AMEWEGIDETR.I R.NVADIRFPAK.T R.MMIDAIEAGAFGEIR.H K.THLDAIAIILANLAEAQDFGGR.K R.VFANAVLLGVNPFQDGVGELGEMAK.G R.KTLFSGGIANPTENR.A R.LADGADNCLLAFAFDQVYANR.L R.EPHLLDADHETLVANCIQAQALMAGR.A K.GLAEGTDFDPATQALMK.A R.YDVAVVSNVDGAALDEAFK.F R.LLPAYLQLEMESNGK.S R.LLPSETVGR.Y R.AMEWEGIDETR.I K.GLGLDEVGVDLPTGAIK.V R.VDEHNQSSVSIYGVDTNR.I R.LADGQELTAER.I R.DNVLAEVDRLEGLYQTLDNHK.V R.ATVVPQTVR.L R.RVVIAGGGYIANEFAGIFNEFGSK.V K.ADFDITVALHPSMAEELV.LK. R.VIAGGGYIANEFAGIFNEFGSK.V K.MIVNATDQVVLHMGDPAPPELLQAAIAVK.A R.FDWDLR.D K.GLGLDEVGVDLPTGAIK.V R.IQITPVAIR.E K.LLVYGAHFAEDLKDAR.K R.LLIATGGWPHVDFPGEHAITSNEVFLHLETLPR.R R.EGQAFADSVFGHPVTVDYANVPSAVSFHPPIGAVGMTEAEAR.N K.KLLVYGAHFAEDLKDAR.K K.IEKNDGTLTYLGGCEPIVADAVLVATGR.V R.VAVAEHR.V R.LLQISWTK.G K.KLLVYGAHFAEDLKDAR.K R.LLQIAETPDGLR.Y R.LLQIAETPDGLR.Y R.LPWEVDRWFHDAGNYVDSIDR.A R.FLVIDPSQPAESR.R R.AGGRQLQIDEALTGIAEGSR.L R.AAALAEQLR.G K.SSVADLAFENDIEALLAAR.D R.IQEGVASLGGYADVFQK.N R.AAAALGGGQK.R K.VMDKAMLVGAPVIGLNDSSGAR.I K.TVINEVVTQELGGATHTTK.S K.LLFAYAEAVPK.I R.NLLDEAFFR.G R.FAASVVLPAVSGSLR.S R.SLLQNAESSVEFMPVSHVAFLIK.N R.TLASPANETCYR.F K.NWGESHASIGSSFDPNKPPIAWLHYDDPR.K K.IHEPFDLREQGVK.V R.LNHGIATPSIADSVIFVR.D R.IGAHGTLIFLHPK.D K.DMGGVLTETMPK.G K.VVDPLGGSYYEALTQELVDK.A R.VDRGEDVIVGVNK.Y R.QYAGSTAESNAFR.R R.LKDEDLLETLEVDNTK.V R.AAAAQSIETNLLAHAVEAAR.A R.IISDFGYTSR.E R.ATLGEISSAMEESFQR.Y K.VIAGGVIPQDYQLR.D K.GVAAAPYAGDRWQVLDGVK.A R.YGVASGLDIDKFAGR.L R.YGVASGLDIDK.F R.TTIEAMAAMLGGSHTNALDEAIALPTDFSR.I R.NTQIVIQEETGMTK.V K.LLDTGIQNDILK.E K.AMIEEAAAR.Q K.AGVAIDTVEDMK.I R.VMNLGAKDER.S R.YATQPTPVK.G R.NTYIYPPESMR.I K.FNSISISGYHMQEAGATQVQELAFIADGAEYVR.Y R.RAAAQSIETNLLAHAVEAAR.A R.NLAAGQK.G R.GYDSHPR.V K.LLDTGIQNDILK.FEVMR.N R.THCQTSVSLTEQDPYNNVIR.T
YP_616261	Sala_1212	GTP-binding protein Era	16.50%	4	
YP_616262	Sala_1213	Ribonuclease III	33.19%	6	
YP_616263	Sala_1214	Peptidase S26A, signal peptidase I	22.53%	6	
YP_616264	Sala_1215	Glucose-6-phosphate isomerase	72.65%	28	
YP_616265	Sala_1216	glutathione reductase	70.31%	20	
YP_616266	Sala_1217	transcriptional regulator, XRE family	15.96%	6	
-	Sala_1218	propionyl-CoA carboxylase, beta subunit	20.61%	6	
YP_616267	Sala_1219	hypothetical protein	52.38%	5	
YP_616268	Sala_1220	Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	41.10%	4	
YP_616269	Sala_1221	methylmalonyl-CoA mutase	57.48%	30	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.GDFIADAATLEDIQASLYAEAR.E K.DAGVQNAVPLFIPILSFFEK.E K.ALDAFGEVPR.V K.LLEPLVIRVTSSETVIGAA MSR.W R.DVTDLAHAFSGEDR.F K.VNQWAVVR.W R.DVAGGNVAVIR.R R.VLLDTGANK.A K.GAPIIVEGPR.D R.LIAPHQIVVPHLR.D R.FVGWAEVQWARTGGALDR.I R.LKALDAFGEVPR.V R.FPGAATYSIEAMMQDGK.A R.DRLYQESGK.L R.YQDRDGGHSLCHTTSWGTR.M R.PTGALDR.I R.TSEFLWQEGHTAHADRDAMAETLR.A R.SFAEDVLAMPVIAGEKPEPER.F R.NTPLDAAPADSACIFFTGEPAVER.V R.DLPLKVNQWAVVR.W K.KGAPIIVEGPR.D K.EMAVVTHHR.L K.EADHYDGFAGE R.IGEAISALER.R K.VGEIVAAAR.I K.HEIPHIFGDEVIDEAER.A R.LVDANPVSGALR.F R.ITGVQPFFFATVDLGLGCDGLVPVSTLGSER.F R.AQTAYDAGAPDAGWDVLSALR.H K.VGTVIIVJAGEGEDAGEAK.A K.QFTAVINPPQAMIMAGAGEK.R K.RPYVDDALAIATVMSATGSFDHR.A R.RLAAEQIDILK.K R.AIDGADGALLMK.T K.ISTEMAELAGR.A K.ATPAAAPAPVPAKVAPAEAGAAATVSAPPVAVLASAGTTNVGDR.I K.TFKELVESPLGLVA. K.DVAPAEAGAAATVSAPPVAVLASAGTTNVGDR.I K.LSVNDMLIK.A K.LRGEINASLESR.G R.ADISVAVSIPGGLTIITDAGAK.S R.GELNASLESR.G K.RADISVAVSIPGGLTIITDAGAK.S K.ELVESPLGLVA. R.LAAEQIDILK.K R.LAAEQIDILK.L K.LQPHFYQGGTASISNMGMMGK.Q K.KLTGTGPGGR.I K.ATPAAAPAPVPAK.D K.WLVKEGDEVK.S K.ALAVALER.V R.VPQCNSVFGGDVVR.F R.RLAAEQIDILK.L R.LSQSMQDAPHYLVDIR.L R.AIDGADGALLMK.T K.RPYVDDALAIATVMSATGSFDHR.A R.VPQCNSVFGGDVVR.F K.LTGTGPGGR.I K.LSVNDMLIK.A K.ISTEMAELAGR.A R.LVPVEDADISAFLEK.Q R.TNVGVWAIQDVTAPPWLAHK.A R.SAEIHYMHAGAYGLK.A K.TQSAEFSHAIVAIQVNTENIGLEALGVK.T K.AIALGESEFGTK.T R.TGELLGAMHIGAEVTELIQGYTIGK.T R.HALVPEMPK.K K.VGTFPFINGK.A K.NIVATGAR.A K.AKELGYEVK.V K.AAEISADIDAVKR.S K.GEKTETLSAK.N K.TAELVEDDFIGTVFPHPTLSETMHEGVLAAFGR.P K.KQGMTIHTGAGVEELK.T K.QGMTIHTGAGVEELK.T R.ELGICLNWGCIPK.A K.QGMTIHTGAGVEELKTTANGVIAK.I K.IIVHMGESK.L K.AMHESIIVAEIAGNHPHAMDVR.N R.GVASQLNK.G R.ARDLPFAPADGK.R K.TTANGVIAK.I R.TGELLGAMHIGAEVTELIQGYTIGK.T R.SRQVAVSGLNK.G R.NIPGCTYCRPQIASVGLTEAK.A R.GHIDTDAMCR.T R.GHIDTDAMCR.T K.TAELVEDDFIGTVFPHPTLSETMHEGVLAAFGRPLHI. K.HKTIIVHMGESK.L K.AAEISADIDAVKR.R R.NTEPGQLQVPENELR.A R.AAIAAGIDTIEHASLVVDEGR.M R.NVSGDRNDIGLK.Q R.GLEFTDSFWMGTAVK.N K.TVEHPAIVGADGR.I K.QAIDSGYATGPR.I R.VWVEVGTPTQAIQATK.N R.KQPWFAMDIYNTYQAEQSK.N R.AIADEAHQWGLR.V R.VAAHAHGAAGIR.A K.NANDMLNAGFTTNR.N K.DGKEEGIDSPDEL.R.Y R.YADIVAVDGDPLANVR.E K.DREIAQQR.D R.YADIVAVDGDPLANVRELESVDVAVK.G R.MVFASDAGVMPHGEVQK.Q R.EKDVGAIVGR.Y K.DVGAIAVGR.Y R.ALMSVNPAYLDALATVR.R R.SAHHEATDEDLAVLDR.L R.LLGVHEDLMHDYLLTNTAGR.I R.TGFAVAVHR.L R.VLPLSGVHFR.D R.IAQGAHHR.S R.ALLIASPFSLR.G R.VYVIEELLAAGAPVGAHWIADR.Q R.YGSEEQCOR.Y R.LDVGDLVPAADFEIAAAK.L R.AVGVTISIAHQVHGAIQFTR.E R.AVEAAAALAAAR.L R.LLGLGPDVLDNFR.L R.AAFTVGDGDVLAALGYDAGR.I R.YSVTSNDTPR.A K.FISIGSIEPQFYALLR.Q R.ETFDIGGAIQAPAPR.Y K.TGLDADPDFDAQHDPSK.W R.GVTFPGEVYFFAR.I K.AVTLRAEAFSR.A R.TGIVVMTEDRDDSLFYR.F R.LQALAFHDESIR.D R.IAPGSLVFR.W R.EALDALVLSQR.R R.NNLDATVDDIIVSTSSQNGK.Q R.ATALEAAAGVK.V K.IDSATAAVTGGASGLGR.A R.NTYFNQAVR.L R.ESLEASVPPFK.R
YP_616279	Sala_1231	Ribonuclease R	13.19%	6	
YP_616283	Sala_1235	Dihydropoamide acetyltransferase, long form	65.37%	31	
YP_616285	Sala_1237	Dihydropoamide dehydrogenase	78.28%	30	
YP_616286	Sala_1238	amidohydrolase	55.63%	18	
YP_616287	Sala_1239	protein tyrosine/serine phosphatase	32.95%	6	
YP_616288	Sala_1240	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	6.72%	3	
YP_616289	Sala_1241	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	29.82%	3	
YP_616290	Sala_1242	L-carnitine dehydratase/bile acid-inducible protein F	25.53%	6	
YP_616291	Sala_1243	protein of unknown function DUF839	14.38%	5	
YP_616292	Sala_1244	Acetyl-CoA C-acetyltransferase	7.95%	2	
YP_616293	Sala_1245	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	24.23%	6	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616295	Sala_1247	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	13.46%	2	K.TLAYDKESGR.Y .MKIDSATAAVVTGGASGLGR.A R.WLPLGASGDTIGAVAFAGGDPPLPAVPLVLQDAGVR.G R.LSATEAYDTAAR.D R.AGQPVWVAVNVPATFDR.A R.IWSSEADAIIESIGAYLR.N R.VAEDGGDGGVAR.I R.TAYLLTGNVYR.A R.VVALDRNLGSPSPNTPIPAFAPYK.A R.WPDDVQATLLEPDGGR.T K.GSWGAFGYPQLFPLSVYLR.V R.SLFEPELLATMVMVER.G R.AAGLQPVSGRWPDDVQATLLEPDGGR.T R.AILDYNCNRYALSVGLLADEIDR. K.GASEPAPPVASSK.A R.IGFASADAAQALATAR.S R.SARPPVPAASQGVSDVPVIVGDSYK.V R.LATPASTLAILR.T K.VGDDVTPADVIDYDDVYASWYDEAAGK.A R.VNDRGPMANQLIALSPAAMQLGLER.G K.TLPLPSYEVETALDTR.G K.VSADLITLADR.L R.KWNSSTGSGTFLSPGK.L R.AYQGGGGITDADILALHR.F R.SEALLFAAR.A R.FITLEGGEVGGK.S R.VIIVDAVDLLESDGANALLK.T R.PMLDMPEVRAIVAAAGGVGPK.A R.LHHAUWLAGPQGMK.G R.AAVALDRDDAAAR.L R.VVLMTLFQAVR.T R.TANADLANFSGNLAQR.S R.LAASGFTVGGVPIFFPR.L R.DFAALADADWFR.L R.LSPGTPVEVWYVESWFFR.L R.TSDPAHHAASQAIWK.A R.DEAFYDESELTDDGEGIR.L R.ATIDLANEMSGYFR.E R.LVTGTDEHGLK.M K.NLGGELSDYTPAQDDIDLFLVNLAK.D R.FHTVWPAFLMSANLPLR.Q R.LDLPPEEGEGE R.FVEGKDLDSVR.T R.EVSGQDGSYSAEAVR.T K.SLGNVDPMLAER.F R.TLAIARPVVPTAADNLLDQMIGAPDAR.D R.AVFACNQYDAQAPWALR.K R.YEGWYSRDEAFYDESELTDDGEGIR.L R.QVFGHGLNLR.G R.ATIDLANEMSGYFR.E R.AFEQLAFVSGIEEWR.L K.LNISYDMFMR.T K.AEAQDEVELAR.A R.LLVETDAPFLAPVPHR.G R.VIGIGETGLDYYDKSDR.T R.HIHAAQATGLPVIHMR.D R.VIGIGETGLDYYDK.S R.DAEADTLALLGEEMAR.A K.NATDLQATK.W R.EAGLDDLVDPAGPLVR.Q R.QIDPEAAYALLR.G R.IGFLPLVDAALPILAHEMFGAGR.E R.AAALGTGAPLPGASSK.L K.LEGGLDEPIGAGSVQGR.L R.WDSNPFSEADAATASAVFRPDIYR.A R.LAVPFLGLNGNAVTVSTR.L R.GVGQIALATAQIWR.R R.LLYGHTDAAHMIAPLAIATLGR.D R.LTGLSDLFFDGR.A R.ALHAAAQVMPDATVESADILARPEYLDAPR.D R.AFPDQDQSYLAGLE R.CLQDVPVQFQALR.V R.AADGAQAGALAGVALSLPALLR.A R.VGDFWPDIDGPR.E R.AGGSLAGLSLGAQEAHWK.A R.APVWPVIALVGTNAGK.S R.AATLLGVQIEAIVPDIAR.G R.RSLEDAR.R R.RSDVAIISAATGEGVEAR.T R.DIVHPDTDAQYEDVR.A K.AILSDTVGVSDLPTELVAAR.A K.ALQDVFNLAVR.R K.HAISTVQPNPILNDTNGDDEAAEDS. K.TPVFMFLVK.G K.HAISTVMPSHDFDLSLGGNLR.D R.DGQSQLVYK.H K.NQNLQDIFNLARK.S K.NQNLQDIFNLARK.K K.HAISTVMPSHDFDLSLGGNLR.D K.AGPAELTGNSAINNV.R.A R.VLTDQSFTR.V R.GGADILPSSSITTIPLK.E R.TASDSDSALEAIR.Q R.LDGLGLVEAIK.A R.GAFDFIEKPEASR.L R.RVPPPEISAEAMALQAHDPWGNVR.E R.RPSLALIDVWLQCSR.L R.VLITGAPGVK.E R.LNVVPHIPLSR.E R.IDADMLPAELVR.G R.DLTVEIAEGR.F R.ASVALADYNQLFDR.S R.ALVAANEQLGAR.R R.LDAGEDVVVR.R R.LLSQAITNIVK.N K.NSDATAVGSIR.A R.VTPPERDDEISVLTR.A R.SLNEAJIEIGRDGVAR.T R.IAHEIKNLTPLQAAER.L R.DTNVPGQSSAR.A K.AVAQGDGFVLSFEDITQLLDQR.R R.VLQSNESYTVGGSQLR.A R.ATGIGSYDYLKPFDLDELTAASVR.A R.RVEAASDAPPPADSHGLVGR.A R.RSDJALVR.H R.LAQLIEDPLHP R.DNDESGVADPAALIAR.A K.GVLDALAEFYPHLTR.A R.TALAQSGADGVMIGR.G R.LLALDGDADAIPVLPVPTLVEAADGAAGAVVAR.D R.SLQSVATVEGDR.L R.QQSVANALSALTDWPDVAVLVHDAARPGVDSAVDR.L R.GAASHHFLSFAGER.V R.AHAESGAATDDAQLVR.S R.LIARDLAAASVLAQNR.A R.DDLAASVLAQNR.A R.HAATLFALELLQPEK.D K.KPVGUVVFR.A R.ALKRGQDDYFTQR.I R.GQDPPDYFTQR.I R.IQFESTDR.G K.DALRPSDVALPAP R.ADELVAGSATSSEGR.S R.DLPSAEQMFALVTDIAR.Y R.YPEFLPWIARL.I R.MFEALAGQMFDAK.A R.IRSDSEHESVADMIVGFK.G
YP_616301	Sala_1254	Lytic murein transglycosylase	47.74%	10	
YP_616302	Sala_1255	rare lipoprotein A	45.00%	7	
YP_616303	Sala_1256	Serine-type D-Ala-D-Ala carboxypeptidase	10.99%	2	
YP_616304	Sala_1257	Thymidylate kinase	19.81%	3	
YP_616305	Sala_1258	DNA-directed DNA polymerase	21.78%	4	
YP_616306	Sala_1259	methionyl-tRNA synthetase	62.24%	23	
YP_616307	Sala_1260	TatD-related deoxyribonuclease	34.50%	7	
YP_616309	Sala_1262	response regulator receiver and ANTAG domain protein	15.54%	2	
YP_616310	Sala_1263	nitrate transporter component, nrtA	51.61%	11	
YP_616317	Sala_1270	MazG family protein	19.84%	3	
YP_616318	Sala_1271	GTP-binding protein, HSR1-related	22.92%	6	
YP_616319	Sala_1272	Host factor Hfq	46.43%	8	
YP_616320	Sala_1273	two component, sigma54 specific, transcriptional regulator, Fis family	36.44%	12	
YP_616321	Sala_1274	multi-sensor signal transduction histidine kinase	18.63%	10	
YP_616322	Sala_1275	two component, sigma54 specific, transcriptional regulator, Fis family	20.97%	6	
YP_616324	Sala_1277	Dihydrouridine synthase TIM-barrel protein nifR3	9.34%	2	
YP_616325	Sala_1278	2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidylyltransferase	30.10%	5	
YP_616326	Sala_1279	CinA-like protein	41.62%	8	
YP_616327	Sala_1280	cyclase/dehydrase	47.80%	5	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616328	Sala_1281	lipoic acid synthetase	40.51%	9	K.VIDFVTPQAFDAYAQIAR.A R.ETPQTIIETLTPDFR.N K.MGLSHVITSVDRDLDPDGGASQFVK.V K.GFLQVASSPTR.S R.VKAPTSRGAETR.K K.APTSPGYAETR.K R.SADIDFMTMGYQLQTPK.H K.SGIMLGLGEER.M
YP_616329	Sala_1282	Carbonate dehydratase	66.20%	11	R.SSYHAGDDFHEHR.A R.VFSGQIFDTSRGEIWR.N R.DRWNELAEGQSPK.V R.NVAALVPPFETTPGR.H R.GAFFAISDGLHLVDDASGEFRPAT. R.GGFIADWIALDDASDEVR.A R.WNELAEGQSPK.V R.HVSAALFAVQFLK.V R.NGGWQEQR.D R.AGHSOLDSDR.D K.VMVIACSDSR.V K.SMEGAEPGR.G
YP_616331	Sala_1284	ABC transporter related	61.04%	34	K.LITGQEQPDSGSISIGDTVR.L K.SFDQLVEAQENR.A R.LGEGATPHATTYK.K K.IDAVDGTLDNQLIAMEALR.C R.LLLEKPSILLDEPTNHLDAESVAWLEK.H K.AQIVIQVPER.L K.AIKDELEWIR.Q R.YFYEGNYSTYLEK.K K.TYFGAQKFTLNLSLQYYPDAK.I R.AYVGFANFK.G K.SFDQLVEAQENRAGK.A K.HLVDYPGNVILVTHDR.Y R.LGYVDQSR.D K.VGQLSGGER.N K.LLFEDLSFTLPPGGIVGVIGPNGAGK.S K.IGIVGPNGTGK.S K.RLEQEAR.E K.IMGGIDKDFTEAWPGDITVGYLAQEPQLDPTK.T K.AYGDKLLFEDLSFTLPPGGIVGVIGPNGAGK.S K.VIEVNNISK.A K.KVYQLSGGER.N R.FNEISALMADPPADAFDALMEEMGLQEK.I R.DALDPKNVWEEISGGHDMMSIGK.H K.PSILLDEPTNHLDAESVAWLEK.H R.YFLDNVNWILELDR.G R.LATHILAFEGNSHVEWEGNFEAYEEDKIR.R R.LGEGATPHATTYK.L R.LATHILAFEGNSHVEWEGNFEAYEEDK.I R.CPPGDWVSVENLSSGGEK.R K.IDAVDGTLDNQLIAMEALR.C K.DFTGEAWPGDITVGYLAQEPQLDPTK.T R.YFYEGNYSTYLEK.K R.IKSFQQLVEAQENRAGK.A R.IKSFQQLVEAQENR.A R.TAADLDQFYR.W R.NSYTGNLPLVALQR.A R.AAVRPTLVWVPIADER.A R.GAVIGLSIAHAAFGGEPEGADAAAAGAFR.Q R.FATATDLLDPGSPFEGEPAAVLSLGSFLR.L R.FAPLVAFYANDVPAVSAAMLR.D R.DLQSFQSFHTAHTSAPNVTSVK.T K.AFEDVYVGLPEVR.E R.SQAEADLKAFEDYVGGLEPEVR.E R.VRALEEAGVIR.S R.SYHADLDAK.L R.ALEEAQVIR.S R.LGVAQALAGQDAAAASFAK.I R.STADVLVIGGQPAK.A R.AAADAABAADANK.A K.GDTHFGNILETQTPR.A R.LAQLWAVR.A K.AAPNDIAIQFR.L K.AAGSTEPALAILMDSYLNAGQIDQGWAIK.A R.NTLYLLQQSGGDKELNLDILR.L R.VEDYPSPATWR.N R.TNEMLDVLTMR.V R.AKTGAAPPATAS. K.DTALQQGLDGMIDSLTPPENLATNYFSGNFAYGAK.N K.TGAAPPATAS. K.DAAALQAAMAEQASATSPDDQYLLSFLYQLGILNK.D K.KMTDATAK.D R.TNEMLDVLTMRVEDYPSPATWR.N R.TNEMLDVLTMR.V R.AAGTKPSIEDLYRPAQAFQK.A R.AAADAABAADANKAATLNNPK.A K.AIPLYEALK.A R.NTLYLLQQSGGDK.E K.AATLNNPK.A R.RAMADTLAALSQSEIWR.Q R.LAESSDKLSNAVIANHDQLAR.S R.LAALGEEAAR.T R.ATADSAANQAR.L R.AVAANSAADR.L R.LNASFAEAEASLAK.L R.EAGLVAHQQGANLEAR.L K.ILRDGAEPFSCGGAR.H R.VSEAEQAIAASDRDLTAK.Q R.SNEEQMTQQAANQALADR.L R.MIATLAEVTRATADSAANQAR.L R.IAAHVAEVKQ.Q R.EAGDAIGAQLSEHADASDALAGR.I R.DGAEPFSCGGAR.M R.AMADTLAALSQSEIWR.Q K.LYVALAQIDRL.L R.VVVTTFASNAAR.L R.FALETGVPDVLQENGDLVR.L R.EAAEQATGPARDEEK.L K.NFVDSAISYR.G R.EAAEQATGPAR.D R.MVPLASHILEMSAVVIDTPYGR.V R.LILDGDVILPADGETMSER.R R.LATLGEVAR.A R.EGLEQAVGAAG.G K.LEAGDTVVFSSK.Q R.SVGLTDIPPTVDFDEAMR.L R.LVVPVHGEIR.H R.LAPGAAQIVR.V R.DKVMVATGGQGEPR.A R.GVPEDEREAFIDEMR.E R.FTAGLIAHK.L K.VMVATGGQGEPR.A K.LAEGLLEGEVEIK.V R.RIATDWTGK.K K.KPVVDVMLVEI. K.DLLGILLTHGHEDHGAIPYLAADLGVPLYANR.F
YP_616333	Sala_1286	glycosyl transferase, group 1	12.06%	3	R.LATHILAFEGNSHVEWEGNFEAYEEDKIR.R R.LGEGATPHATTYK.L R.LATHILAFEGNSHVEWEGNFEAYEEDK.I R.CPPGDWVSVENLSSGGEK.R K.IDAVDGTLDNQLIAMEALR.C K.DFTGEAWPGDITVGYLAQEPQLDPTK.T R.YFYEGNYSTYLEK.K R.IKSFQQLVEAQENRAGK.A R.IKSFQQLVEAQENR.A R.TAADLDQFYR.W R.NSYTGNLPLVALQR.A R.AAVRPTLVWVPIADER.A
YP_616334	Sala_1287	histidine kinase A-like protein	14.81%	3	R.GAVIGLSIAHAAFGGEPEGADAAAAGAFR.Q R.FATATDLLDPGSPFEGEPAAVLSLGSFLR.L R.FAPLVAFYANDVPAVSAAMLR.D R.DLQSFQSFHTAHTSAPNVTSVK.T K.AFEDVYVGLPEVR.E R.SQAEADLKAFEDYVGGLEPEVR.E R.VRALEEAGVIR.S R.SYHADLDAK.L R.ALEEAQVIR.S
YP_616335	Sala_1288	transcriptional regulator, AsnC family	41.40%	6	R.LGVAQALAGQDAAAASFAK.I R.STADVLVIGGQPAK.A R.AAADAABAADANK.A K.GDTHFGNILETQTPR.A R.LAQLWAVR.A K.AAPNDIAIQFR.L K.AAGSTEPALAILMDSYLNAGQIDQGWAIK.A R.NTLYLLQQSGGDKELNLDILR.L R.VEDYPSPATWR.N R.TNEMLDVLTMR.V R.AKTGAAPPATAS. K.DTALQQGLDGMIDSLTPPENLATNYFSGNFAYGAK.N K.TGAAPPATAS. K.DAAALQAAMAEQASATSPDDQYLLSFLYQLGILNK.D K.KMTDATAK.D R.TNEMLDVLTMRVEDYPSPATWR.N R.TNEMLDVLTMR.V R.AAGTKPSIEDLYRPAQAFQK.A R.AAADAABAADANKAATLNNPK.A K.AIPLYEALK.A R.NTLYLLQQSGGDK.E
YP_616336	Sala_1289	Tetratricopeptide TPR_2	68.54%	22	R.RAMADTLAALSQSEIWR.Q R.LAESSDKLSNAVIANHDQLAR.S R.LAALGEEAAR.T R.ATADSAANQAR.L R.AVAANSAADR.L R.LNASFAEAEASLAK.L R.EAGLVAHQQGANLEAR.L K.ILRDGAEPFSCGGAR.H R.VSEAEQAIAASDRDLTAK.Q R.SNEEQMTQQAANQALADR.L R.MIATLAEVTRATADSAANQAR.L R.IAAHVAEVKQ.Q R.EAGDAIGAQLSEHADASDALAGR.I R.DGAEPFSCGGAR.M R.AMADTLAALSQSEIWR.Q K.LYVALAQIDRL.L R.VVVTTFASNAAR.L R.FALETGVPDVLQENGDLVR.L R.EAAEQATGPARDEEK.L K.NFVDSAISYR.G R.EAAEQATGPAR.D R.MVPLASHILEMSAVVIDTPYGR.V R.LILDGDVILPADGETMSER.R R.LATLGEVAR.A R.EGLEQAVGAAG.G K.LEAGDTVVFSSK.Q R.SVGLTDIPPTVDFDEAMR.L R.LVVPVHGEIR.H R.LAPGAAQIVR.V R.DKVMVATGGQGEPR.A R.GVPEDEREAFIDEMR.E R.FTAGLIAHK.L K.VMVATGGQGEPR.A K.LAEGLLEGEVEIK.V R.RIATDWTGK.K K.KPVVDVMLVEI. K.DLLGILLTHGHEDHGAIPYLAADLGVPLYANR.F
YP_616338	Sala_1291	hypothetical protein	26.68%	16	R.RAMADTLAALSQSEIWR.Q R.LAESSDKLSNAVIANHDQLAR.S R.LAALGEEAAR.T R.ATADSAANQAR.L R.AVAANSAADR.L R.LNASFAEAEASLAK.L R.EAGLVAHQQGANLEAR.L K.ILRDGAEPFSCGGAR.H R.VSEAEQAIAASDRDLTAK.Q R.SNEEQMTQQAANQALADR.L R.MIATLAEVTRATADSAANQAR.L R.IAAHVAEVKQ.Q R.EAGDAIGAQLSEHADASDALAGR.I R.DGAEPFSCGGAR.M R.AMADTLAALSQSEIWR.Q K.LYVALAQIDRL.L R.VVVTTFASNAAR.L R.FALETGVPDVLQENGDLVR.L R.EAAEQATGPARDEEK.L K.NFVDSAISYR.G R.EAAEQATGPAR.D R.MVPLASHILEMSAVVIDTPYGR.V R.LILDGDVILPADGETMSER.R R.LATLGEVAR.A R.EGLEQAVGAAG.G K.LEAGDTVVFSSK.Q R.SVGLTDIPPTVDFDEAMR.L R.LVVPVHGEIR.H R.LAPGAAQIVR.V R.DKVMVATGGQGEPR.A R.GVPEDEREAFIDEMR.E R.FTAGLIAHK.L K.VMVATGGQGEPR.A K.LAEGLLEGEVEIK.V R.RIATDWTGK.K K.KPVVDVMLVEI. K.DLLGILLTHGHEDHGAIPYLAADLGVPLYANR.F
YP_616340	Sala_1293	beta-lactamase-like protein	50.92%	21	R.RAMADTLAALSQSEIWR.Q R.LAESSDKLSNAVIANHDQLAR.S R.LAALGEEAAR.T R.ATADSAANQAR.L R.AVAANSAADR.L R.LNASFAEAEASLAK.L R.EAGLVAHQQGANLEAR.L K.ILRDGAEPFSCGGAR.H R.VSEAEQAIAASDRDLTAK.Q R.SNEEQMTQQAANQALADR.L R.MIATLAEVTRATADSAANQAR.L R.IAAHVAEVKQ.Q R.EAGDAIGAQLSEHADASDALAGR.I R.DGAEPFSCGGAR.M R.AMADTLAALSQSEIWR.Q K.LYVALAQIDRL.L R.VVVTTFASNAAR.L R.FALETGVPDVLQENGDLVR.L R.EAAEQATGPARDEEK.L K.NFVDSAISYR.G R.EAAEQATGPAR.D R.MVPLASHILEMSAVVIDTPYGR.V R.LILDGDVILPADGETMSER.R R.LATLGEVAR.A R.EGLEQAVGAAG.G K.LEAGDTVVFSSK.Q R.SVGLTDIPPTVDFDEAMR.L R.LVVPVHGEIR.H R.LAPGAAQIVR.V R.DKVMVATGGQGEPR.A R.GVPEDEREAFIDEMR.E R.FTAGLIAHK.L K.VMVATGGQGEPR.A K.LAEGLLEGEVEIK.V R.RIATDWTGK.K K.KPVVDVMLVEI. K.DLLGILLTHGHEDHGAIPYLAADLGVPLYANR.F
YP_616341	Sala_1294	putative transcriptional acitvator, Baf family	47.89%	8	R.RAMADTLAALSQSEIWR.Q R.LAESSDKLSNAVIANHDQLAR.S R.LAALGEEAAR.T R.ATADSAANQAR.L R.AVAANSAADR.L R.LNASFAEAEASLAK.L R.EAGLVAHQQGANLEAR.L K.ILRDGAEPFSCGGAR.H R.VSEAEQAIAASDRDLTAK.Q R.SNEEQMTQQAANQALADR.L R.MIATLAEVTRATADSAANQAR.L R.IAAHVAEVKQ.Q R.EAGDAIGAQLSEHADASDALAGR.I R.DGAEPFSCGGAR.M R.AMADTLAALSQSEIWR.Q K.LYVALAQIDRL.L R.VVVTTFASNAAR.L R.FALETGVPDVLQENGDLVR.L R.EAAEQATGPARDEEK.L K.NFVDSAISYR.G R.EAAEQATGPAR.D R.MVPLASHILEMSAVVIDTPYGR.V R.LILDGDVILPADGETMSER.R R.LATLGEVAR.A R.EGLEQAVGAAG.G K.LEAGDTVVFSSK.Q R.SVGLTDIPPTVDFDEAMR.L R.LVVPVHGEIR.H R.LAPGAAQIVR.V R.DKVMVATGGQGEPR.A R.GVPEDEREAFIDEMR.E R.FTAGLIAHK.L K.VMVATGGQGEPR.A K.LAEGLLEGEVEIK.V R.RIATDWTGK.K K.KPVVDVMLVEI. K.DLLGILLTHGHEDHGAIPYLAADLGVPLYANR.F
YP_616342	Sala_1295	Biotin--acetyl-CoA-carboxylase ligase	45.86%	9	R.RAMADTLAALSQSEIWR.Q R.LAESSDKLSNAVIANHDQLAR.S R.LAALGEEAAR.T R.ATADSAANQAR.L R.AVAANSAADR.L R.LNASFAEAEASLAK.L R.EAGLVAHQQGANLEAR.L K.ILRDGAEPFSCGGAR.H R.VSEAEQAIAASDRDLTAK.Q R.SNEEQMTQQAANQALADR.L R.MIATLAEVTRATADSAANQAR.L R.IAAHVAEVKQ.Q R.EAGDAIGAQLSEHADASDALAGR.I R.DGAEPFSCGGAR.M R.AMADTLAALSQSEIWR.Q K.LYVALAQIDRL.L R.VVVTTFASNAAR.L R.FALETGVPDVLQENGDLVR.L R.EAAEQATGPARDEEK.L K.NFVDSAISYR.G R.EAAEQATGPAR.D R.MVPLASHILEMSAVVIDTPYGR.V R.LILDGDVILPADGETMSER.R R.LATLGEVAR.A R.EGLEQAVGAAG.G K.LEAGDTVVFSSK.Q R.SVGLTDIPPTVDFDEAMR.L R.LVVPVHGEIR.H R.LAPGAAQIVR.V R.DKVMVATGGQGEPR.A R.GVPEDEREAFIDEMR.E R.FTAGLIAHK.L K.VMVATGGQGEPR.A K.LAEGLLEGEVEIK.V R.RIATDWTGK.K K.KPVVDVMLVEI. K.DLLGILLTHGHEDHGAIPYLAADLGVPLYANR.F



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616343	Sala_1296	Proton-translocating NADH-quinone oxidoreductase, chain N	10.29%	2	R.AWLFFAHPVGTPLR.V R.TVAALAPDSGAQLK.W R.TVAALAPDSGAQLKWPNDLLVDGAK.C R.EGGETMLIHAGDVELR.R R.DHFAGALGIAMIDALR.T R.DEGGNQVESIPALGSLQR.R K.ISAVPFHMWTPDVVEGAPTPVTFASAPK.V R.GDVTTVVAR.L R.VVFGELTKDDVK.A R.FPGDGAALVAGGTR.L K.RGDEGTRID.F R.LLQQLYLNK.W R.AQNISSQVR.R R.LVDPGTGGQVEL. K.SNIQQIGELLYTK.Y R.AJANLADAPYR. K.SFTLWEFVK.A K.ATINYPFEKNPLSPR.F K.LLANGDKWER.A R.RYPNGEER.C K.LCEAVCPAQAITIEAEP.R.D R.FEELLYDK.A R.TTRYDIDMTK.C K.NPLSPR.F R.GPNVVGPFGLLQSFADGLK.V K.VFLQETIIPSGANR.G R.ALVWALGSELLEGR.Q R.FAEVAGVEDIGAIYR.G K.VFAGPETDLYK.T R.KDQQLVEATWAEFAEIK.A K.DGWNFGNAVHVSAA.R.M K.TEWLGDASLVAKPK.H K.GAERPMLVFGGALSVPVHGAGLALAK.A K.RDQQLVEATWAEFAEIK.A R.AANJAVPALGGELADYGIWTPK.L R.VNDDVNEEWASDKTR.H R.WEAPLINTR.V R.VNDDVNEEWASDK.T K.AVFAPGDAREWISIFR.A R.MGSLMLGYLPGGR.D K.TLGDIMHDAVGTWYR.I K.PYAFEARPWELTK.T K.GAERPMLVFGGALSVPVHGAGLALAK.A K.DFTTVNTEGR.V R.DVIAAKPK.L R.ALADALGVNVGDFSDFECDR.A K.VYVGHHDGNGAHADVILPAAAWTEKDFTTVNTGR.V K.LAFFLGADEVDFAAFAETK.V K.HVLDALK.G K.DGPDVFSAVLPIDYSTGGVEQPDVAVQPHVSLR.R R.ELILSMVASNAEASALDK.I R.SGVYDVFYR.K R.LSVAASQPTIAAK.D K.DGPDVFSAVLPIDYSTGGVEQPDVAVQPHVSLR.R.I R.GVIGEVLYR.L R.LSVAASQPTIAAK.D R.AGISKEDR.A R.EAETLFAAQEAYDAGLLGK.N R.TGDADI/SEIDTLFDVTK.Q R.IFTNLYGQPWNK.A R.GAPWFASFGR.E K.STDVVQAISR.I K.SGYDFDFVHR.G R.GQDAIIEEIK.A R.HFRPELER.R K.AVGSGLGTAATVMDK.S R.LRTGDADISEIDTLFDVTK.Q K.RGQDAIIEEIK.A K.LIEGALIAGYAMR.A R.WGAFAWTAENAEK.A R.RHISEPEGPTTLK.E R.RHISEPEGPTTLK.E R.ILDELAAGKQPK.T R.AYEVATYTYMYNAPVGR.Y R.SAVMPLLDLAQR.Q R.QVGAETQGWLPVPIEYVAAQLDMPFIR.A R.ILDELAAGK.Q K.EMVEANHDYRK.E R.QVGAETQGWLPVPIEYVAAQLDMPFIR.A K.LLLEVPAR.A K.LFGDAMSLVIDNR.I R.VEEVYQSAK.I K.LLVDIGEWVETR.L K.LYIEGFHVPAGEVYVATESPK.G K.GEFVYLVSDGTNKPYPYR.C R.GSGIAWDLR.K.S K.TYLQALPYFDR.L R.NVDIATVSKEDALAWGFGPMIR.G K.SQPYDAYAAMFDFIPVGR.G R.CSIAWDLR.K K.EDALAWGFGPMIR.G R.NFDLSPWEGADYVLPDEK.A R.VSTDEATPVPVWVWVAGWLER.E K.TTEKPADTGAGNK.T R.ILTDYGFQGHQPK.R K.DFFPLTYIELR.Y R.DNLDYQLHEIAGDYDPRPER.F R.FEVVHLLSVTK.N R.EVFDMYGVLFAGPDLR.R K.AGGTGEAPK.G R.VRVSTDEATPVPVWVWVAGWLER.E R.KDFPLTYIELR.Y R.ILTDYGFQGHQPK.R.D K.AGGTGEAPKGAPTMTAK.E K.GFLVSTEDLFWAR.T R.VYDQMSNPK.Y R.RVYDQMSNPK.Y R.VYDQMSNPK.Y R.IVVDIYVPGCPPTAEALLYGMVQLQR.K R.RTGTRIER. K.AIVESQGWPAITVAK.E K.AIVESQGWPAITVAKGDDPYESSR.N R.DFGEIEHLQVSQK.G R.IFGAIAPEVAGIR.R K.LGGVNGVDYTAALYQVPTDESUYWAER.G R.FGAASLDLAWVAAGR.Y R.PGWFLMEEAGEIEGEPKPR.F R.SEYIAGSAAVHSK.L R.EAGGFVDFDR.G R.TLYDELHAR.P R.FIDPLDGTSNFHAIPHFAISIAVQEPK.L R.RDFGEIEHLQVSQK.G R.IFGAIAPEVAGIR.R.F K.ITGVEIRPGNIEFEGGIWK.V K.GQTASSSYKPAILDNGVR.V K.DFYLYAEGDDLVMKDYEQITIGK.D R.IVNVYDREYR.R K.GGAYMQVEAK.N K.IQHTQPK.G K.DTYEQITIGK.D R.IVNVYDR.E K.GGAYMQVEAK.N R.SADTVEKVR.L R.LEEALAGPFAAFQFR.V K.TLADAGADFAVAVSGVWNYR.D R.VKGLDQHDAAAR.L K.TLADAGADFAVAVSGVWNYRDGPAAVR.A
YP_616344	Sala_1297	proton-translocating NADH-quinone oxidoreductase, chain M	4.06%	2	
YP_616345	Sala_1298	proton-translocating NADH-quinone oxidoreductase, chain L	4.85%	3	
YP_616347	Sala_1300	NADH-ubiquinone/plastoquinone oxidoreductase, chain 6	16.75%	3	
YP_616348	Sala_1301	NADH-quinone oxidoreductase, chain I	55.56%	9	
YP_616349	Sala_1302	respiratory-chain NADH dehydrogenase, subunit 1	9.51%	2	
YP_616350	Sala_1303	NADH-quinone oxidoreductase, chain G	47.31%	23	
YP_616351	Sala_1304	hypothetical protein	39.32%	8	
YP_616352	Sala_1305	NADH-quinone oxidoreductase, F subunit	30.70%	12	
YP_616353	Sala_1306	NADH-quinone oxidoreductase, E subunit	49.55%	10	
YP_616355	Sala_1308	NADH dehydrogenase I, D subunit	34.45%	12	
YP_616356	Sala_1309	NADH (or F420H2) dehydrogenase, subunit C	56.57%	13	
YP_616357	Sala_1310	NADH-quinone oxidoreductase, B subunit	33.33%	6	
YP_616359	Sala_1312	hypothetical protein	16.25%	2	
YP_616360	Sala_1313	Inositol-1(or 4)-monophosphatase	55.88%	11	
YP_616361	Sala_1314	translation elongation factor P	55.61%	10	
YP_616362	Sala_1315	thiamine-phosphate pyrophosphorylase	38.43%	8	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616364	Sala_1317	Fructose-bisphosphate aldolase	73.65%	16	R.AFAEILGNQ.PAG. R.LKADGVHLGQGDGDPK.E K.ADGVHLGQGDGDPK.E K.GLQHDAAAR.L K.VIGAILFER.T R.SVNLAHVPVGIK.A R.IATHGLVPPIEPEVNIK.S R.VVALSGGFTR.G K.ELLAALDGTGAPVMLK.L K.AIVDQFAEAAR.I K.SQGFIAALDQSGGSTPK.A K.NPGIIASFSA.A K.LSLPAEAGLFQPLVDHPR.V K.VDKGLEDEADGVQLMK.A R.TMDGQAGGKVPVPSLWLR.G K.GLEDEADGVQLMK.A K.GYIGEDAFSNDDEMFALIHDMR.S K.ELLAALDGTGAPVMLK.L R.HQMSDDEFNASLGTALDEIHAASVA. .MTTANAEMLDQIK.S
YP_616365	Sala_1318	Phosphoglycerate kinase	64.57%	16	K.AGVAVLAPGDVAVENTR.F R.TLVWNGPLGAFETPPDTATVALAR.T K.NPTQSLVNLVGGVEVLGHSVMFIPAVGEGAK.A R.FYPGEEQNDPAFADALEIGDLYVNFSAHR.A K.TLDDIGDVTGKR.V R.TVNVHVAADEMILDVGAIEALADV.LK.N K.ALDAALGNPVQVAAVGGAK.V R.VDLNVPMDGAVSDATR.I K.VDHLIGGMANTFLAAR.G R.RLPAYAGR.A K.TLDDIGDVTGK.R R.TAAALTR.E R.NLVGKVDHLIIGGMANTFLAAR.G R.IQAAMPTTR.E R.AHGSTEGIAR.R K.GAIVLLAHFGR.P R.VVSWYDNEWGFSNR.M R.VPTPNVSLVDLFTFPK.R K.VLNDTLGIER.G R.DTSVAEVNQILK.D K.RDTSVAEVNQILK.D R.DSVHGPPPEVSADGDQMVGGK.A R.AVGEVLPELKG R.GLMTTVHAYTNDQK.I K.GADLVVYGVNHDK.L R.AAGMSIIPITTTGAAR.A R.HVDTAGVIAK.L K.ILDQIHSDMR.R K.ANALLFK.R K.LDGSAIRVPTPNVSLVDLFTFPK.R R.DTSVAEVNQILK.DASEGALK.G K.RVLISAPAK.G R.VPTPNVSLVDLFTFPK.R K.GKLDGSAIR.V R.AVGEVLPELKG.L R.VLISAPAK.G K.ANALLFK.R K.RDSVHGPPPEVSADGDQMVGGK.A K.HLAAGAK.R R.HVDTAGVIAK.L R.GLMTTVHAYTNDQK.I R.DSVHGPPPEVSADGDQMVGGK.A R.AILERPDCGLELVAINDLADAK.A R.AAGMSIIPITTTGAAR.A K.ILDQIHSDMR.R K.ERDPANLPHGELGIDIALECTGFTDR.E K.DASEGALK.G K.VAINGFGR.I K.RDTSVAEVNQILK.DASEGALK.G K.LTAEHVWVSNASCTTNCLAPVAK.V K.HLAAGAK.V K.GADLVVYGVNHDK.LTAEHVWVSNASCTTNCLAPVAK.V R.FGIDFSFGASAPIEDF.H R.HFLGADAITPOLAR.L K.QGTSATHGAPLGADEIAAAR.R R.HLNALYGDGLVDHR.T R.ELGWTAEPFVPIADIAAASWAFGEK.G K.AYLDGLAAEPK.V R.TIIFGAPNK.Q R.HDVTENR.C R.KASENTLSALTVDIAALVGGSDLTGSNNTK.T K.ASENTLSALTVDIAALVGGSDLTGSNNTK.T R.VYVMTHTDSIGLGEDGPHQPIEHLQSLR.A R.RELGSWTAEFPVPIADIAAASWAFGEK.G K.KNDFEAR.L R.YIYYGR.E R.LTVLWDDNK.I R.ALAMDVAQAANSHPMPGMADVATVLYSDYLK.F R.AIDAALADPR.P K.TSSKPLTR.N R.YAATGWHVESCDSGHPADIRR.A R.PSLLALTR.Q R.PADAVETAECWALALAQEGRPSLLALTR.Q R.AIDAALADPRSLIACR.T K.AYLDGLAAEPK.VATR.K R.YAATGWHVESCDSGHPADIRR.R R.QNLPRLR.H K.LHNEWNSR.L K.KLHNEWNSR.L K.ITIDGSDLSTSEDVAAR.Y R.EAVPAPAAANPAHNR.A R.QLLFALMLADEVQEAR.G K.IDVVEPQSDSLR.A R.INVALGTVAGGQTR.T R.GIVSLAAA.K.T R.VISDPFNNTNPK.L R.LFVVDIIPALANNVAVGVTLR.A R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGKDTVFADTAGVTDGADR.D R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGK.D K.DTVFADTAGVTDGADR.D R.DNISSGTVGSWAADTLISGYIDELVDTAIR.L R.LGGTVTAGTCDNADGAVGYSAPNVSGTIATIAAGATR.T R.YDDEAGVTR.Y R.DAQKHWLQASETR.L R.LPDIGEIAEIEVAHVHK.V R.YSAGQGYHAPGASR.A K.LIETPVLFFAD. K.NVVQLASETR.L K.IPLPLAGGAGGAGGVPVAPVAVSETSPPTTPASGR.G R.VVDGWDAAASYQALKK.L R.ARADEPK.V R.TLLPLDIAIEASVK.K K.GLLIAIEDNDPVFLEPK.R R.VTGFDTYPHSLWAYFPVPR.I R.TSGFGAELALVQER.C K.HDASAVPEGYR.I R.EGAVTVLAYGTMVHK.T R.TLLPLDIAIEASVKK.T R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L
YP_616366	Sala_1319	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, type I	88.96%	36	R.DTSVAEVNQILK.D K.RDTSVAEVNQILK.D R.DSVHGPPPEVSADGDQMVGGK.A R.AVGEVLPELKG R.GLMTTVHAYTNDQK.I K.GADLVVYGVNHDK.L R.AAGMSIIPITTTGAAR.A R.HVDTAGVIAK.L K.ILDQIHSDMR.R K.ANALLFK.R K.LDGSAIRVPTPNVSLVDLFTFPK.R R.DTSVAEVNQILK.DASEGALK.G K.RVLISAPAK.G R.VPTPNVSLVDLFTFPK.R K.GKLDGSAIR.V R.AVGEVLPELKG.L R.VLISAPAK.G K.ANALLFK.R K.RDSVHGPPPEVSADGDQMVGGK.A K.HLAAGAK.R R.HVDTAGVIAK.L R.GLMTTVHAYTNDQK.I R.DSVHGPPPEVSADGDQMVGGK.A R.AILERPDCGLELVAINDLADAK.A R.AAGMSIIPITTTGAAR.A K.ILDQIHSDMR.R K.ERDPANLPHGELGIDIALECTGFTDR.E K.DASEGALK.G K.VAINGFGR.I K.RDTSVAEVNQILK.DASEGALK.G K.LTAEHVWVSNASCTTNCLAPVAK.V K.HLAAGAK.V K.GADLVVYGVNHDK.LTAEHVWVSNASCTTNCLAPVAK.V R.FGIDFSFGASAPIEDF.H R.HFLGADAITPOLAR.L K.QGTSATHGAPLGADEIAAAR.R R.HLNALYGDGLVDHR.T R.ELGWTAEPFVPIADIAAASWAFGEK.G K.AYLDGLAAEPK.V R.TIIFGAPNK.Q R.HDVTENR.C R.KASENTLSALTVDIAALVGGSDLTGSNNTK.T K.ASENTLSALTVDIAALVGGSDLTGSNNTK.T R.VYVMTHTDSIGLGEDGPHQPIEHLQSLR.A R.RELGSWTAEFPVPIADIAAASWAFGEK.G K.KNDFEAR.L R.YIYYGR.E R.LTVLWDDNK.I R.ALAMDVAQAANSHPMPGMADVATVLYSDYLK.F R.AIDAALADPR.P K.TSSKPLTR.N R.YAATGWHVESCDSGHPADIRR.A R.PSLLALTR.Q R.PADAVETAECWALALAQEGRPSLLALTR.Q R.AIDAALADPRSLIACR.T K.AYLDGLAAEPK.VATR.K R.YAATGWHVESCDSGHPADIRR.R R.QNLPRLR.H K.LHNEWNSR.L K.KLHNEWNSR.L K.ITIDGSDLSTSEDVAAR.Y R.EAVPAPAAANPAHNR.A R.QLLFALMLADEVQEAR.G K.IDVVEPQSDSLR.A R.INVALGTVAGGQTR.T R.GIVSLAAA.K.T R.VISDPFNNTNPK.L R.LFVVDIIPALANNVAVGVTLR.A R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGKDTVFADTAGVTDGADR.D R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGK.D K.DTVFADTAGVTDGADR.D R.DNISSGTVGSWAADTLISGYIDELVDTAIR.L R.LGGTVTAGTCDNADGAVGYSAPNVSGTIATIAAGATR.T R.YDDEAGVTR.Y R.DAQKHWLQASETR.L R.LPDIGEIAEIEVAHVHK.V R.YSAGQGYHAPGASR.A K.LIETPVLFFAD. K.NVVQLASETR.L K.IPLPLAGGAGGAGGVPVAPVAVSETSPPTTPASGR.G R.VVDGWDAAASYQALKK.L R.ARADEPK.V R.TLLPLDIAIEASVK.K K.GLLIAIEDNDPVFLEPK.R R.VTGFDTYPHSLWAYFPVPR.I R.TSGFGAELALVQER.C K.HDASAVPEGYR.I R.EGAVTVLAYGTMVHK.T R.TLLPLDIAIEASVKK.T R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L
YP_616367	Sala_1320	transketolase	53.33%	28	K.GADLVVYGVNHDK.LTAEHVWVSNASCTTNCLAPVAK.V R.FGIDFSFGASAPIEDF.H R.HFLGADAITPOLAR.L K.QGTSATHGAPLGADEIAAAR.R R.HLNALYGDGLVDHR.T R.ELGWTAEPFVPIADIAAASWAFGEK.G K.AYLDGLAAEPK.V R.TIIFGAPNK.Q R.HDVTENR.C R.KASENTLSALTVDIAALVGGSDLTGSNNTK.T K.ASENTLSALTVDIAALVGGSDLTGSNNTK.T R.VYVMTHTDSIGLGEDGPHQPIEHLQSLR.A R.RELGSWTAEFPVPIADIAAASWAFGEK.G K.KNDFEAR.L R.YIYYGR.E R.LTVLWDDNK.I R.ALAMDVAQAANSHPMPGMADVATVLYSDYLK.F R.AIDAALADPR.P K.TSSKPLTR.N R.YAATGWHVESCDSGHPADIRR.A R.PSLLALTR.Q R.PADAVETAECWALALAQEGRPSLLALTR.Q R.AIDAALADPRSLIACR.T K.AYLDGLAAEPK.VATR.K R.YAATGWHVESCDSGHPADIRR.R R.QNLPRLR.H K.LHNEWNSR.L K.KLHNEWNSR.L K.ITIDGSDLSTSEDVAAR.Y R.EAVPAPAAANPAHNR.A R.QLLFALMLADEVQEAR.G K.IDVVEPQSDSLR.A R.INVALGTVAGGQTR.T R.GIVSLAAA.K.T R.VISDPFNNTNPK.L R.LFVVDIIPALANNVAVGVTLR.A R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGKDTVFADTAGVTDGADR.D R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGK.D K.DTVFADTAGVTDGADR.D R.DNISSGTVGSWAADTLISGYIDELVDTAIR.L R.LGGTVTAGTCDNADGAVGYSAPNVSGTIATIAAGATR.T R.YDDEAGVTR.Y R.DAQKHWLQASETR.L R.LPDIGEIAEIEVAHVHK.V R.YSAGQGYHAPGASR.A K.LIETPVLFFAD. K.NVVQLASETR.L K.IPLPLAGGAGGAGGVPVAPVAVSETSPPTTPASGR.G R.VVDGWDAAASYQALKK.L R.ARADEPK.V R.TLLPLDIAIEASVK.K K.GLLIAIEDNDPVFLEPK.R R.VTGFDTYPHSLWAYFPVPR.I R.TSGFGAELALVQER.C K.HDASAVPEGYR.I R.EGAVTVLAYGTMVHK.T R.TLLPLDIAIEASVKK.T R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L
YP_616368	Sala_1321	protein of unknown function DUF710	30.41%	3	R.EAVPAPAAANPAHNR.A R.QLLFALMLADEVQEAR.G K.IDVVEPQSDSLR.A R.INVALGTVAGGQTR.T R.GIVSLAAA.K.T R.VISDPFNNTNPK.L R.LFVVDIIPALANNVAVGVTLR.A R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGKDTVFADTAGVTDGADR.D R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGK.D K.DTVFADTAGVTDGADR.D R.DNISSGTVGSWAADTLISGYIDELVDTAIR.L R.LGGTVTAGTCDNADGAVGYSAPNVSGTIATIAAGATR.T R.YDDEAGVTR.Y R.DAQKHWLQASETR.L R.LPDIGEIAEIEVAHVHK.V R.YSAGQGYHAPGASR.A K.LIETPVLFFAD. K.NVVQLASETR.L K.IPLPLAGGAGGAGGVPVAPVAVSETSPPTTPASGR.G R.VVDGWDAAASYQALKK.L R.ARADEPK.V R.TLLPLDIAIEASVK.K K.GLLIAIEDNDPVFLEPK.R R.VTGFDTYPHSLWAYFPVPR.I R.TSGFGAELALVQER.C K.HDASAVPEGYR.I R.EGAVTVLAYGTMVHK.T R.TLLPLDIAIEASVKK.T R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L
YP_616372	Sala_1325	Protein of unknown function DUF11	7.21%	2	R.INVALGTVAGGQTR.T R.GIVSLAAA.K.T R.VISDPFNNTNPK.L R.LFVVDIIPALANNVAVGVTLR.A R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGKDTVFADTAGVTDGADR.D R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGK.D K.DTVFADTAGVTDGADR.D R.DNISSGTVGSWAADTLISGYIDELVDTAIR.L R.LGGTVTAGTCDNADGAVGYSAPNVSGTIATIAAGATR.T R.YDDEAGVTR.Y R.DAQKHWLQASETR.L R.LPDIGEIAEIEVAHVHK.V R.YSAGQGYHAPGASR.A K.LIETPVLFFAD. K.NVVQLASETR.L K.IPLPLAGGAGGAGGVPVAPVAVSETSPPTTPASGR.G R.VVDGWDAAASYQALKK.L R.ARADEPK.V R.TLLPLDIAIEASVK.K K.GLLIAIEDNDPVFLEPK.R R.VTGFDTYPHSLWAYFPVPR.I R.TSGFGAELALVQER.C K.HDASAVPEGYR.I R.EGAVTVLAYGTMVHK.T R.TLLPLDIAIEASVKK.T R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L
YP_616374	Sala_1327	protein of unknown function DUF11	40.68%	7	R.INVALGTVAGGQTR.T R.GIVSLAAA.K.T R.VISDPFNNTNPK.L R.LFVVDIIPALANNVAVGVTLR.A R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGKDTVFADTAGVTDGADR.D R.EGGTAGSQGAITETTIGANTAGK.D K.DTVFADTAGVTDGADR.D R.DNISSGTVGSWAADTLISGYIDELVDTAIR.L R.LGGTVTAGTCDNADGAVGYSAPNVSGTIATIAAGATR.T R.YDDEAGVTR.Y R.DAQKHWLQASETR.L R.LPDIGEIAEIEVAHVHK.V R.YSAGQGYHAPGASR.A K.LIETPVLFFAD. K.NVVQLASETR.L K.IPLPLAGGAGGAGGVPVAPVAVSETSPPTTPASGR.G R.VVDGWDAAASYQALKK.L R.ARADEPK.V R.TLLPLDIAIEASVK.K K.GLLIAIEDNDPVFLEPK.R R.VTGFDTYPHSLWAYFPVPR.I R.TSGFGAELALVQER.C K.HDASAVPEGYR.I R.EGAVTVLAYGTMVHK.T R.TLLPLDIAIEASVKK.T R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L
YP_616376	Sala_1329	catalytic domain of components of various dehydrogenase complexes	29.93%	9	R.DAQKHWLQASETR.L R.LPDIGEIAEIEVAHVHK.V R.YSAGQGYHAPGASR.A K.LIETPVLFFAD. K.NVVQLASETR.L K.IPLPLAGGAGGAGGVPVAPVAVSETSPPTTPASGR.G R.VVDGWDAAASYQALKK.L R.ARADEPK.V R.TLLPLDIAIEASVK.K K.GLLIAIEDNDPVFLEPK.R R.VTGFDTYPHSLWAYFPVPR.I R.TSGFGAELALVQER.C K.HDASAVPEGYR.I R.EGAVTVLAYGTMVHK.T R.TLLPLDIAIEASVKK.T R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L
YP_616377	Sala_1330	Transketolase, central region	29.74%	7	R.TLLPLDIAIEASVK.K K.GLLIAIEDNDPVFLEPK.R R.VTGFDTYPHSLWAYFPVPR.I R.TSGFGAELALVQER.C K.HDASAVPEGYR.I R.EGAVTVLAYGTMVHK.T R.TLLPLDIAIEASVKK.T R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L
YP_616378	Sala_1331	3-methyl-2-oxobutanoate dehydrogenase (lipoamide)	30.73%	9	R.AEGHSTDDPGAYR.A R.AAQEASAVPFGDPIAR.L R.VDGNPLAVYAATQWADR.A R.YRPGDTPDFSDIEIPAVEATPR.P R.DYPLIQMHNQVSNR.G R.AVGYIAELR.V R.VLDFDGIK.G K.GRPASNLPLSLHIPR.Y K.GPWNPLAPDR.L

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616379	Sala_1332	Thymidylate synthase	39.38%	11	K.ATGEAISATDFEAR.I R.FEDFVVEDYAPQAHISAPVAV. R.HIFFGWNVADLDR.M R.RADHYNQJALIDSLK.N R.ELLWFLTGDTRIRPLVAQGVK.I R.KATGEAISATDFEAR.I R.ADHGYNQJALIDSLK.N K.WGDLGPVYGHQVWVWPR.Y R.SDGLSCLLFQR.S R.RHIFTGWNVADLDR.M K.IWTDWPLEK.Y R.VNGISPGPIADTEGMR.L R.TVVDIDLNGTFNVFR.G R.YPAGEAAYLVGGFNASYLR.R R.EAGGALVIGVR.Y K.KDDLIGAAEYVFGK.G K.DDLIGAAEYVFGK.G K.GAQGLAALIEDILK.E R.RGDVLIPIR.V K.GAQGLAALIEDILKEQEPNAVIVGR.E R.YGSGTLYHK.V R.GDVVLPIR.V R.LIGANVGYMK.F K.RYPAGEAAYLVGGFNASYLR.R K.EQGEFNAYIVGR.E R.NIQDLGYTEGVK.S K.PLSDGQVYADGTR.A R.EGGKDYVYSLTGGYQNPANLPK.E R.DGLPSDFHAFYANEAAR.A K.GFQVPSINPDGEPATR.D R.AANNALPPDLSLTK.A K.DVTAFLVWTAEPK.L K.ELRPGTGLHYNPFYFNINLAMAK.P K.NEWNVAHSFVK.H K.LASDGLMHHWDLAQQR.G K.DYVYSLTGGYQNPANLPK.E R.LVYNAIGAYVPPR.N R.QWLLGGFAPDAAALNR.F K.WLDEKLP.L K.DEQDTPHFHYTAK.D K.HADKSAATA. R.DVNAWGFIR.Y R.NLTAEEIAEANSVPLSLDR.D R.NLTAEEIAEANSVPLSLDRDAQTLAER.T R.KGPAPTNLVPPYEFTSDVTVTIG. K.GPAPTNLVPPYEFTSDVTVTIG. R.DAQTIAER.T R.WFEGGADLNPPYQEDTDAFHAR.L R.FTYTSDREAEGLPEGGGGVVR.G K.VGVNVSTVGGEFAPDFASSIHGAGDDPR.F R.EAEGLPEGGGGVVR.G K.TGNGIDAILMSLPLAK.W R.YAEFNLVDR.G K.WADEYFYIPHR.G R.NFQLTQVGEAFLIFPR.I R.GRYAEFNLVDR.G K.RWFGGGADLNPPYQEDTDAFHAR.L R.AIYNPIEAIR.T R.LALVAPALADR.A K.FDMGAAWDDTLK.S K.FDMGAAWDDTLK.S K.ATGFSEVDAALAR.T R.AAAIHAEAGER.I R.IWLLHPPLYTAGTSADPAELLDPR.F R.VGVVQDLTR.R R.IGIVTDDVR.G K.LDAVEVQPSVSDSMIILDDAVGDVATVNSVDDGTGKK.S K.KALAPDAPAK.K K.AGSELVQSSGDELK.L R.HLLVQLDDR.N R.GFTIAESNGTLPPIR.S R.FCDTDFVGTDTLGAQ.Y R.DAAALADVIAESWGPSDDR.Y K.EIFLTQGEQAQR.R R.NAAANVQACIDLVMADPRWR.L R.FGGSALTADVPKDVGTDPVTVPAR.N R.HRVEESAAR.I R.FGGSALTADVPK.D R.IAAHVGAEEHIVLPLDR.R K.GFADAGLADPTR.Y K.ADIAEAAR.L R.QAADIVIGVNDYSGYPCRPAPFQGFEL. K.DGVGTDPVTVPAR.N R.FHHAFLQHMK.A R.LVQIDTQGAEGRPFQAEAR.R R.LVQIDTQGAEGR.P K.TIAATLDEELTPASLETLAWR.L R.YQGVPLEGSSIGHAAEHYEQSEQIPSLISLAAR.H R.LFHEDVREVPQTAIVSR.G R.IIAHNSYVPAEK.L K.LLAEAVTLVLSGTLK.T R.HDHPEDHAK.T R.VGVQYEPDGFIEAAR.A K.ARPDADEPLADHVLAMVFEK.N K.SILLWFLAK.L R.GEEVDAVIDGAQSR.V R.HFLNLADAGGAVATMIADAIDR.A R.QLGGVPMILDAGTTQLGR.G K.VAAMAPQVDER.L R.VWDEAENRVAHQ.S R.HFLNLADAGGAVATMIADAIDR.K R.YADAIMIR.T R.VWDEAENR.V R.EAVAGADLVTDVWVSMGQDHAHNK.V R.CSFDIAIR.Q K.SDALFLHCLPAHRGEEVDAVIDGAQSR.V R.QLGGVPMILDAGTTQLGR.G R.TLGTISATNQEK.L R.DNHWLLTVAAGDQVVR.I R.AIQDQATLMHVSNLGSPQGEAFAQR.L R.TGTLAYEQYGIAPDIMATAK.G R.AYHSSAGNAEK.H K.HNLTFFNFAHGR.T R.GEGAYLIGR.G R.GALEQLPNHDQLFESVR.G K.I.SAGAASYTPPEA. R.LRGALEQLPNHDQLFESVR.G R.YLDFASGIAVNLGHGPHLTRA.A R.GMVGTHGSTYGGNPLAMAAGAVFVILEGDFLDQVK.A R.GMGLMLGVK.M R.LVNTFADTFFVNSGAEAVECAIK.T R.DLMLIFDEVQCGVAR.T R.DICNERDLMLIFDEVQCGVAR.T R.AIQDQATLMHVSNLGSPQGEAFAQR.L K.GIGGGFPLGACLAKEK.A R.TGTLAYEQYGIAPDIMATAK.G R.PASQRFQLGLR.D K.IPLWILGSSLFGAR.L K.LSFLDLVPTDTGTIAQSLANAADLAR.H R.QFPQDVLQLQFLAGDDR.L R.TGADEIIIASSIYDHDAR.K R.QEGLVSLPYSPLAGGLVSGK.Y R.YHTIQNNVSLNRR.R K.YQGGAAFEGAR.F K.QHDFVASTIVGSAYDQLDPLDAK.D K.NIFQAIDSLTR.L K.QLSRPLVETDAAHLAFDAQGEVDTAR.G
YP_616383	Sala_1336	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	12.17%	2	
YP_616387	Sala_1340	Uncharacterized conserved protein UCP033924	38.61%	12	
YP_616390	Sala_1343	cytochrome c1	61.71%	11	
YP_616391	Sala_1344	cytochrome b/b6-like protein	17.37%	6	
YP_616392	Sala_1345	Ubiquinol-cytochrome c reductase, iron-sulfur subunit	27.57%	5	
YP_616394	Sala_1347	Coproporphyrinogen oxidase	46.85%	10	
YP_616396	Sala_1349	hypothetical protein	14.52%	4	
YP_616397	Sala_1350	lipote-protein ligase B	31.80%	5	
YP_616398	Sala_1351	hypothetical protein	43.86%	2	
YP_616401	Sala_1354	hypothetical protein	52.86%	7	
YP_616402	Sala_1355	ExsB	52.86%	9	
YP_616403	Sala_1356	hypothetical protein	15.60%	2	
YP_616404	Sala_1357	Hsp33 protein	41.28%	6	
YP_616405	Sala_1358	ornithine carbamoyltransferase	59.61%	15	
YP_616406	Sala_1359	acetylornithine and succinylornithine aminotransferases	72.15%	20	
YP_616407	Sala_1360	luciferase-like protein	22.32%	4	
YP_616410	Sala_1363	aldo/keto reductase	23.96%	5	
YP_616412	Sala_1365	dienelactone hydrolase	40.00%	7	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616413	Sala_1366	glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase, isomerizing	65.90%	24	K.AGYLFAIAEDDDKESPNK.V R.VYDEAAAEK.A K.APVVDIAENHWGVAAR.E R.AAASFHGSASVATKDKPSPHLLIPASK.A R.LAGDGYAVLCVNPYR.W R.VYDEAAAEKAWSR.Q R.DGAQFDSENNPVER.E R.LGSPVVVYGEGETFLGSDALALAPLTQR.I R.IAYLDEGDVWVITR.D K.HGPIALIDEAVVVLAPSPFLFEK.T K.ELAGNPAPGTGIAHTR.W R.YRDPVLQPGGLAFISQSGETADTLAALR.H R.EADLLPTHAGPEIGVASTK.A R.VPVIDVASEFR.Y R.GPDYPLALEGALK.L R.EVTSVGTAAAEK.G K.SPTAVQAILPALR.G R.TFSEETDTEVAHLVSEQVEAGK.S K.YWFETFR.V K.VHPLIAPLVYAVPVQQLLAYHVAVAK.G K.HLVEAPALNAALAHDEDIAAMAHLIAPAR.D R.GAFALAJFR.Q R.DGAQFDSENNPVEREVTSVGTAAAEK.G K.LSAAEEREIVK.H R.TFSEETDTEVAHLVSEQVEAGKSPTAVQAILPALR.G R.GYDSAGVCTVEGGQLIR.R R.GRTFSEETDTEVAHLVSEQVEAGK.S K.TVSNHCEVYAR.G K.EIFEQPTVAQTLSSYR.P R.PLEQTVALPQMDFDLSAIDR.I R.IAWIEVLSK.G R.LKSPDAIILATAQTR.G R.LGSDAPAVVVLAFEPADPLQYGR.V R.APETVWFSWDTQLGR.D R.DVTIEPWFVGRGVK.I R.AFIGSNSALVAPVK.I R.AELAAEAQWQAFR.R R.DLFALLAR.V K.TDPADVGGINSR.A K.EFYLVDIVNIANADGR.L R.VTDDMAAKEFYLDVIVNIANADGR.L K.VVVGDKADQLEALSQTAEALVQEPQLGTGHAVR.Q K.VLHPIAGRMLLHLMASVDLSPAK.K K.MVEHKDATDAER.A K.HQTQIGER.A R.LSISNALSSSR.I R.SHHALTDGTR.S R.LMMAILGEGTPK.T R.FGLKPEWR.L K.KLNLDNLFYR.L R.LRDEAGVQFR.R R.SSAAPVLFQR.V R.DFETGFSVAADR.S R.VEYRPAVGGANPLR.L R.RDDDFLWTLGR.V R.LTDAIANVTLAPNLQR.Q R.GENLFDLPAISAAGIVER.A R.FANGISVEAR.G R.SAGSSDVTGAFAEWTSR.R R.EGNIGGAPISDAR.F R.DPAGGAQWLALAYVQLR.D R.ATWAYTDADVDSAGAAAMDGR.R R.AVALAQAVIASDHPLNLR.V R.VEVSLIAGEQR.S R.RFETPLDDYPR.L R.DLGLNEQTKDR.W R.HWVQGFDALEAMAGDGR.F R.DLGLNEQTK.D K.GLDYERVEVSLIAGEQR.S R.VFSNIVSDNSVNFAPAGNIVASVPTGLVLMANR.N K.LTDGLSLDVANLTLR.G K.GTAPAPLPTLRESMEAK.V R.GASDAGIYVQSK.N R.GAGTGGGSLDPSGQGGAGEGLLTSDDVLLTNFAVLNTK.G K.VAEDVAASISPLIHIVDTEGK.M R.HGLTAPYDATR.A R.TITDEQWAHAK.E K.IGLIGMSWASTELYR.H R.ADEIDRIIYEELMGK.V K.EVLIGSAQR.L R.NVMTEAWFR.Q R.IHVAAGVDVVLGEGA. K.IGLIGMSWASTELYR.H R.SFISVIAGGFGADAAAGAGGAK.E K.SSPYGMPLDVEKA K.YAHPVAGR.M K.LNGNMSGAPILLPAR.H R.FMGAMGTIAVTTLLMHVPR.L K.AVTALVEAAAAR.G R.TITVAALQALAPGVFEPNIK.A K.SHPDGPGEYK.Y K.YYFRPGNTGFK.I R.KSHIPDGPGEYK.Y K.IWEVFDTR.I R.AMALMGAELLYPTALGSEPYDADLDSR.M R.IGVGVCWQDQWPECAR.A R.FYGHFADEWGDITQAFGASETALVETIDLDR.A R.DGHYVNTLAMI[DPD]GIMGTYR.K R.LGLPTAVPGAGALLSGRY. R.LGLPTAVPGAGALLSGRY. R.IGQIVPSSNVTETEIPALLR.A R.EAVESATPADLLGTSLPQGNVTLAPIPRPR.K R.GVAEADNLNIVGYVINDVSR.D R.EAVESATPADLLGTSLPQGNVTLAPIPR.P R.FMLNVNPLIADIAR.V R.KNIFGIGLNYTEHVAESAR.A R.ALDTAHELPPQPVVFSKPPTAAVAVNDPIR.H K.VTQLDWETELAVIGSTAR.G K.NIFGIGLNYTEHVAESAR.A R.AGQWIVSK.G R.VTDTPELEAFYEELAR.N R.SRVDTPELEAFYEELAR.N R.TYEQFPHEKWSDFTTAAADVIER.F R.LIGTDAASLDPEQSK.T K.VTALEYFQEWYR.F R.GFAIPAGHLER.D R.EGGDYAAGER.K K.VNDTHGDAGDR.V R.HGGEFVMLFR.G R.LEANLDAFHANTK.Q R.KTDFPQITTSGGVADVFGYGDAR.A R.AQSPQGITQK.W R.AFENLLDR.H K.HEASAGLAGLCLK.R K.LIGLYWGGAMVGR.F R.LQGEKHEASAGLAGLCLK.R R.FIGSHLMR.F R.LISSDKEGTAVVNPYR.K R.DQVPEYTDYGR.S R.GLLLPTAIFAR.W R.DNAALAGMADKPVV.W R.GGQIIDPHSAVGLAAAR.A R.ALAGLDYETAVR.I R.LGGDRPVPVSVPTGNFGDVFGYVAAQMGLPIAR.L R.LVVATVNDLHRA R.LLFDLAGR.D R.IMRPFVSVLTEDELR.A
YP_616414	Sala_1367	PIIT protein-like protein	19.05%	2	
YP_616417	Sala_1370	Nucleotidyl transferase	45.27%	13	
YP_616421	Sala_1374	transcriptional regulator, MarR family	35.81%	5	
YP_616422	Sala_1375	TonB-dependent receptor	26.28%	12	
YP_616423	Sala_1376	maleylacetoacetate isomerase	37.14%	7	
YP_616425	Sala_1378	hypothetical protein	31.00%	5	
YP_616427	Sala_1380	Aspartate racemase	48.28%	9	
YP_616428	Sala_1381	NAD(P) transhydrogenase, beta subunit	16.23%	5	
YP_616430	Sala_1383	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase	55.33%	10	
YP_616432	Sala_1385	Asp/Glu racemase	14.77%	3	
YP_616433	Sala_1386	5-oxopent-3-ene-1,2,5-tricarboxylate decarboxylase	48.34%	9	
YP_616434	Sala_1387	Cupin 2, conserved barrel	5.01%	2	
YP_616437	Sala_1390	putative cyclase	18.66%	2	
YP_616438	Sala_1391	tryptophan 2,3-dioxygenase	10.96%	3	
YP_616441	Sala_1394	diguanylate cyclase	21.76%	6	
YP_616442	Sala_1395	glucose/galactose transporter	9.28%	4	
YP_616443	Sala_1396	PRC-barrel	22.95%	2	
YP_616444	Sala_1397	SAM-dependent methyltransferase	9.92%	2	
YP_616445	Sala_1398	threonine synthase	72.26%	23	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.IDGDAMALALR.W R.AATLAGLASDGLLVPTKWPR.M R.ALEIDAEIPVTLATAHPAK.F K.AFLAEAAAR.G R.QQVNLAVNSINWAR.L R.YTKLPGDYDVVK.A R.AMTIPADMLAGAR.D R.FSHDAVTLVQLDHR.H R.LTSGDYVAGVTPTATPSMDIQVSSNFER.L R.LGNLFEER.E R.HWLLLELPHGPTLAFK.D R.EHIQIFMLHPEGR.V R.DGAAIAGMMAEFAEK.A R.KRFLGDEAAR.G K.AFLAEAAAR.G R.QMTTVALPNHNIADGSFDDAQAMVK.R R.DGAAIAGMMAEFAEK.R R.YDAAAAAAEPEILSQTISVR.F R.LPWTFYFEPHTDVSIGAR.D R.VTGGFGTTQR.Y R.MPVLFVDPALVDDPDAR.D K.AADNFWEGGATLEWTLSSPPHOFNELPR.I R.LELEAFQYQLGGWAELMGGAGDEVAGK.H K.LIVTGADVIHSFAVPAFWK.M K.EQADAAGEPHQAVLAVNR.M K.VTGYQWYWGAYPDQIGGEVSK.M R.ANETTFTANK.V R.SKGGNPNPQVETAATAATVSAPAAAIPAAK.N R.LLAAQYEPK.K R.LLAAQYEPK.K K.GNPNPQVETAATAATVSAPAAAIPAAK.N K.MLTKEQADAAGEPHQAVLAVNR.M R.AAGGEVVAEALVDR.S R.AADALQGHLLSSGR.H K.VLWVEDVITGLSSR.E .MTDDQILAEFR.A R.SAGSNIDLVFPYPLVAINFFTYAADELPELAGTEAKPGSR.S R.HSEYLLQCAR.V .MTDDQILAEFR.A K.VLWVEDVITGLSSR.E K.QAIDLVSFPMGGVIGHEMGR.A K.PAIFVERPTGTFELR.R R.TTEGGDLAAGQHNHLAIPVAR.L R.VSLFIEPDR.Q R.LGVNIDHVATR.N R.LRAPVVEFHTR.Y R.IADAALASK.N R.HIRDDDLAR.I R.AAAIIVAVGGDGITAHLR.E R.IADAALASK.N R.IQAATDPLNLEMAATDEMVEIALR.H R.IQAATDPLNLEMAATDEMVEIALR.H R.AEISFSTIGTAK.W R.GADGKELLEIPVR.E R.LPERGDIVLEHLTR.V R.ETLPGGASFDIDMGPYATDDYGPVVPANHLFMDNR.D K.KLGGAVPFDAIAGR.A K.LADGTVFDANEQPMQVAVQVPGFSEALTR.M K.EGGSFPTKADVVLVK.Y R.AVGPPIANSLHTITLTLDFR.S R.IGFEVKEGSGSPSTK.A K.ADVVLVK.Y K.ADVVLVKYEGK.L R.ITATGGVLSQAR.G R.GLEGHFSAELQSIADTAHALGK.V K.YGLTFAEALASATVAAAR.L K.GTYLPTLMAFEGIR.E R.IAPGMSADMIASGDPLSDVR.A R.VITDATKPAQGPSTITITDDR.I R.IDPPAGAEVVDLGDK.T R.EAGSQYSAVALR.R K.ALGVVAVGTDAAGVFEHGR.N R.NGQEFALLVK.Y R.LLSMENEIGR.I R.GTANGFIEGPR.I K.GIYPTVEDKVR.M R.IVAGPALSIIIGHGSDVTGFR.E R.ALESVDWVVR.G R.NEAVDPDEWVVGVK.N K.VMAHAHAGGGAASAAGDISIEHGTFADEAALK.V R.VDTLGGWLSLLGR.V R.QTTIDEADVTR.L R.VGGPADPFDVWLAVDYR.Y R.LADVAVYDEAGDR.A R.DGDMIGDPLGWPALFR.R R.IYLASAATLDIVR.D R.VTETLDFQPAAGLDAIEPHWDRR.I R.GAEIIGWLK.R R.VTETLDFQPAAGLDAIEPHWDRR.R R.GAEIIGWLKQK.L R.GAEIIGWLKQK.L K.SGWDVQVER.D R.KGAGVPEALVALR.E R.YYRAEDVALAER.I K.DGAAPTSVAIATPTIGNDPAR.K R.IHLLHQVGTVEGAR.K K.ISGFTVLR.D K.TGVEPILPR.R R.INQIGLSR.N R.HALVIGSETFSR.I R.HIAEPDETATLGDAAAR.R R.VDTSDEWIVER.T R.HAVTNLAVALGEVNR.D R.RALEAAGLQPADIGLIIVATATPDNTFPASATK.V R.ALEAAGLQPADIGLIIVATATPDNTFPASATK.V R.VVLTVDQHANTSAAVPLALDLAVR.D R.DVGLSADDIDVVPHQANKR.I R.VSNAELAEV.V R.TTCVLFSDGAGAVLSAEDVADDRGVLATR.L R.TRVSNELAEV.V R.AASDIHTDGVVSGEDKPSQALR.K R.FILVGEER.I R.VALLNIGTEELK.G K.AALDNHNPRL.A K.IGFLISRPALEL.H R.VALLNIGTEELKGTDEIRDAALLR.G R.QVTEDLANFR.R R.IAIDAMGGDVGVR.V K.STSMGLAIDAVK.R K.SHGSADAK.G R.SHDSLVKAEAFQECPCNGELK.R K.VEAQFQPCNGELK.R R.GNHQQLDSITQK.L K.AAFVDPGGDLK.L R.AAIVPVTAQQNCTLLWCTETNK.A R.ELGVPIEGHEDDRFWIER.F R.SSSAEQVSSAGEVRL.L R.SAGDQAEINPATASSANDNWTQR.G R.SGDSHYADTEVDGANVR.M K.LDANVEGDMTTLR. R.AIFGWSAPALSAAER.A R.WAPLLGGQWLPADR.A R.LAPLADSAWTPR.F R.DAPAEITQRD. R.IVVLPVLESEADDKR.Q R.WLAPADGEGDAAWR.A R.QVIAYPDLGWSVEHR.R
YP_616449	Sala_1402	cytochrome c oxidase assembly protein CtaG/Cox11	36.02%	4	
YP_616451	Sala_1404	Cytochrome-c oxidase	10.61%	2	
YP_616452	Sala_1405	Cytochrome-c oxidase	34.40%	9	
YP_616453	Sala_1406	orotate phosphoribosyltransferase	75.00%	10	
YP_616454	Sala_1407	pyridoxal phosphate biosynthetic protein PdxJ	47.58%	10	
YP_616457	Sala_1410	Peptidase S26A, signal peptidase I	34.89%	5	
YP_616459	Sala_1412	peptidylprolyl isomerase, FKBP-type	43.72%	7	
YP_616460	Sala_1413	amidohydrolase	67.14%	17	
YP_616461	Sala_1414	Helicase c2	8.00%	5	
YP_616462	Sala_1415	putative phosphohistidine phosphatase, SixA	32.79%	7	
YP_616463	Sala_1416	transcriptional regulator, MerR family	48.46%	4	
YP_616464	Sala_1417	integration host factor, alpha subunit	29.90%	3	
YP_616465	Sala_1418	3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase III	54.52%	11	
YP_616466	Sala_1419	fatty acid/phospholipid synthesis protein PlsX	36.05%	10	
YP_616467	Sala_1420	ribosomal protein L32	33.90%	2	
YP_616469	Sala_1422	beta-lactamase-like protein	30.32%	4	
YP_616471	Sala_1424	aspartyl protease-like protein	37.50%	4	
YP_616472	Sala_1425	hypothetical protein	25.46%	4	
YP_616473	Sala_1426	glycine cleavage T protein (aminomethyl transferase)	37.34%	5	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616474	Sala_1427	dihydroorotase, homodimeric type	48.53%	11	R.RVEAIDVAAPQWMCALR.V R.GFLQGLVTDVSGNLPVWAALLTPQK.A R.ITAAVPADLDFTPFLVAVLTDATDADEIAR.G R.FYGLNLEGVTLER.A R.AIVMPLNSPPVTTAEGR.A R.DGAMLAHVAPYAR.Q K.LYPAHATTGSAHGVDVANIMGVLER.M R.IGDVVPHAGETIGWR.L R.DRTAAVPADLDFTPFLVAVLTDATDADEIAR.G R.AEITVPRIGDVPVPHAGETIGWR.L R.RPDDWHVHLR.D R.GHAEGVTAAL.L K.FFLGTDSPAHVHMK.E R.LPAPFEDAPVEAWTQSAGAWR.V R.LGATNSGPTR.L R.GFSMFSVIER.A R.LGPWEPDGVWPAPEIGYGV.R.A R.RLGATNSGPTR.L R.LGATNSGPTR.LPAPFEDAPVEAWTQSAGAWR.V R.ASGEWWGR.L
YP_616478	Sala_1431	Acetyltransferases including N-acetylases of ribosomal proteins-like protein	43.17%	7	R.DAVIHMNLV.R.F K.AAYPGDHPLAGQGTGAEAYR.H R.HYGAOSGPFR.R R.SDLALDDELASGDPAIK.A K.AATAEAAAAALR.A R.NAAGPGRNRPVDDGGVPLAASK.A R.DGGMTDVLVLSGGK. K.LTYGNWADR.L R.EAAGVDSGK.C K.GDLAYVLMR.R K.GLANEAGNVK.Q K.AKGLANEAGNVK.Q K.VQGALGDKV. K.GRYQSGALGDK.V K.YKDFEQNAVAASGAIEIVTVAVR.R R.YADPSSPLAGLI. R.RYADPSSPLAGLI. R.ETLDATVLAKE.E K.QLEDAGAVIIMPLGAPIGSLGIQNR.V R.EAGGVDLWLVLEGEAK.T R.DAVLAGR.M K.QLEDAGAVIIMPLGAPIGSLGIQNR.V R.QTNHEGVLDLWLEAVSAGAK.A R.LEAQADLGLR.V R.SIKVPVIEVHLSDPAR.R K.AHVHENSQVVEFDQPLFTIG. R.NLTAAPAAVAVAPPPAAAPAAVAPATAAPAAVDFADAVK.S R.ALAELDDTQLSEIEVEDGDR.K R.ALAELDDTQLSEIEVEDGDR.V K.SPMVGTVYAEPEGAPNFATIGSEVK.A R.IQVEHPVTEMITGDLVR.E K.TNPLHQALLADPDVINGDYTIK.W K.VLEAASPTISAER.A K.VVPDEDSLESIMQASSEAAAAAFDPTVYMEK.Y R.VDSGLYAGSIPPYYDSMIGK.L R.TVAVHSTADTDAMHVR.L R.IAGGAGLSVK.Q K.DSYLNIPIAISAAITGADAIHPGYGFLSENER.F R.HIEFQVFDGK.G R.ALEEWVJAGVK.T K.GNAHLGER.D R.RALEEMVIAGVK.T K.WLEEWLAK.Q R.IAGGAGLSVKQEELEFR.G R.FAIEIEAHDMIFVGPKEHIR.T R.TAVALLPLVPGSGAVTFGEETK.K R.LADEAVICGPPAAK.D K.WLEEWLAKQDAEESAA. K.VTAVHPAGGMHVR.V K.RTAVALGLPVPVPGSGAVTFGEETK.L K.RTAVALGLPVPVPGSGAVTFGEETK.K K.LDITLDTDTLLAHLR.D R.SIINEGATIAI.R.N R.DYNPDALAAAILANDQAK.L R.YVWSNVPEYLTR.V R.SPEEFGEAIASGK.T R.VVHGGTVIATHK.A R.LFGDQPPVYAVWTVVDPDGK.G R.DAPVVASFAR.P K.VGDEGLFAR.D K.TAADAQAIR.V R.AQGYTWTGSGK.T K.STPTPQLNPMATGIIVNPNWTLPR.S K.TLSVCKPSPINNALGVMK.M R.ALHFSGLMAMVAFGR.S R.AKTAADAQAIR.V K.STPTPQLNPMATGIIVNPNWTLPR.S K.MEMLNEHAIYLDHTPSK.N R.QNFDAVDAIVK.A K.VGIHAGLGLK.L K.LRQNFDAVDAIVK.A K.VGAEDLMEDMLAGNLDYGR.V R.GVVTLPAGTGK.D K.ALAAGADKVGAEMLMEDMLAGNLDYGR.V R.VIATPDMMGIVGR.L K.LGTVTPNVAEAVK.A K.LHGVDEAIK.L K.VALSMMGPGVK.V R.KVALSSMGPGVK.V R.GVVTLPAGTGKDVK.V K.VDAQKLHGVDEAIK.L K.VALSMMGPGVKVDTAELTGA. K.GGQIEFRV.V K.FDETLEIAMNLGVDPDR.H K.ALEKVDAAK.L K.GGQIEFR.V R.VIATPDMMGIVGR.L R.VIATPDMMGIVGR.L R.KVALSSMGPGVK.V R.ELATAKFDTELEIAMNLGVDPDR.H K.VGAEDLMEDMLAGNLDYGR.V K.VALSMMGPGVKVDTAELTGA. K.VALSMMGPGVK.V K.FDETLEIAMNLGVDPDR.H K.ALAAGADKVGAEMLMEDMLAGNLDYGR.V K.ALAAGADK.V K.ALAAGADKVGAEMLMEDMLAGNLDYGR.V K.LQVPAGTANPSPPLGALGQR.G R.SKLAIEAIEK.M K.GTPTPTIITVYADK.S K.DLNANDIEQATK.I K.LAEIAEIK.M K.MKDLNANDIEQATK.I K.GTPTPTIITVYADKSFVTK.T K.TPATYLIK.A K.SGSKEPK.I R.IFGQVIAQALVAAR.T R.LFDLEPVAGLEEFFPAFAKPTR.Q R.QDGTLIASAMQEGLLR.I R.LAAPIGDDPLLHR.A R.SSRPSTEATAHYQWYR.L R.LFDLEPVAGLEEFFPAFAK.P R.GGDEAKPLHFR.V K.AAHSUHYFLR.G K.VTGLGSSGKPAISEAEAAR.I R.ATPVLEDFEQUVER.M K.VLEGPFASFNGVVEELDFDKAR.V
YP_616479	Sala_1432	hypothetical protein	29.45%	3	
YP_616480	Sala_1433	hypothetical protein	38.15%	7	
YP_616481	Sala_1434	CsbD-like protein	53.33%	4	
-	Sala_1436	thiamine biosynthesis protein	28.16%	8	
YP_616483	Sala_1437	3-dehydroquinate dehydratase	32.88%	3	
YP_616484	Sala_1438	acetyl-CoA carboxylase, biotin carboxyl carrier protein	69.81%	5	
YP_616485	Sala_1439	acetyl-CoA carboxylase, biotin carboxylase	65.42%	21	
YP_616486	Sala_1440	hypothetical protein	54.03%	17	
YP_616487	Sala_1441	ribosomal protein L1	78.02%	29	
YP_616488	Sala_1442	ribosomal protein L11	58.74%	9	
YP_616489	Sala_1443	Palmitoyl-CoA hydrolase	34.28%	8	
YP_616490	Sala_1444	NusG antitermination factor	89.33%	19	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.TEIRVDYEIGDQVK.V R.VDYEIGDQVK.V R.MGLTDFVEAVEVPVETVTEVKR.G R.WYIHHAYSGFENK.V K.VRDSVLAEAER.M R.DSVLAEAER.M K.LMTDDVYHLVK.N R.MGLTDFVEAVEVPVETVTEVKR.R K.VLEGFASFNGVVEELDFDK.A R.KFFPGVYLA.L K.PQISEAEAAAR.I R.ILNSKEEAAAR.P K.VSVSIFGR.A R.MGLTDFVEAVEVPVETVTEVKR.G R.ILNSKEEAAARPK.T R.MGLTDFVEAVEVPVETVTEVKR.R K.IGEFVNVQK.T K.VKIGEFVNVQK.T K.TEAGKIVWPTGR.E R.SGGSLATLYDLFGNK.Q R.WAAAGEADIDDPQAAK.L R.NMILDAEALFLEHGHER.T R.RYMHALLDAEALFLEHGHER.T R.DIHLPALAEITELFTR.W R.DRDFAAGIYR.D R.RAETEGALVSAAGTLLTIEQIDR.V R.TAEADVQAAQANLDSAR.L R.VYVNFQSSSLLATR.R R.ARPVNVIEFGR.V R.AEFPNPNALLPGQFVR.A R.AEVTGALVSAAGTLLTIEQIDR.V R.YQPLLDQAIGR.Q R.RLFDGFSFVR.A R.LNLGYATVATPISGR.A R.QEYDAVAAQR.T R.LFDGFSFVR.A K.LTADAASVMVLDTK.N R.YQPLLDQAIGRQYDAVAAQR.T R.ADGMILPQR.A R.ARVDDIVGR.R K.LGAMVAGQWAWLDCLPGRD.V K.LASVGLSAAEALAAVQNSQTPGGQLGDQPIAK.G R.ANPDGSAVTLADVGR.V R.TGEGDSADAIAGR.A K.LLANVRPEQEDAPVVK.L K.AEWSAEPQLQR.Y R.VLLQADAANR.M K.GAQINAVITQGR.F R.TGPGVFFDR.F R.FTKPEQFESIILR.A R.TTDYRQGGVVK.M R.GLPVQYPSVAPPSTLITGVTPGADAR.T R.LAEQLPPGFVETGTSYEEK.Q K.SGNTDPMVNNFANTR.V K.LIDIRIQR.A K.EAFAPSLSPSPPELGTSSGFTFK.L R.TRGPSTVGVGTDITTSR.Y R.YLAEQVEAQR.G R.SQYLATEAER.T R.NLFAAEQTLIELR.R R.QSETLLTQAEQLASL.L R.GPSTVGVGTDITTSR.Y R.DVASTYFASR.G R.EDIAVAAYER.T R.VSYGVGVTSFELDFWGR.V R.REGVSTYLVDAER.N R.LEMLIAQIAHNR.D R.IQAADRLPTVGASADAAR.T R.DLAVAVQIEEAR.G R.RYLAEQVEAQR.G R.GAEQQLAEATVASR.K R.EVSTYLVDAER.N K.NLLGQAVATIADAGTATPHFDRPTFVR.A R.FGSAEFAIRFLTADPDR.A R.HIADALHGALPGDYGATLDALR.A R.AASEGLDALSIMER.V K.KGDPALALIGVGHGAAVTLR.R K.GDPAALALIGVGHGAAVTLR.R R.NLTPGTGFADWALPEAR.K K.LVLKAMVATGRITERQARAIRPR.I R.AANPAVTGILPVQAWNR.A R.AGSVTDLNNAGYGGVPAFK.L K.GADELGLSNAQATALQR.V R.TLIFGNSFTGSAHSAAR.N K.GADELGLSNAQATALQRVAR.D R.IAAHAANQDIGSTR.Q R.DVTGDPVSTGDAYLASVR.Q K.VALSFPVVEAFNLR.A K.STPDAINPFGGPNANTQEQRWDR.V R.YDFGANQPNNSLNFGVNIANDPVYAK.G R.APVYADQAFDAYAVANPDAFR.Q R.AFLGDSFPFETDFR.N R.DILLVNRWPTDLGPR.F R.DGASALYGSDATAGVNTLDDAFSR.N R.LPGLNSTDVPAEGR.D R.NTSTSPFGQFQVGSVNDGVFVGR.R R.GLGTGNTLLLNGR.R R.FIDTQETTYR.L R.AAYSQGR.V R.NGLFSSELGPQFNSVDKR.A R.FGVEATYLNK.L R.QIVNNAFATGIDR.V R.AAQVQDSGLAFILVPSANVWNPFGAVGSPNR.L R.VPNLQLNR.G R.LGVNVFDSAPPLVDESLGYPEYHVSVKPR.E R.NDLLAALQNPAGDFAEQLQVDR.V R.ISNTNVGTTELMTADFR.V R.LDGTTFDESNSVGSVDVGVSPTR.D K.TLLVAELAK.S R.LNLGTEDYR.R R.GQFGSWDEGAVAMSGNR.T R.GEGFINDTLQLAVR.G R.FAINVDYWR.F R.DVFSAFGALIPHR.G R.VNLHGEYR.F R.TEDTESNR.L R.QSNPDLKNETETVVGATLDLTK.A R.QQSSNPVVR.A R.QGTTALTSSGVFHIQPCDFPGR.A R.GTATFGWR.L R.FEQTGVICAFGDQEQEALALDFLLR.Q K.AFESNIFR.R R.AGAQTAVEAQONAR.A R.ATAPLRGPVALQSAIDGTLILLIGDR.L K.GFRPGRPNVLPAGPAPETIATYGSDSLISVELGLK.A R.LSQSQVPEFTDVR.Y R.ERGLDQDFNAEPSTLPIAGLPLLVGATINSR.Y R.DFGGFDISIGTGADIESINSK.S K.TSLEAPANIPFGAAGTVIR.P K.LVPLQLNQATPGFGR.L R.HQGEFTYVLEGR.I R.MSDFAEDEEDAPR.V R.LTLPATNLGLPDR.G R.VHLEGGEDVPPDQLDR.M R.YVRDELELIPQAVYR.L R.IVAVGVGDAK.S R.GALKPGYADVVPDPATVADR.S
YP_616491	Sala_1445	SecE subunit of protein translocation complex	18.25%	3	
YP_616493	Sala_1447	transcriptional regulator, TetR family	36.45%	6	
YP_616494	Sala_1448	secretion protein HlyD	50.27%	16	
YP_616495	Sala_1449	Hydrophobe/amphiphile efflux-1 HAE1	23.24%	15	
YP_616496	Sala_1450	RND efflux system, outer membrane lipoprotein, NodT	38.64%	16	
YP_616497	Sala_1451	DNA alkylation repair enzyme-like protein	28.26%	6	
YP_616499	Sala_1453	Penicillin-binding protein 1A	6.01%	2	
YP_616500	Sala_1454	hypothetical protein	23.60%	5	
YP_616501	Sala_1455	TonB-dependent receptor, plug	59.23%	37	
YP_616503	Sala_1457	periplasmic sensor signal transduction histidine kinase	6.15%	2	
YP_616509	Sala_1463	TonB-dependent receptor, plug	17.27%	6	
YP_616512	Sala_1466	transcriptional regulator, XRE family	13.11%	2	
YP_616513	Sala_1467	N-acyl-D-amino-acid deacylase	53.63%	22	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.GMAVAPGFNMLSWATESLIADPK.S R.GISTNVASFVGAATVR.V R.QIQLPWHFSGSAAASQATEGIFLK.S K.DGHSATGR.A K.APIVGDVAIKGDR.I R.SNWDKLDIVK.K R.SGAPAEIYHLK.M R.SEGDRIEAEVDELIEISR.R R.DWENLYGAGAK.M R.DVFNVTQVLLK.D K.YAIEWTNLGDYLGWLEKR.G K.YAIEWTNLGDYLGWLEK.R K.NDALKPLTKG.T R.RSGAPAEIYHLK.M R.MRALVR.Q R.IITDMITYTAGATGLDAAMPTWVQAGGLEQWIER.L R.DEELIPLQAVYR.L K.VVANELEVAGGK.L R.HHDLTALLWAQGYPR.R .MFVATLIAAGK.L R.VLEPIVDSR.A R.LDATGHDVGAHWLDVGDADIVFHGSLVSAR.S R.AMNGELDFR.A K.IVPVDLAVIGDAGR.A R.ALAALIAAWQDR.G R.YSNSYSDSLPDFVK.L R.HEQAATHAAEGYAR.S R.QLVGLGAPITSTLMGLGAFPADDPK.W R.IDTLGELGGIAR.M K.LAEAYWGTGLR.I R.ADLIVAVGAR.F R.WLTSGGLTMYGYFPAVGAQIAHPNR.L K.IFILNNEWGMV.R.Q R.PGPVVIDIPK.N K.HNVLVMDPDR.L R.GRDPITTEVGHQMWAAQHFGFSAPNR.W R.QWQELTYESR.Y R.DLGEWWR.R R.MIETPGVIVDCR.V R.MIETPGVIVDCR.V R.LGPMHEAFIATHGRPGVVIDIPK.N R.LDAFSPDKK.I R.WLTSGGLTMYGYFPAVGAQIAHPNR.L R.LGPMHEAFIATHGR.P K.KIHIDIDR.S K.IFILNNEWGMV.R.Q K.HNVLVMDPDR.L R.GYNIESTVADISSDHLSR.I K.VVDTLTSFIFEITGTSKVD.R.F R.ITIVTNGPPPIIDQIAQLDR.L K.VVDTLDAGETHVER.E R.HVLATVONEAGVLAK.I K.VVDTLTSFIFEITGTSK.V R.TGVVAJAR.G K.ITGLFTAR.G R.AKVVDLTSFIFEITGTSKVD.R.F K.VVDTLDAGETHVEREIALV.V K.IKTEAGER.H R.YSISNTAEYGDIK.T R.VLADIQSGR.F K.EVALALRPGSPTAK.K R.FVKDFVLDNQAQGP.LK.A K.DFVLDNQAQGP.LK.A K.ALALSYASAVGGGR.S K.AAAHPIEQTEK.L K.LIVDLLYEGGIANMR.Y R.KAAAHPIEQTEK.L .MQVYDRDADQDLK.G K.EAAAWADVIMIAAPDEHQAK.I K.VAVVGYGSGQHAAQNMR.D K.KAAAGFK.V K.AAAHPIEQTEK.LR.A K.RVLADIQSGR.F R.IITEETK.E R.YSISNTAEYGDIKTGR.I R.DADQDLK.G R.SGIETIFK.E R.PDIDVFMVAPK.G K.IVAEDIGPNM.P R.DSGVKEVIALRPGSPTAK.K .MQVYDRDADQDLK.G K.VMSNKEAAAWADVIMIAAPDEHQAK.I K.VAVVGYGSGQHAAQNMR.D K.KNVLVDK.A K.LIVDLLYEGGIANMR.Y K.GGGVPCLIVAQEQSAAAGNGYAK.A R.KAAAHPIEQTEK.LR.A .MQVYDR.D K.PGAALAFHGLNIHFLIEARPDIDVFMVAPK.G K.KAVAVGYGSGQHAAQNMR.D K.GPGHIVR.S K.GGGVPCLIVAQEQSAAAGNGYAKALALSYASAVGGGR.S K.EAAAWADVIMIAAPDEHQAK.I R.LVPLGIPASGTQLPVIIGDNR.A R.DFASNDYLGADSDVLR.A R.AGHVAAAHNDQAQFEDIVR.W R.GNHAHEALVHAAR.H R.QAIEIVANEPEP.Q K.DLAALATQSR.R R.AALTAGIER.G R.LQAAGFDIR.G R.GIRPPTVAEGTAR.L R.KDLAALATQSR.R K.ALGAEGALLCAPIVR.D R.PFFSTAPSMLMAWLV.R R.HDAIFIVDEAHATGVFGGAGLSHGLTR.R R.GDLVHDELIHASAHGMR.L R.DNLVTLHTCGK.A R.AGGGAGTPIVAESLYSMGDGR.A R.LTPPPGELIVEGAGGALVPVTR.R R.TSLGTINHSLLTIALK.R R.ATGTPYKPVQSGLEETDSEIVAR.L R.LPVVAPLTSENLAAAFGANFDIADF.R R.TLYAELFAR.W R.LVTPASPHIAEIDGVAIDIER.L R.DVPIHGVTGDAVEDSEIADVSGVR.R R.FVVTGTDTGIGK.T R.DVPIHGVTGDAVEDSEIADVSGVRR.L R.RTYAELFAR.W R.LGRLPVVAPLTSENLAAAFGANFDIADF.R R.TSLGTINHSLLTIALK.R K.LDQIIFAGWTHEPAETLAAALVR.I R.IDALAGAQAALALLS.H K.NPSVWHFTQHLGEPILISHASGAR.L K.MALGYWFNIGEAR.S R.AQTEKLDQIIFAGWTHEPAETLAAALVR.I R.RIGTIALDVTTPDSGYSNLAPR.L R.IGTIALDVTTPDSGYSNLAPR.L K.GQDFHGLGEIYSATPDNIAAVTENAR.K R.FKQTEQFAAYLASK.G K.QISLDFPAGTTEAASQLASR.F R.NIQSTTNVSTEEVDLIVK.Q R.IANNWVLPPEEQR.L R.QFSEASTAVVGGDGLWVK.G R.NQVFNLIIDEKIQEQAR.A R.DMPETAPNLEQIEQK.L R.NQVFNLIIDEK.L
YP_616514	Sala_1468	phosphoserine phosphatase SerB	29.93%	6	
YP_616516	Sala_1470	acetolactate synthase, large subunit, biosynthetic type	45.78%	24	
YP_616517	Sala_1471	acetolactate synthase, small subunit	72.67%	11	
YP_616518	Sala_1472	ketol-acid reductoisomerase	79.19%	35	
YP_616519	Sala_1473	8-amino-7-oxononanoate synthase	64.12%	16	
YP_616520	Sala_1474	dethiobiotin synthase	82.67%	12	
YP_616521	Sala_1475	adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase	26.32%	7	
YP_616522	Sala_1476	PpiC-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	46.64%	16	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616523	Sala_1477	4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase	55.46%	10	R.AADITIDENVVNEQFAR.L K.IIQALQAGGSFAAYAR.Q K.QTPEQFAAYLASK.G R.TIAGGCAADAVAEIQLGASVWSR.D R.KIIQALQAGGSFAAYAR.Q R.IANNVLEPPEEQRLR.N K.GQDFHLGELYSATPDNIAAVTENARK.I R.NQASAAALVTSVSK.H R.EQGLTVDPVAADALFAPGIR.D R.TSPDHGTAFNIAJGTR.A R.IALAGLNPHAGESGQLGDEELR.V K.HALHGIGYTHPGQTEFIAER.C R.VVPLTVHPLSEVPER.L R.HEHDLPPVAIGDIAAVEAVWDGPIAR.V R.DRYDALLCAYHDQALAPFK.A R.ADPGPTIAAIAAAR.M K.ALHFHDSVNLTLGLPIVR.T R.VSVELETGKNG.V R.VSVELETGK.N R.LGIQAFEPVLEIGK.A R.ITLLDDASGEAAR.Y R.AIIQGGSTIASLGER.I K.IAIVPEEGDPIEYLPK.S K.EIGDVIDQVYR.H R.FATSDLNDLYR.R K.TLTEQVDEATGIAQR.V R.VANQEHLIAPR.T R.TTLEDVVDKDGHWIAPVGTLLDEATTQR.I R.TAAEEHAEAAQGEAAIGDDPLGK.V R.SFVSAASFQETTR.V K.EVWDILDEVIR.E R.VAELEFAR.I R.VPQTDEKNEYLK.R R.SLVKDFEQYQDGLITQKEK.Y R.SGEIADISEGRER.A R.IEEAEVQSK.I K.VDSLQGLKENVIVGR.L K.PSGEIIETPIISNFK.E K.EGLTVLEFYNSTHGAR.K K.DFEQQYQDGLITQKEK.Y R.SVIVTPELK.L K.SHTVPFDVNNR.L R.KGLADTALK.T R.IAEWDPTMPLITEK.Q R.VLTEASVQK.V R.SGEIADISEGR.E K.RVDYSGR.S R.KIAIVPEEGDPIEYLPK.S R.GTPVNIIEAVGVIAAQSIGEPGTQLTMR.T K.MALELFPFIYAR.L R.TFHIGGAAQVNEQSNVEAISDGTIEYR.D K.YQDLIDGK.T K.IINDKHIEVIVR.Q R.TLLENLDLEQER.T K.TANSGLTR.R R.TLLENLDLEQERTDLMEEELATTK.S R.KEVWDILDEVIR.E R.GLMAKPSGEIETPIISNFK.E R.IGLLLDMQLK.Q R.DMATIVDQR.G K.KEIGDVIDQVYR.H K.AGISFGKDDMIIPASK.E R.MLQEAVALDFDNGR.R R.MGHIELAAPVAHIWFLK.S K.ETVLFADAIMALGFR.H R.FRQNLGK.R K.YQDLIDGKTLTEQVDEATGIAQR.V K.VQGEDFTTDDVMEERPEGASEE. K.VLEVQEGDMVK.R R.VANQEHLIAPRTAAEEHAAELAQGEAAIGDDPLGK.V R.MLQEAVALDFDNGR.R R.DITGSLR.V R.IEFVKDYK.A K.RFETTPGR.M K.PAEGRPVLLGITK.A K.LPYGAQIMHK.D K.KPETINVR.T K.EVWDILDEVIREHPVLLNR.A K.VDSLQGLK.E K.EQLVDETR.S R.TDLMEEELATTK.S R.LIPAGTGAAMNR.V K.VETIDGGDTLLPGEQDLYEMMEYNAK.L K.VANAMMDEIR.A K.PSGEIIETPIISNFKGLTVLEFYNSTHGAR.K K.FQLTEDELDAQDEYGEDAFSAGIGAEAIR.T R.VTASSKDAALR.A R.VLMMSTNNILSPANGK.P K.PIIVPSQDMVLGYYLSLER.E K.ENIVIVGR.L K.DNSVIAK.I R.VRVITASSK.D R.TLLENLDLEQERTDLMEEELATTK.S R.TDLMEEELATTK.S R.SPLVCEATLGVCGK.C R.SLVKDFEQYQDGLITQKEKYNK.A R.SKKEDELQPR.I R.RIALSR.S R.MLQEAVALDFDNGR.R R.MLQEAVALDFDNGR.R R.MLIGECPLK.S R.MGHIELAAPVAHIWFLK.S R.LVDVSDQCVIEEDCGTTR.G R.IGLLLDMQLK.Q R.IFGPIKDYECLGK.Y R.IAEWDPTMPLITEK.Q R.GTPVNIIEAVGVIAAQSIGEPGTQLTMR.T R.GLMAKPSGEIETPIISNFK.E R.EHPVLLNR.A R.EGEPGEMLLADMAEVHQLHIGAVTLHSK.I R.DMATIVDQR.G K.VQGEDFTTDDVMEERPEGASEE. K.VLEVQEGDMVK.R K.NGKPAEGRPVLLGITK.A K.MALELFPFIYAR.L K.LPYGAQIMHK.D K.IGIASPER.I K.ETVLFADAIMALGFR.H K.CGVEVTVTK.V K.AIDAWSQCGDK.V R.VIEYR.A R.VSREASK.T R.VINRNNR.L R.TITGANK.R R.SWSFGEIKKPETINVR.T R.RLVDSQDCVIEEDCGTTR.G R.IPKDNSVIAK.I R.FETTPGR.M K.SKLVLEVQEGDMVK.R K.IRSPLVCEATLGVCGK.C K.IAIVPEEGDPIEYLPKSK.V K.HIEVIVR.Q K.EIGDVIDQVYRHTQKE.E K.AGISFGKDDMIIPASK.E R.VSALGPGGLTR.E R.SIGFVSLVTVQPLGGK.A R.DAEGIEELASNLK.V
YP_616526	Sala_1480	cold-shock DNA-binding domain protein	13.33%	2	
YP_616531	Sala_1485	DNA-directed RNA polymerase, subunit beta-prime	74.35%	115	
YP_616532	Sala_1486	DNA-directed RNA polymerase, beta subunit	85.27%	142	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.ATFSSLKDLLVGGQATSAPVK.G R.AGDIADGSPSTELGELALGK.N K.QLVSAASLIPFLNDDANR.A K.DGLDTLLIPTEIFGR.Y R.SVGELLENQYR.V R.SRDAEGIIELASNLK.V R.RGGVIDQVDATR.I R.LGLDAEDVTTLR.S R.SDPISIGYVSGLEK.T R.I.LPVEDMPFLEDGTPVDIVLNPLGVPSR.M R.GSKPAFDVVDK.T K.TGEVFAAGHK.I R.LKQDADDER.A K.VGVFATPVFDGAK.E K.LAVVDDKAQTALAEIK.A K.HTYAQANADLNPDGSDDELISAR.E R.HGIDKDER.A R.DSGAAIAAR.R R.ETAELFAGLFFDPERYDLSAVGR.V R.DFAGTAEALDFVHYELEAPK.Y K.GDDTFAAGIPESFNVLK.E R.SEDLAVVK.E R.NLDEAGIYVYGAEVGPGDILAGK.I R.LPPGVSGTVVEVR.V R.GDELAPVVK.M R.ETAELFAGLFFDPER.Y R.EFFGSSQLSQFMDQTNPLSEVTHK.R K.LVLLDIDHNTGPIWR.N K.DLLVGGQATSAPVK.G R.SPGVLFHDR.G R.MNVGQILETHLGWASR.G R.EKLEHVYGAEVYEDIR.S K.SVGGALEATATK.I K.SVGGALEATATK.R K.LQKQDELAPVVK.M K.LEHVYGAEVYEDIR.S K.EADVSNMLTAGLDESGQSDLYDGR.T K.AEDRDQALSIDIYR.V R.DTSLRLPPGVSGTVVEVR.V R.AEAPVGTGMEETVAR.D K.KGDIVTEEMLVGLDR.A R.LGLDAEDVTTLRSEDILAVVK.E R.AIAIEREIER.L K.YGFIETPYR.R R.LIVFEVSDTDR.S R.GSWLDFEADK.D K.LDAAGIDKLLLDIDHNTGPIWR.N K.AQYDDAIK.I R.IVKDDVFTSIHIEEFVTAR.D R.GGVLDQVDATR.I R.EQITLMDVSPK.Q K.LHHLVDDKIHAR.S K.DGKGEIDIDNLGNR.R R.TGDKFDR.K R.YSAYDLINESTGEIYIAGDEVAENLEK.L K.VYEIVKGGDTFAAGIPESFNVLK.E R.SPGVLFHDRGK.T R.DANPDATGGEMPEAVR.E K.VTNEVYLSAMEESK.H K.AAKDGLDTLLIPTEIFGR.Y R.YDLSAVGR.V K.VPFVENVWR.G K.LFGNIHEAVEMPNLIEVQR.E R.SVFFIRDFAGTAEALDFVHYELEAPK.Y R.MSSVDSVTVMPNDLINAKPAVAARV.E R.EFFGSSQLSQFMDQTNPLSEVTHKR.R K.VTVGYIYMLK.L K.GDIVTEEMLVGLDR.A R.RVLSALGPGGLTR.E R.GLGGQVTR.A R.EAGEFLMAPR.E R.LDQALSIDIYR.V R.ATDMVEPGK.S R.DIPNVGEEALR.N R.KLFGNIHEAVEMPNLIEVQR.E K.LHHLVDDK.I R.TKYVEIVK.G K.LDAAGIDK.L K.GEIDDIDNLGNR.R K.DIVNVR.I R.KVTGVYIYMLK.L R.KLQGDGK.M K.YEDRVEK.L K.SSVDIYR.LL K.PAFDVVDK.T R.YSAYDLINESTGEIYIAGDEVAENLEK.LDAAGIDK.L R.TKYVEIVKGGDTFAAGIPESFNVLK.E R.SVLDIKEQVYMGDPLMTENGTFVNGTER.V R.SNQTICINQR.P R.SNQTICINQR.P R.MNVGQILETHLGWASR.G R.KLFGNIHEAVEMPNLIEVQR.E R.I.LPVEDMPFLEDGTPVDIVLNPLGVPSR.M R.ICPIETPEGPNIGLINSLATFAR.V R.HGNKGVISR.I R.GITTAAPK.V R.EFFGSSQLSQFMDQTNPLSEVTHK.R R.DVHPHYGR.I R.DANPDATGGEMPEAVR.E R.ATDMVEPGKSGVDIYR.L R.ALEEWDRDANPDATGGEMPEAVR.E R.ALEEWDRDANPDATGGEMPEAVR.E R.AEAPVGTGMEETVAR.D K.YGFIETPYR.R K.VTVGYIYMLK.L K.VTNEVYLSAMEESK.H K.LPVTSLYALGMTGEEILNHFYDR.L K.LFGNIHEAVEMPNLIEVQR.E K.ELVNLKDKGGEIDDIDNLGNR.V K.ELVNLKDKGGEIDDIDNLGNR.R K.ELVNLKDKG.G K.EADVSNMLTAGLDESGQSDLYDGR.T K.ADKAEDRDQALSIDIYR.V R.SIGPYSVLTQQPLGGKAQFGGQR.F R.MSSVDSVTVMPNDLINAKPAVAARV.E R.MSSVDSVTVMPNDLINAK.P R.LQKFOR.S R.LGPEITRIDIPNVGEEALR.N R.LGPEITR.D R.LANKAAK.D R.KVTGVYIYMLK.L R.KLPVTSLLYALGMTGEEILNHFYDR.L R.GSWLDFEADKDIVNVR.I R.FGEMEWALQAYGAAYTLQEMLVK.S R.ESYEQFLR.S R.EFFGSSQLSQFMDQTNPLSEVTHKR.R R.EAGEFLMAPR.E R.DIPNVGEEALRNLDEAGIYVYGAEVGPGDILAGK.I R.AENGWVVPFVENVWR.G K.VYEIVK.G K.SDDVIGR.T K.NVLVAFMPWNGYNYEDSILISER.I K.LPVTSLYALGMTGEEILNHFYDR.L K.LAVVDDKAQTALAEIKAQYDDAIK.R.I K.KGDIVTEEMLVGLDR.A K.EQDVYMGDPLMTENGTFVNGTER.V K.ELVNLK.D

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616535	Sala_1489	hypothetical protein	16.11%	2	K.DGKGEIDIDNLGNRR.V K.ASDVRDTSRL.L R.ELIIGDIEQDSALLASEDNDFLR.M K.ANPVGEIWL.R.S R.NILGNVISDAVDAASK.A R.GEEVGATANWSETRPNVSGSSTVASINDER.G R.ITLADPIELPFVETEA.A R.DGGYQLALPPVDISYGDVLR.L K.VRDETASILDR.I K.FLTVLSEMAR.E R.FYDLTKDDPVCINCIGYSWIPESVLK.S K.DDPVCINCIGYSWIPESVLK.S K.SAILLAGLNTGPVTEVIEVPTR.D K.APVTVDDIAPVATSPFNFEALLAGLQQ. K.GIEVDPAVAPSMIDIEFVLFVAATLAEGR.T R.IHGVGVGGLQPR.G R.GALDMGNSGTSTR.L R.VIDPLTQMADISASPGAR.G R.VEESQDGLVIDGTGGDPLAGGATIAGHLDR.I R.AGLVEVLK.A R.RDDGEWR.I R.VAGLLEGHDLATAAAMR.A R.TVTGTLDELKVESDR.L R.TVTTGLDEL.V R.GLAPAIPLSYR.L R.GALDMGNSGTSTR.L R.LLMGLVASHPIATFVGDASLSGR.P R.EIGGEPVADLR.V R.QLADHGLPLVDIGLLYR.A R.AVGYQTLNHGDPDR.A R.YESTGGLASR.V R.QVDFANQGGAVLDGR.D R.DIGTVIAPHADAK.I K.IFVITATPEER.A R.GIDVTYDVALADIHAR.D R.EAALAAIAFVERR.L.E R.AADAMLLDNTNIDREALAAIAFVER.R R.SGLIQLLEEGQIEGAVK.N R.DVGLMDLPQPFQILK.M R.WNHPSIENIGDITVK.V K.GTVAIENDLAVIDIGLK.S K.QAQSNPWGAFEAHPVSGVIEGEVK.N K.EAVAQYSSDSGASLDILGEALK.A K.QLESDPWEVAAK.Y K.FDAMVVGFR.S R.DNGLVQAGESVGTGFKR K.GGFTVDLGGAVAFPLPSQVDIRPVR.D K.AMQIAEKEAVAQYSSDSGASLDILGEALK.A K.GAPAVGGGMAAGSLK.K R.DNGLVQAGESVGTGFKR.A K.NDVVTVSVLEVR.D K.VGDEVYVDRVENANGETMLSR.D K.KNDVTVSVLEVR.D R.EAAWDRLEEFNK.E R.DDFAAMLDESLLGGADGGFGR.V K.NITDYGAFVDLGGIDGLLHVTMSYK.R K.GAPAVGGGMAAGSLK.K R.RGNIVVSR.R K.RVNHPSIENIGDITVK.V R.VENANGETMLSR.D K.NITDYGAFVDLGGIDGLLHVTMSYK.R R.VEGVIFGR.V R.RAILEETR.A K.VGDEVYVDR.V K.IVSTISQEVIVLVEVSDK.R K.GTVAIENDLAVIDIGLKSEGR.V K.AMQIAEKE.E R.LEEFNKEAR.V K.LSGTVTNITDYGAFVELEPGIEGLVHSEMWWK.K K.LSGTVTNITDYGAFVELEPGIEGLVHSEMWWK.N K.KPNFSVK.A R.VKGGFTVDLGGAVAFPLPSQVDIRPVR.D R.VENANGETMLSR.D R.KGETVQVVLDVVEKER.I R.EAAWDRLEEFNKEAR.V R.DVGLMDLPQPFQILK.M R.DDFAAMLDESLLGGADGGFGR.V R.AILEETRAEQR.S K.NDVVTVSVLEVRDNGLEVQAGESVGTGFKR K.GGFTVDLGGAVAFPLPSQVDIR.P K.GAPAVGGGMAAGSLK.K K.GAPAVGGGMAAGSLK.K K.FDAMVVGFR.S K.AMQIAEKEAVAQYSSDSGASLDILGEALK.A K.AMQIAEKE.E R.YQVQKFDAMVVGFR.S R.VKGGFTVDLGGAVAFPLPSQVDIR.P R.AILEETRAEQR.S R.INRDTQR.I R.GNIVSRR.A R.EFAMPQK.A K.NITDYGAFVDLGGIDGLLHVTMSYK.R K.NITDYGAFVDLGGIDGLLHVTMSYK.R R.IVDTFDSIVDQLATGGR.V K.IANENSDLRVEEVER.I R.TGAIVEK.A K.IANENSDLR.V R.AIYLFEMAR.F R.TVTLFNPVYVLSGFR.W K.NPAYIEQLLR.D K.QSSLEDIFVGLVR.E K.LELAGDGHLYVFEFDSQAEATGVPSLLR.R K.TLTLNLAELPDAVPPELADWK.L K.GQILVVEK.H K.ALSHEPEILFLDEPTAGVDVLR.R.D K.SGHIALSNVDLEINKGEIFALLGPNAGK.T R.SMIGLVPQELHTDAFETVLTATVSPSR.G R.GVTIILTHYIEEAEEMADR.V R.DMVAWVHGLR.E R.LVDPVPVGLFGLAFVR.A R.LVEAFGLTEWQQVTLRPLLYTR.D R.FSTLPYVASNIGR.S R.DGGPAPLLPAWADYDEASR.L R.LSVQPALLELLAQPSMAIVNR.G R.EAQQLIDQATINIDAGQR.A R.AEGNPDALDARPSISK.T R.QLLVDEDEFAR.T R.IVVLTFGASIATAVEAIK.L R.GAGFWLTLPTPR.F R.HDRETLIQVTER.G R.DFDIJAATVAIEGAR.T K.FELAEESGDPWGR.T K.SLPAGEFDQWVAATR.A R.TGPKPVAEVKPLDVQWALDWK.W R.ASAEGDLSR.N R.YDKPQIVPLLPEDPGIDLAAALNLENFAGGR.A R.VSIAFGNAALDVTDWGAAPIGK.L R.DFSGTLFPAWPAATAASPIAALPFIYGLR.Y R.SPQAISDPATER.R K.VGQLIQADISAITPK.D R.SYEGVAADPQLVAQYK.A R.PLFTNPEINAADAFVAAWLPGSQGAGVAVLVR.R R.ADPSTIGAPDHLAVAR.E K.GLVASTLEQAK.S R.QALGFPTAAPAGPADETVASVFN. K.GAEAVWSELLAR.S R.RDPSHPAPFFAGLALAQGGDLK.G
YP_616536	Sala_1490	hypothetical protein	25.95%	2	
YP_616537	Sala_1491	transcriptional regulator, BadM/Rrf2 family	41.50%	4	
YP_616538	Sala_1492	hypothetical protein	24.07%	2	
YP_616539	Sala_1493	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase	56.05%	16	
YP_616540	Sala_1494	cytidylate kinase	67.46%	9	
YP_616541	Sala_1495	ribosomal protein S1	84.39%	56	
YP_616542	Sala_1496	histone-like DNA-binding protein	44.57%	4	
YP_616543	Sala_1497	ABC-2	9.80%	2	
YP_616544	Sala_1498	ABC transporter related	60.32%	10	
YP_616546	Sala_1500	extracellular solute-binding protein, family 5	22.36%	6	
YP_616548	Sala_1502	response regulator receiver protein	27.12%	3	
YP_616550	Sala_1504	Surfeit locus 1	11.59%	2	
YP_616553	Sala_1507	Cytochrome-c oxidase	4.32%	2	
YP_616554	Sala_1508	ubiquinol oxidase, subunit II	11.74%	3	
YP_616557	Sala_1511	Beta-glucosidase	23.00%	9	
YP_616559	Sala_1513	cytochrome c biogenesis factor	33.04%	5	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616561	Sala_1515	Thioredoxin-like protein	27.84%	3	R.DPSHPAPFFAGLALAQGGDLK.G R.FGPAQWLGMSDFGAR.T R.EQIQGVVLADQPELVAK.I R.DRPEDVAFLNEYGNPFR.I K.AAGVPIDGAIK.D K.LKVPVAVAGGANNQALATLDGQR.I R.VAIQVGVSGGGVAR.R K.LTLADVNLAR.A K.HVSGLPVASEAGGDPGPFALGVYLK.A R.LAEIWAESK.A K.ASGTFAVSVADR.M R.AVDSLGGAVYTAEDVITDADMVEISR.Q R.AAAITDALR.L R.GIVYAPDYVINAGGIINVALEYLGGQSQVEESR.I R.ASGLTAVIAVHSTYLGPGAGGVR.Y K.RPELLAAR.GR.A K.GVILADEGQEKPELLAAR.FR.A K.GVILADEGQEK.R K.LHDLTGIFLAPLELQGR.Y R.ERPWPWAAGELE. R.FLDAETCAALIDLIDSDARPSTIADANGDAAFR.T R.TSSTCDLDRHLPVIAVNNK.L K.AEDIQTSIGINLSPQYDYSNR.T R.FLGYQVSNTRV.A R.GIKAEDIQTSIGINLSPQYDYSNR.T R.VSNTLTLNFQYR.L R.SRPDQATVAGVITTTAPTAVEAMR.A R.AAELVSIQEGGAGQPPMPYAR.M K.AEDIQTSIGINLSPQYDYSNRDGGPPR.F K.DPDAQLVGR.G K.IDDIGPLLDALVAAGGTNIEGPFWAMK.D R.SRPDQATVAGVITTTAPTAVEAMR.A R.ATTGKIDDIGPLLDALVAAGGTNIEGPFWAMK.D R.AAELVSIQEGGAGQPPMPYAR.M K.IDDIGPLLDALVAAGGTNIEGPFWAMKDPDAQLVGR.G R.MEIAADK.S R.ANAAMDR.L K.SAAAEESTPPPPR.A K.EFLFDPGVVEASVGLSGGER.S R.IEIEIEAIEADIEAELSDGALFTR.D K.EIGFGFEWTEAVVAEEAR.A R.VRDLVADGGDWVEVR.G R.ALAQNPVLLDEPTNHLDAIDWLESWLAR.Y K.LLTGELQPDGSGSITLAPTLGIIIDQQR.S K.LGLANDDVR.S R.LAAAGALLDLR.A R.TRPAAELVAER.L R.VVIVDPLDGR.E R.LGAELVAMGSAGAK.A R.YNNADTYLPDLICR.K R.PGDALLEEEKDNVAR.C R.AARPGDALLEEEKDNVAR.C R.LGAEIVAMGSAGAK.A R.GFAGQLASGTVKPGDPVRI K.LATQSVATVQTPK.Y R.IDTTAMSPAAADLIVEHLLG. R.AFASEIGITGFTAIPIISGFR.G K.NFTGIDSPYEAPEPTEIR.I R.VGTQSQEIDFALLVGLAAER.E R.AQNHVWQASDISR.E K.FIVADTPGHEQYTR.N K.YEINVNTLHLAAK.T K.NQKALLWFTGLSGSGK.S R.TLGGFILD.L K.GPTLIEHLETVIEIAAAAEAKPFR.M R.RAQNHVWQASDISR.E R.HSFLAHLIGK.H K.DLGFTEADRIENIR.R R.KGVLTQR.R R.HSFLLDGDNVR.H K.MIFEDQLAALAEASK.R R.MIFEDQLAALAEASK.R R.GDVIAAANPPEAADRFEATLVWMADEAMIPGR.A R.GDNITALSK.N K.LTNATVAAGMLHFSLR.R R.FITCGSVDDGK.S K.TLELNGVIVELSTDKPIVFEAYGDN.R K.HIVLAWNK.M R.RVGEVAKL R.NMVTGASTADLAVILDAR.K R.IDTTAMSPAAADLIVEHLLG. R.FITCGSVDDGKSTLIGR.L K.STIANVEKK.L K.LMTDAGLVITAFISPRF.A K.QRPELWNLNAR.K K.QALDLHGDFVAFGGAR.R K.TLSEVIQEMLLTTTSSER.Q R.IIDKSGDASMEK.K R.VFPIHNTWELDIQYIAR.E R.ENIPVPIVFAAPR.P K.AFPSPPPFLLHVDTTWK.F R.KAFYSPPPFLLHVDTTWK.F K.DSVMHLAR.K R.EVMADAAPVMLYSVGK.D K.TEGLKQALDLHGDFVAFGGAR.R R.TLGCYPLTGAIVESAK.T R.IIDKSGDASMEK.K R.DGLLLMDDDRFPLRPEVPTLR.S R.MAAESGMELIVHQNPEAK.A K.TLSEVIQEMLLTTTSSER.Q R.ELGLIADPAWALPDVAPR.L R.TGEQAAELK.L R.FDAAGAILLASESAVK.V K.VAGEAIQALGGAGYK.D R.FADEQIAPLAR.A R.ATPFDFFALGETADMIR.E R.SIPLFLQNISGFMVGGK.Y K.LVTAVATATVPK.I R.YDAEDLYGIIPQDVR.A R.APYDVHEVIAR.L R.VAEALGGNEK.S R.LWDDGIIDPAQTR.D K.TNSFLIAALDHPDFVAGTVDTGLIGR.D R.TVAVYSDADAK.A R.EAASFGNDHVLIEK.Y R.ELLESEMLEDIAWPK.T R.QADEAVHIGSPAR.E R.LYAEPAKFLPSTGTLELQPEHIGR.I R.LQVEHPVTEITGVDLVEWQLR.V R.IDTGVYEGAEVSPFYDPMIAK.V R.AEGSASGAAGDAILSPMPGK.I R.AAEGYVPLKAVAGGGGKMRK.V R.MIQSLLIANR.G K.YILTPRHIEVQIFGDTHGNVHLFER.D K.VIEEAPAPGMDEATR.A K.IIAVEVAAAGDITVAK.G K.GFLPSTGTLELQPEHIGR.I K.AVDYVAGTIEFIADASEGLR.A R.SETADDASLPAILLIATETPAAILTIGSYR.E K.AEGAPSIQQLDITLR.S R.AQAIVDFAANPGAGVQVLDGK.M R.DGFTGMMAIHPSQVEPINAFTPSAEEAAR.A R.LLGLTWGAEDLPAIAGTTSR.E K.DADGLAAYAR.A K.AAASGADAILDLEDVSPANK.D R.ALTFAAHAAGVAIDTVFAIKDADGLAAYAR.A K.AAASGADAILDLEDVSPANKDAAR.H
YP_616567	Sala_1521	Glu/Leu/Phe/Val dehydrogenase, dimerisation region	60.46%	13	
YP_616568	Sala_1522	2OG-Fe(II) oxygenase	38.53%	4	
YP_616569	Sala_1523	protein of unknown function DUF541	79.15%	15	
YP_616570	Sala_1524	ABC transporter related	27.15%	8	
YP_616571	Sala_1525	inositol monophosphatase	34.27%	8	
YP_616572	Sala_1526	Sulfate adenylyltransferase, large subunit	67.77%	31	
YP_616573	Sala_1527	Sulfate adenylyltransferase, small subunit	66.11%	16	
YP_616574	Sala_1528	transcriptional regulator, LysR family	9.67%	2	
YP_616575	Sala_1529	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	15.68%	4	
YP_616578	Sala_1532	Propionyl-CoA carboxylase	15.04%	6	
YP_616579	Sala_1533	Carbamoyl-phosphate synthase L chain, ATP-binding	46.41%	16	
YP_616581	Sala_1535	Citryl-CoA lyase	74.20%	12	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616583	Sala_1537	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	54.50%	25	R.YTQPYEVAR.A R.SLLFPVGDPER.F R.HVAEVLSTGR.E R.QADDVLSLTPVK.G K.IFSSGHEHLDIINIIHLVLA.K.T R.LGVGIQLGQADIAFQNAVAYAQDRR.Q R.MAANQAFAMYPGLTQAATAAAILVK.G K.TPDAPDSVK.G K.FLVEDGSLGER.N R.LGVGIQLGQADIAFQNAVAYAQDRR.R R.HDDGSVITPK.G R.KIEAGSETMMALTEPFQFAA. R.ITMIYEGANGVQAMDVLR.K K.DKPALADFAGR.L K.ADPLFVHPDVR.R K.GLAAMFVHMNAAR.L R.GAKDFLDAAK.I R.ALTGPKDPOEK.A R.NALQCGSIEHK.M R.MAANQAFAMYPGLTQAATAAAILVK.G R.MAANQAFAMYPGLTQAATAAAILVK.G R.FLPDAGSLR.R R.ALCWGLQVLDLVAHVAETEER.Q R.AIQTLFAIVDAECAAAK.D R.AVFNPDGYSVITGK.I R.AIQTLFAIVDAECAAAK.D.P K.GYTDKGYEVATNAQVFGHGHIIEHGMQSYVR.D K.ANGELK.A R.EQSTLDLSTEFQVTA.R R.RQDDIDSVADELSR.F R.DDIDSVADELSR.F R.RVEADGGLTLADDAQG. R.KGETSGNGLTVEMR.V R.ENPVDADLVIPVDSGTAAIYAQESGIPFELGIIR.S R.IVLDSDIVR.G K.LGDHILASETVLDVVGAEFLR.S R.YSTTGETALR.N R.GSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.GQEAAGITAFDGKEFHTR.A R.SVEPSELLIII.D R.QLDGSAVGHVR.Y R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.K R.RGSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.KAIGAELAR.E R.DAGAAEVHMR.I R.TFIQPDKVR.H R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.L R.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.GIGAAIAESLAAR.G R.SEELAGQIALVTGASR.G R.TAGGLELEDR.I R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.R R.TAGGLELEDR.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.LALSTSVAR.T R.AYFGEDPQSIKEPAVGEVADLMVQGFDFSTAFHALPK.V R.TAILEDGPTR.T R.AYWGAYAASK.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N R.WQHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGKEFN.R.T R.WQLHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGK.E R.GAHVITAR.T R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N K.TGETNLIQVLSATGK.T K.SFTSTLVGAANK.D K.LIVASHNGHWPTADPEGVGAAR.E R.NAGLIIVQDGK.I K.GSAYDDVSVR.Q R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q K.SLDDKVAAYIPGLK.G K.SDVAGFMQLKPVAGEDITVSYMK.G K.DLNVFWITQQR.D K.WNEDYTDPK.S K.AVQAADVREAK. R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q R.FGQFLNGGVAGSVNLPDDWLASATTK.Q K.YALGHDAAGR.W K.TLSQKLEK.I R.GYGYQWNTNDDGSFAAQIFGQGFIDPK.R K.VAAYIPGLK.G R.VGTTSPSTPYGSVDRPAQPAALFAGAGAR.F R.TTLTKDWETDQEV.R.W R.SVAHMLVEMR.F K.TVEVGDWQAGVIVHDVTNR.S K.TADLQSLK.K K.GJALDAEALHLK.T R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q K.KGQWTVTEK.G R.FPYMETYGFHTIHR.A R.APAFATGLK.L R.GFDVSKELPNVLA.A K.LANPQLDIWITGDGDLGSLGIGNHTMHLIRR.N K.DVFDFAAPK.G R.VGTTSPSTPYGSVDR.P R.TMPEIGTAPENTVFSGIGCSSR.F R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G K.HGEMPLYAK.G K.GQWTVTEK.G K.LNISQLTLDVAVKPGFLGNK.E K.VSQPFTIAEIEAAIEEALK. R.TLTAEGALGLVAGQALR.L K.VPDLTYEAFVPEFLTEVEGGFKPYGR.D K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDR.N K.APDLAANVAALNAGHAYGETAELAGPLK.Q K.LAVVWGSTFGPIHQAVR.R R.HIWRPANLGAALK.S K.AKYDANLDDGSLAK.W K.YDANPLDDGSLAK.W K.GEAMGLAIMEPLVIVNSQR.G R.DQYLVDARPNK.V K.VPDQIVELGAEGK.L K.TEQSDLYQAVYGR.N K.QHIVDPAPEGLYR.T R.IAVQYMTVMMLTDGYIANAEPWK.V R.GGPSTGLPK.T R.DRQQLIDWLNK.F K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.A R.NGDAMPVIAAR.S K.IDGKIPDQIVELGAEGK.L R.LPMFFGGYPTPASALHLSLR.L R.PWVRPGTPLLHR.I R.GGPSTGLPKTEQSDLYQAVYGR.N R.APQGTLVGSAFQINFGSAIDTAGDAPDVLVAMNPAALK.T K.SYDKVIVPEMNTGQLK.T K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.K R.SPQATECAEAECR.I R.PGTPGLLHR.I K.TVLRDQYLVDARPNK.V K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDRNLAK.A R.QSPLSDAVVR.F R.QLDMPVIAVDYR.L R.LAFEPHFAPEDECAATR.W R.GEIAHVEDR.T R.DFEGHLLK.G R.DDWQSYRDFEGHLLK.G
YP_616584	Sala_1538	transcriptional regulator, MerR family	20.26%	3	R.EQSTLDLSTEFQVTA.R R.RQDDIDSVADELSR.F R.DDIDSVADELSR.F R.RVEADGGLTLADDAQG. R.KGETSGNGLTVEMR.V R.ENPVDADLVIPVDSGTAAIYAQESGIPFELGIIR.S R.IVLDSDIVR.G K.LGDHILASETVLDVVGAEFLR.S R.YSTTGETALR.N R.GSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.GQEAAGITAFDGKEFHTR.A R.SVEPSELLIII.D R.QLDGSAVGHVR.Y R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.K R.RGSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.KAIGAELAR.E R.DAGAAEVHMR.I R.TFIQPDKVR.H R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.L R.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.GIGAAIAESLAAR.G R.SEELAGQIALVTGASR.G R.TAGGLELEDR.I R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.R R.TAGGLELEDR.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.LALSTSVAR.T R.AYFGEDPQSIKEPAVGEVADLMVQGFDFSTAFHALPK.V R.TAILEDGPTR.T R.AYWGAYAASK.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N R.WQHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGKEFN.R.T R.WQLHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGK.E R.GAHVITAR.T R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N K.TGETNLIQVLSATGK.T K.SFTSTLVGAANK.D K.LIVASHNGHWPTADPEGVGAAR.E R.NAGLIIVQDGK.I K.GSAYDDVSVR.Q R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q K.SLDDKVAAYIPGLK.G K.SDVAGFMQLKPVAGEDITVSYMK.G K.DLNVFWITQQR.D K.WNEDYTDPK.S K.AVQAADVREAK. R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q R.FGQFLNGGVAGSVNLPDDWLASATTK.Q K.YALGHDAAGR.W K.TLSQKLEK.I R.GYGYQWNTNDDGSFAAQIFGQGFIDPK.R K.VAAYIPGLK.G R.VGTTSPSTPYGSVDRPAQPAALFAGAGAR.F R.TTLTKDWETDQEV.R.W R.SVAHMLVEMR.F K.TVEVGDWQAGVIVHDVTNR.S K.TADLQSLK.K K.GJALDAEALHLK.T R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q K.KGQWTVTEK.G R.FPYMETYGFHTIHR.A R.APAFATGLK.L R.GFDVSKELPNVLA.A K.LANPQLDIWITGDGDLGSLGIGNHTMHLIRR.N K.DVFDFAAPK.G R.VGTTSPSTPYGSVDR.P R.TMPEIGTAPENTVFSGIGCSSR.F R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G K.HGEMPLYAK.G K.GQWTVTEK.G K.LNISQLTLDVAVKPGFLGNK.E K.VSQPFTIAEIEAAIEEALK. R.TLTAEGALGLVAGQALR.L K.VPDLTYEAFVPEFLTEVEGGFKPYGR.D K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDR.N K.APDLAANVAALNAGHAYGETAELAGPLK.Q K.LAVVWGSTFGPIHQAVR.R R.HIWRPANLGAALK.S K.AKYDANLDDGSLAK.W K.YDANPLDDGSLAK.W K.GEAMGLAIMEPLVIVNSQR.G R.DQYLVDARPNK.V K.VPDQIVELGAEGK.L K.TEQSDLYQAVYGR.N K.QHIVDPAPEGLYR.T R.IAVQYMTVMMLTDGYIANAEPWK.V R.GGPSTGLPK.T R.DRQQLIDWLNK.F K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.A R.NGDAMPVIAAR.S K.IDGKIPDQIVELGAEGK.L R.LPMFFGGYPTPASALHLSLR.L R.PWVRPGTPLLHR.I R.GGPSTGLPKTEQSDLYQAVYGR.N R.APQGTLVGSAFQINFGSAIDTAGDAPDVLVAMNPAALK.T K.SYDKVIVPEMNTGQLK.T K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.K R.SPQATECAEAECR.I R.PGTPGLLHR.I K.TVLRDQYLVDARPNK.V K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDRNLAK.A R.QSPLSDAVVR.F R.QLDMPVIAVDYR.L R.LAFEPHFAPEDECAATR.W R.GEIAHVEDR.T R.DFEGHLLK.G R.DDWQSYRDFEGHLLK.G
YP_616586	Sala_1540	Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase	25.40%	2	R.EQSTLDLSTEFQVTA.R R.RQDDIDSVADELSR.F R.DDIDSVADELSR.F R.RVEADGGLTLADDAQG. R.KGETSGNGLTVEMR.V R.ENPVDADLVIPVDSGTAAIYAQESGIPFELGIIR.S R.IVLDSDIVR.G K.LGDHILASETVLDVVGAEFLR.S R.YSTTGETALR.N R.GSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.GQEAAGITAFDGKEFHTR.A R.SVEPSELLIII.D R.QLDGSAVGHVR.Y R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.K R.RGSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.KAIGAELAR.E R.DAGAAEVHMR.I R.TFIQPDKVR.H R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.L R.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.GIGAAIAESLAAR.G R.SEELAGQIALVTGASR.G R.TAGGLELEDR.I R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.R R.TAGGLELEDR.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.LALSTSVAR.T R.AYFGEDPQSIKEPAVGEVADLMVQGFDFSTAFHALPK.V R.TAILEDGPTR.T R.AYWGAYAASK.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N R.WQHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGKEFN.R.T R.WQLHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGK.E R.GAHVITAR.T R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N K.TGETNLIQVLSATGK.T K.SFTSTLVGAANK.D K.LIVASHNGHWPTADPEGVGAAR.E R.NAGLIIVQDGK.I K.GSAYDDVSVR.Q R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q K.SLDDKVAAYIPGLK.G K.SDVAGFMQLKPVAGEDITVSYMK.G K.DLNVFWITQQR.D K.WNEDYTDPK.S K.AVQAADVREAK. R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q R.FGQFLNGGVAGSVNLPDDWLASATTK.Q K.YALGHDAAGR.W K.TLSQKLEK.I R.GYGYQWNTNDDGSFAAQIFGQGFIDPK.R K.VAAYIPGLK.G R.VGTTSPSTPYGSVDRPAQPAALFAGAGAR.F R.TTLTKDWETDQEV.R.W R.SVAHMLVEMR.F K.TVEVGDWQAGVIVHDVTNR.S K.TADLQSLK.K K.GJALDAEALHLK.T R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q K.KGQWTVTEK.G R.FPYMETYGFHTIHR.A R.APAFATGLK.L R.GFDVSKELPNVLA.A K.LANPQLDIWITGDGDLGSLGIGNHTMHLIRR.N K.DVFDFAAPK.G R.VGTTSPSTPYGSVDR.P R.TMPEIGTAPENTVFSGIGCSSR.F R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G K.HGEMPLYAK.G K.GQWTVTEK.G K.LNISQLTLDVAVKPGFLGNK.E K.VSQPFTIAEIEAAIEEALK. R.TLTAEGALGLVAGQALR.L K.VPDLTYEAFVPEFLTEVEGGFKPYGR.D K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDR.N K.APDLAANVAALNAGHAYGETAELAGPLK.Q K.LAVVWGSTFGPIHQAVR.R R.HIWRPANLGAALK.S K.AKYDANLDDGSLAK.W K.YDANPLDDGSLAK.W K.GEAMGLAIMEPLVIVNSQR.G R.DQYLVDARPNK.V K.VPDQIVELGAEGK.L K.TEQSDLYQAVYGR.N K.QHIVDPAPEGLYR.T R.IAVQYMTVMMLTDGYIANAEPWK.V R.GGPSTGLPK.T R.DRQQLIDWLNK.F K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.A R.NGDAMPVIAAR.S K.IDGKIPDQIVELGAEGK.L R.LPMFFGGYPTPASALHLSLR.L R.PWVRPGTPLLHR.I R.GGPSTGLPKTEQSDLYQAVYGR.N R.APQGTLVGSAFQINFGSAIDTAGDAPDVLVAMNPAALK.T K.SYDKVIVPEMNTGQLK.T K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.K R.SPQATECAEAECR.I R.PGTPGLLHR.I K.TVLRDQYLVDARPNK.V K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDRNLAK.A R.QSPLSDAVVR.F R.QLDMPVIAVDYR.L R.LAFEPHFAPEDECAATR.W R.GEIAHVEDR.T R.DFEGHLLK.G R.DDWQSYRDFEGHLLK.G
YP_616587	Sala_1541	amidophosphoribosyltransferase	40.84%	14	R.EQSTLDLSTEFQVTA.R R.RQDDIDSVADELSR.F R.DDIDSVADELSR.F R.RVEADGGLTLADDAQG. R.KGETSGNGLTVEMR.V R.ENPVDADLVIPVDSGTAAIYAQESGIPFELGIIR.S R.IVLDSDIVR.G K.LGDHILASETVLDVVGAEFLR.S R.YSTTGETALR.N R.GSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.GQEAAGITAFDGKEFHTR.A R.SVEPSELLIII.D R.QLDGSAVGHVR.Y R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.K R.RGSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.KAIGAELAR.E R.DAGAAEVHMR.I R.TFIQPDKVR.H R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.L R.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.GIGAAIAESLAAR.G R.SEELAGQIALVTGASR.G R.TAGGLELEDR.I R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.R R.TAGGLELEDR.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.LALSTSVAR.T R.AYFGEDPQSIKEPAVGEVADLMVQGFDFSTAFHALPK.V R.TAILEDGPTR.T R.AYWGAYAASK.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N R.WQHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGKEFN.R.T R.WQLHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGK.E R.GAHVITAR.T R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N K.TGETNLIQVLSATGK.T K.SFTSTLVGAANK.D K.LIVASHNGHWPTADPEGVGAAR.E R.NAGLIIVQDGK.I K.GSAYDDVSVR.Q R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q K.SLDDKVAAYIPGLK.G K.SDVAGFMQLKPVAGEDITVSYMK.G K.DLNVFWITQQR.D K.WNEDYTDPK.S K.AVQAADVREAK. R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q R.FGQFLNGGVAGSVNLPDDWLASATTK.Q K.YALGHDAAGR.W K.TLSQKLEK.I R.GYGYQWNTNDDGSFAAQIFGQGFIDPK.R K.VAAYIPGLK.G R.VGTTSPSTPYGSVDRPAQPAALFAGAGAR.F R.TTLTKDWETDQEV.R.W R.SVAHMLVEMR.F K.TVEVGDWQAGVIVHDVTNR.S K.TADLQSLK.K K.GJALDAEALHLK.T R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q K.KGQWTVTEK.G R.FPYMETYGFHTIHR.A R.APAFATGLK.L R.GFDVSKELPNVLA.A K.LANPQLDIWITGDGDLGSLGIGNHTMHLIRR.N K.DVFDFAAPK.G R.VGTTSPSTPYGSVDR.P R.TMPEIGTAPENTVFSGIGCSSR.F R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G K.HGEMPLYAK.G K.GQWTVTEK.G K.LNISQLTLDVAVKPGFLGNK.E K.VSQPFTIAEIEAAIEEALK. R.TLTAEGALGLVAGQALR.L K.VPDLTYEAFVPEFLTEVEGGFKPYGR.D K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDR.N K.APDLAANVAALNAGHAYGETAELAGPLK.Q K.LAVVWGSTFGPIHQAVR.R R.HIWRPANLGAALK.S K.AKYDANLDDGSLAK.W K.YDANPLDDGSLAK.W K.GEAMGLAIMEPLVIVNSQR.G R.DQYLVDARPNK.V K.VPDQIVELGAEGK.L K.TEQSDLYQAVYGR.N K.QHIVDPAPEGLYR.T R.IAVQYMTVMMLTDGYIANAEPWK.V R.GGPSTGLPK.T R.DRQQLIDWLNK.F K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.A R.NGDAMPVIAAR.S K.IDGKIPDQIVELGAEGK.L R.LPMFFGGYPTPASALHLSLR.L R.PWVRPGTPLLHR.I R.GGPSTGLPKTEQSDLYQAVYGR.N R.APQGTLVGSAFQINFGSAIDTAGDAPDVLVAMNPAALK.T K.SYDKVIVPEMNTGQLK.T K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.K R.SPQATECAEAECR.I R.PGTPGLLHR.I K.TVLRDQYLVDARPNK.V K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDRNLAK.A R.QSPLSDAVVR.F R.QLDMPVIAVDYR.L R.LAFEPHFAPEDECAATR.W R.GEIAHVEDR.T R.DFEGHLLK.G R.DDWQSYRDFEGHLLK.G
YP_616588	Sala_1542	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	84.84%	16	R.EQSTLDLSTEFQVTA.R R.RQDDIDSVADELSR.F R.DDIDSVADELSR.F R.RVEADGGLTLADDAQG. R.KGETSGNGLTVEMR.V R.ENPVDADLVIPVDSGTAAIYAQESGIPFELGIIR.S R.IVLDSDIVR.G K.LGDHILASETVLDVVGAEFLR.S R.YSTTGETALR.N R.GSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.GQEAAGITAFDGKEFHTR.A R.SVEPSELLIII.D R.QLDGSAVGHVR.Y R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.K R.RGSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.KAIGAELAR.E R.DAGAAEVHMR.I R.TFIQPDKVR.H R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.L R.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.GIGAAIAESLAAR.G R.SEELAGQIALVTGASR.G R.TAGGLELEDR.I R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.R R.TAGGLELEDR.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.LALSTSVAR.T R.AYFGEDPQSIKEPAVGEVADLMVQGFDFSTAFHALPK.V R.TAILEDGPTR.T R.AYWGAYAASK.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N R.WQHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGKEFN.R.T R.WQLHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGK.E R.GAHVITAR.T R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N K.TGETNLIQVLSATGK.T K.SFTSTLVGAANK.D K.LIVASHNGHWPTADPEGVGAAR.E R.NAGLIIVQDGK.I K.GSAYDDVSVR.Q R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q K.SLDDKVAAYIPGLK.G K.SDVAGFMQLKPVAGEDITVSYMK.G K.DLNVFWITQQR.D K.WNEDYTDPK.S K.AVQAADVREAK. R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q R.FGQFLNGGVAGSVNLPDDWLASATTK.Q K.YALGHDAAGR.W K.TLSQKLEK.I R.GYGYQWNTNDDGSFAAQIFGQGFIDPK.R K.VAAYIPGLK.G R.VGTTSPSTPYGSVDRPAQPAALFAGAGAR.F R.TTLTKDWETDQEV.R.W R.SVAHMLVEMR.F K.TVEVGDWQAGVIVHDVTNR.S K.TADLQSLK.K K.GJALDAEALHLK.T R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q K.KGQWTVTEK.G R.FPYMETYGFHTIHR.A R.APAFATGLK.L R.GFDVSKELPNVLA.A K.LANPQLDIWITGDGDLGSLGIGNHTMHLIRR.N K.DVFDFAAPK.G R.VGTTSPSTPYGSVDR.P R.TMPEIGTAPENTVFSGIGCSSR.F R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G K.HGEMPLYAK.G K.GQWTVTEK.G K.LNISQLTLDVAVKPGFLGNK.E K.VSQPFTIAEIEAAIEEALK. R.TLTAEGALGLVAGQALR.L K.VPDLTYEAFVPEFLTEVEGGFKPYGR.D K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDR.N K.APDLAANVAALNAGHAYGETAELAGPLK.Q K.LAVVWGSTFGPIHQAVR.R R.HIWRPANLGAALK.S K.AKYDANLDDGSLAK.W K.YDANPLDDGSLAK.W K.GEAMGLAIMEPLVIVNSQR.G R.DQYLVDARPNK.V K.VPDQIVELGAEGK.L K.TEQSDLYQAVYGR.N K.QHIVDPAPEGLYR.T R.IAVQYMTVMMLTDGYIANAEPWK.V R.GGPSTGLPK.T R.DRQQLIDWLNK.F K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.A R.NGDAMPVIAAR.S K.IDGKIPDQIVELGAEGK.L R.LPMFFGGYPTPASALHLSLR.L R.PWVRPGTPLLHR.I R.GGPSTGLPKTEQSDLYQAVYGR.N R.APQGTLVGSAFQINFGSAIDTAGDAPDVLVAMNPAALK.T K.SYDKVIVPEMNTGQLK.T K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.K R.SPQATECAEAECR.I R.PGTPGLLHR.I K.TVLRDQYLVDARPNK.V K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDRNLAK.A R.QSPLSDAVVR.F R.QLDMPVIAVDYR.L R.LAFEPHFAPEDECAATR.W R.GEIAHVEDR.T R.DFEGHLLK.G R.DDWQSYRDFEGHLLK.G
YP_616590	Sala_1544	beta-lactamase	64.27%	17	R.EQSTLDLSTEFQVTA.R R.RQDDIDSVADELSR.F R.DDIDSVADELSR.F R.RVEADGGLTLADDAQG. R.KGETSGNGLTVEMR.V R.ENPVDADLVIPVDSGTAAIYAQESGIPFELGIIR.S R.IVLDSDIVR.G K.LGDHILASETVLDVVGAEFLR.S R.YSTTGETALR.N R.GSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.GQEAAGITAFDGKEFHTR.A R.SVEPSELLIII.D R.QLDGSAVGHVR.Y R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.K R.RGSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.KAIGAELAR.E R.DAGAAEVHMR.I R.TFIQPDKVR.H R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.L R.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.GIGAAIAESLAAR.G R.SEELAGQIALVTGASR.G R.TAGGLELEDR.I R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.R R.TAGGLELEDR.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.LALSTSVAR.T R.AYFGEDPQSIKEPAVGEVADLMVQGFDFSTAFHALPK.V R.TAILEDGPTR.T R.AYWGAYAASK.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N R.WQHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGKEFN.R.T R.WQLHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGK.E R.GAHVITAR.T R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N K.TGETNLIQVLSATGK.T K.SFTSTLVGAANK.D K.LIVASHNGHWPTADPEGVGAAR.E R.NAGLIIVQDGK.I K.GSAYDDVSVR.Q R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q K.SLDDKVAAYIPGLK.G K.SDVAGFMQLKPVAGEDITVSYMK.G K.DLNVFWITQQR.D K.WNEDYTDPK.S K.AVQAADVREAK. R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q R.FGQFLNGGVAGSVNLPDDWLASATTK.Q K.YALGHDAAGR.W K.TLSQKLEK.I R.GYGYQWNTNDDGSFAAQIFGQGFIDPK.R K.VAAYIPGLK.G R.VGTTSPSTPYGSVDRPAQPAALFAGAGAR.F R.TTLTKDWETDQEV.R.W R.SVAHMLVEMR.F K.TVEVGDWQAGVIVHDVTNR.S K.TADLQSLK.K K.GJALDAEALHLK.T R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q K.KGQWTVTEK.G R.FPYMETYGFHTIHR.A R.APAFATGLK.L R.GFDVSKELPNVLA.A K.LANPQLDIWITGDGDLGSLGIGNHTMHLIRR.N K.DVFDFAAPK.G R.VGTTSPSTPYGSVDR.P R.TMPEIGTAPENTVFSGIGCSSR.F R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G K.HGEMPLYAK.G K.GQWTVTEK.G K.LNISQLTLDVAVKPGFLGNK.E K.VSQPFTIAEIEAAIEEALK. R.TLTAEGALGLVAGQALR.L K.VPDLTYEAFVPEFLTEVEGGFKPYGR.D K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDR.N K.APDLAANVAALNAGHAYGETAELAGPLK.Q K.LAVVWGSTFGPIHQAVR.R R.HIWRPANLGAALK.S K.AKYDANLDDGSLAK.W K.YDANPLDDGSLAK.W K.GEAMGLAIMEPLVIVNSQR.G R.DQYLVDARPNK.V K.VPDQIVELGAEGK.L K.TEQSDLYQAVYGR.N K.QHIVDPAPEGLYR.T R.IAVQYMTVMMLTDGYIANAEPWK.V R.GGPSTGLPK.T R.DRQQLIDWLNK.F K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.A R.NGDAMPVIAAR.S K.IDGKIPDQIVELGAEGK.L R.LPMFFGGYPTPASALHLSLR.L R.PWVRPGTPLLHR.I R.GGPSTGLPKTEQSDLYQAVYGR.N R.APQGTLVGSAFQINFGSAIDTAGDAPDVLVAMNPAALK.T K.SYDKVIVPEMNTGQLK.T K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.K R.SPQATECAEAECR.I R.PGTPGLLHR.I K.TVLRDQYLVDARPNK.V K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDRNLAK.A R.QSPLSDAVVR.F R.QLDMPVIAVDYR.L R.LAFEPHFAPEDECAATR.W R.GEIAHVEDR.T R.DFEGHLLK.G R.DDWQSYRDFEGHLLK.G
YP_616593	Sala_1547	thiamine pyrophosphate enzyme-like TPP-binding	76.02%	20	R.EQSTLDLSTEFQVTA.R R.RQDDIDSVADELSR.F R.DDIDSVADELSR.F R.RVEADGGLTLADDAQG. R.KGETSGNGLTVEMR.V R.ENPVDADLVIPVDSGTAAIYAQESGIPFELGIIR.S R.IVLDSDIVR.G K.LGDHILASETVLDVVGAEFLR.S R.YSTTGETALR.N R.GSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.GQEAAGITAFDGKEFHTR.A R.SVEPSELLIII.D R.QLDGSAVGHVR.Y R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.K R.RGSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.KAIGAELAR.E R.DAGAAEVHMR.I R.TFIQPDKVR.H R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.L R.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.GIGAAIAESLAAR.G R.SEELAGQIALVTGASR.G R.TAGGLELEDR.I R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.R R.TAGGLELEDR.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.LALSTSVAR.T R.AYFGEDPQSIKEPAVGEVADLMVQGFDFSTAFHALPK.V R.TAILEDGPTR.T R.AYWGAYAASK.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N R.WQHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGKEFN.R.T R.WQLHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGK.E R.GAHVITAR.T R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N K.TGETNLIQVLSATGK.T K.SFTSTLVGAANK.D K.LIVASHNGHWPTADPEGVGAAR.E R.NAGLIIVQDGK.I K.GSAYDDVSVR.Q R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q K.SLDDKVAAYIPGLK.G K.SDVAGFMQLKPVAGEDITVSYMK.G K.DLNVFWITQQR.D K.WNEDYTDPK.S K.AVQAADVREAK. R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q R.FGQFLNGGVAGSVNLPDDWLASATTK.Q K.YALGHDAAGR.W K.TLSQKLEK.I R.GYGYQWNTNDDGSFAAQIFGQGFIDPK.R K.VAAYIPGLK.G R.VGTTSPSTPYGSVDRPAQPAALFAGAGAR.F R.TTLTKDWETDQEV.R.W R.SVAHMLVEMR.F K.TVEVGDWQAGVIVHDVTNR.S K.TADLQSLK.K K.GJALDAEALHLK.T R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q K.KGQWTVTEK.G R.FPYMETYGFHTIHR.A R.APAFATGLK.L R.GFDVSKELPNVLA.A K.LANPQLDIWITGDGDLGSLGIGNHTMHLIRR.N K.DVFDFAAPK.G R.VGTTSPSTPYGSVDR.P R.TMPEIGTAPENTVFSGIGCSSR.F R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G R.FGEFPMALGVLYDPRPTEADVVR.Q R.NLDCQJMLFNNEIYGLK.G K.HGEMPLYAK.G K.GQWTVTEK.G K.LNISQLTLDVAVKPGFLGNK.E K.VSQPFTIAEIEAAIEEALK. R.TLTAEGALGLVAGQALR.L K.VPDLTYEAFVPEFLTEVEGGFKPYGR.D K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDR.N K.APDLAANVAALNAGHAYGETAELAGPLK.Q K.LAVVWGSTFGPIHQAVR.R R.HIWRPANLGAALK.S K.AKYDANLDDGSLAK.W K.YDANPLDDGSLAK.W K.GEAMGLAIMEPLVIVNSQR.G R.DQYLVDARPNK.V K.VPDQIVELGAEGK.L K.TEQSDLYQAVYGR.N K.QHIVDPAPEGLYR.T R.IAVQYMTVMMLTDGYIANAEPWK.V R.GGPSTGLPK.T R.DRQQLIDWLNK.F K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.A R.NGDAMPVIAAR.S K.IDGKIPDQIVELGAEGK.L R.LPMFFGGYPTPASALHLSLR.L R.PWVRPGTPLLHR.I R.GGPSTGLPKTEQSDLYQAVYGR.N R.APQGTLVGSAFQINFGSAIDTAGDAPDVLVAMNPAALK.T K.SYDKVIVPEMNTGQLK.T K.EVDTGHINYAPANQAMTDIRK.K R.SPQATECAEAECR.I R.PGTPGLLHR.I K.TVLRDQYLVDARPNK.V K.TNVPALPKGGLIIADEGEFNDRNLAK.A R.QSPLSDAVVR.F R.QLDMPVIAVDYR.L R.LAFEPHFAPEDECAATR.W R.GEIAHVEDR.T R.DFEGHLLK.G R.DDWQSYRDFEGHLLK.G
YP_616594	Sala_1548	pyruvate flavodoxin/ferredoxin oxidoreductase-like protein	75.68%	32	R.EQSTLDLSTEFQVTA.R R.RQDDIDSVADELSR.F R.DDIDSVADELSR.F R.RVEADGGLTLADDAQG. R.KGETSGNGLTVEMR.V R.ENPVDADLVIPVDSGTAAIYAQESGIPFELGIIR.S R.IVLDSDIVR.G K.LGDHILASETVLDVVGAEFLR.S R.YSTTGETALR.N R.GSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.GQEAAGITAFDGKEFHTR.A R.SVEPSELLIII.D R.QLDGSAVGHVR.Y R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.K R.RGSIFQSTSDTEVIIHLVATSSYR.S R.KAIGAELAR.E R.DAGAAEVHMR.I R.TFIQPDKVR.H R.NVQPLFADLSTGFAIAHNGNISNAALR.L R.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.GIGAAIAESLAAR.G R.SEELAGQIALVTGASR.G R.TAGGLELEDR.I R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.R R.TAGGLELEDR.IHAAGSATTIAPLDLTDGDSIAR.L R.LALSTSVAR.T R.AYFGEDPQSIKEPAVGEVADLMVQGFDFSTAFHALPK.V R.TAILEDGPTR.T R.AYWGAYAASK.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N R.WQHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGKEFN.R.T R.WQLHLDMLVNAAMGLTLPVAAIDGK.E R.GAHVITAR.T R.TLTLNLIQAALIANFDPLLR.A K.AAFEVLVTSYGAEMR.N K.TGETNLIQVLSATGK.T K.SFTSTLVGAANK.D K.LIVASHNGHWPTADPEGVGAAR.E R.NAGLIIVQDGK.I K.GSAYDDVSVR.Q R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q K.SLDDKVAAYIPGLK.G K.SDVAGFMQLKPVAGEDITVSYMK.G K.DLNVFWITQQR.D K.WNEDYTDPK.S K.AVQAADVREAK. R.VVNPVIEAGDTAYPLPQGTPIDFGLDVAHMAK.Q R.FGQFLNGGVAGSVNLPDDWLASATTK.Q K.YALGHDAAGR.W K.TLSQKLEK.I R.GYGYQWNTNDDGSFAAQIFGQGFIDPK.R K.VAAYIPGLK.G

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616596	Sala_1550	NUDIX hydrolase	41.77%	5	R.ASPDLFPAEGLPPTLLVTAGLDPLR.D K.LIEAGVTSFR.E K.AIVADANAAA. R.SREEFYDLPDHLIGK.M R.ELGEETGIHGGLVDIAR.S R.GLIEEFFPLV. R.FMGEDSDIHTR.H R.WVDLGEIEK.L R.TGRPFTGDIAGDILLFR.A R.LTPEMFADVFR.T R.IDDGLTLDGAIIVNSVK.C R.IAHVAVLR.A R.YSLENPAAYVHSNIAGHVNIELAR.H K.RADELLETSEYVHLFR.I R.DLGFAPTTPIISVGIPIAFVWYR.T K.AVGESVAEPIR.Y R.LVFSSSATVYGEQVLPDDEHPTAATNPYGR.T R.GHAIEAVIHFAGLK.A R.VNGVAIPYR.I R.LEAITGAVIPLVGDIR.D K.ELSVFGDDYDTPDGTGVR.D R.VTGGQGSYAPDQGR.L R.IISDGLAAVGGSLDLR.L R.DFLGGNATASGDVRYGTDGVVR.F R.ITSLIQEGSLSGR.F R.FGGIETGLDAFDADHVAVALR.F K.LPEEGYFPAQVQGR.D K.FTYAYVELLATREDDYDFATGER.S R.VAFVFEIDYVAAHLGVDSR.Q R.QSPVDPVEIEDYLANK.Q R.ITDDLADVVDKYSR.D K.DVPQNLQAIIVSSNTR.K R.IIVGNTHPR.A R.ALHNDLHPSR.I R.LLLEGLSPDTAVLQGTNTEAEAIK.L K.QMLANYKDPQNLQAIIVSSNTR.K R.KDFVASEVIK.R R.AEHGSDIVFSEFLR.E K.QAAYADANFVIVATPTDYDPTNYFNNTNSVESVIADALK.L K.GIEVYVPEVAEDR.L R.ITDLDADVDK.V R.DLDAFKAEADVIANR.I K.LFANTYLAMR.V K.IAVVGTGYVGINAVLLAQHNAVVALDIDTR.K K.AEADVIANR.I R.ALLGVEIAPGAR.F R.FAANTVFSIDATGR.Y K.LGLSTSAGDDAELDR.L R.HFPDLADAANPHLALLDR.V R.GVDADLAR.V R.VVSNFVQALHGEDITIYDGGSQTR.S K.AQLGWEPVTELDGLDR.T R.VLVFGAGFLGSHLDR.L K.SNLDHLAGNPLFEFMR.H K.TSVHGAINMLGAK.R R.IFNTPGR.M K.VPIFQASTSEVYGDPTMHPQESYWGNNPIGIR.S R.RVLVTGGAGFLGSHLDR.L R.QPLQDDPLQR.Q R.GDEVLCVDFLFTGDK.S R.AKALGWEPVTELDGLDR.T R.SCYDEGR.C R.CAETLFFDYHR.Q K.TSVHGAINMLGAK.R K.IQALVGNLGAFAVVR.D R.FETYESHFSGR.S K.LFLVDTEGGVLSSEGR.A R.ASHVGSYAEMLDLLR.S R.SNVLDGEGPVLDALNGAR.A R.IMAAMJALVDDLAR.D R.FDPYTGILR.E R.ASPEADIATYTSFGSDLLSGYFFWGDR.L R.VAQPYFHLNDGMAAQRVAAILAR.K R.IGLIVDPTR.D R.DLPGMVLGFLHAR.H R.GFAVTAANDVARPPASELEAVLR.A K.TGAEAGLIGLPVVLGDAFYR.E R.SIVAQSAJADAQR.N R.EGDFAPVIPADAR.A R.ADHGADFSAYLQK.T R.LALIDPGTNNYAVMR.R R.TFTDTLSYLR.A R.FWALVGEDLR.A R.LDWFAGAWELSRGELYVTGADEV.R.T K.RQEFEGFIGHAATHVK.A R.SPEYLDQLALVDYICR.H R.HFFIEPFFR.G R.AGVTNLAYWTSHER.F K.LVDGEASCSAGPAR.L R.TFTDTLSYLR.A R.PGELVTGADEV.R.T R.LDWFAGAWELSR.P R.GFAHFVSDDR.S K.TLADGQVVPK.K K.LAGHYTPLDLIDDFLYPLHVPGDIALTLR.S K.KDAHHYNAAWK.K R.ALLGNATATSTVIVDR.Q R.WLAFDSDDLWPEK.L K.LSPLAAAWYFAQYSAR.A R.INAEGSETGR.Y R.WLAFDSDDLWPEKLER.Q R.LLQHPVNGGPAAR.N R.TRODAVISTFGR.R R.RINAEGSETGR.Y R.LLEATEQLIADDASER.I R.LAGQGDISHR.R R.DGFVLLDDYVSTELR.T R.RDDQLPTSINVASAK.R R.LAELFPADHVEK.I R.DDQLPTSINVASAK.R R.ADPAADVIER.A K.IVADFERDGFVLLDDYVSTELR.T K.GSLWAHLVER.A R.FALQSEIVR.L R.WITATLADGLDPGDLIADLAK.L R.YGVVPIEDAESAELGSLTR.G R.QVDGQLLQSGTLR.D R.QAFESNWIAPLGNVDAFER.E R.FLQTVTDGDIRR.L R.VGIFSFNGNK.I R.LLAGITLDSPTDHR.D R.HSIDQLPLLDGAGR.V R.MSNVLGIGR.G R.LNETGLLILHVDASGR.F R.EVAATGVASAAALSSGTAIHLALILLGVGAGDR.V R.DSTSITAPDGIIDEAALMADR.H R.VGGLR.R R.MSNVLGIGR.G R.GLCLPSGSSMTAAQVDR.V R.EALADVESFVWMPFAGSQSNR.W R.DVAADIFSR.G K.IITTSGGMLVADDPEITAHAR.K K.AVIVDLYGQPADYDR.L K.DVPANSLWGNPATDR.R R.FADHFLVAIGAPR.S K.IIVATGGLGR.E R.EGWDVAGLDDDEALQGGVCDVPVLGR.V
YP_616597	Sala_1551	Uracil-DNA glycosylase superfamily	23.64%	4	
YP_616599	Sala_1553	NAD-dependent epimerase/dehydratase	18.51%	3	
YP_616605	Sala_1559	UDP-glucose 4-epimerase	29.88%	6	
YP_616607	Sala_1561	protein of unknown function DUF490	3.91%	3	
YP_616608	Sala_1562	surface antigen (D15)	9.50%	4	
YP_616609	Sala_1563	UDP-glucose 6-dehydrogenase	64.23%	17	
YP_616610	Sala_1564	protein of unknown function UPF0061	14.78%	5	
YP_616612	Sala_1566	NAD-dependent epimerase/dehydratase	56.11%	14	
YP_616613	Sala_1567	hypothetical protein	37.31%	11	
YP_616615	Sala_1569	hypothetical protein	61.98%	21	
YP_616616	Sala_1570	glycosyl transferase, family 2	35.32%	8	
YP_616617	Sala_1571	hypothetical protein	35.93%	10	
YP_616619	Sala_1573	DegT/DnrJ/EryC1/StrS aminotransferase	60.60%	19	
YP_616620	Sala_1574	putative serine O-acetyltransferase	31.80%	4	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616621	Sala_1575	UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase	42.89%	11	R.SANVFDAPPESGAIGR.A R.YGIDDEESFVLVLFHPVQQAAEAGAQWR.A R.NVYGDPPHADIR.I R.FLIGNSSSGLVEAATFGTPVWVNGDR.Q R.AMFDALAGLPR.F K.AIGFDPQGLR.N R.MGEDPDRIFDVGAPGLVGLK.K R.IVYLTGTR.A R.ADFGLMLPTLR.A R.SGSVDESIR.H R.ADYLLAECR.F K.IASGEIVNKLIDK.V R.DHGPDHAASLEPAQLR.A R.LVDIAVEAGADAVK.F K.RPALELPTR.A R.ALELDDAHER.L R.TFVIAEAGVNHDSGLD.K.A R.LDATTIAFLRPGDGI GPER.A R.TDEVVTPDAAK.A R.QTGAGTQYEMIR.A R.NVEVALGDGVK.R K.VAGSGRPIILSTGMAEMAEEVVR.A R.SAFALTDINR.G R.GDRLDATTIAFLRPGDGI GPER.A R.GAAVIEK.H K.FQTRTDEVVTPDAAK.A R.VNAVTPGGVYSGQNETFVDR.Y K.LWLTGAGGIIIGR.V R.QVAEAEVNGAEHGPVDALFNWAGK.T R.IYDGAQYGR.A R.QGQTVNLTSLYIVGPDQR.I R.AINSPAVYSAAK.A R.CEQALTAAR.E K.AGLWGLTK.Y R.HLVEHVEAEYGVDR.I R.AAGASLPYLKPAELATDTAGK.I R.IVDLDPSTPLR.L R.HALGNVLWSEPR.L R.SESGHVVAR.Q R.IDHVIVSTDSAEADIAAR.A R.QAAPPYAMIASIYVWK.R K.RSESGHVVAR.Q K.PLVHTIEMALHSR.I R.HFDLPLGLLAAGVPTLIEKPVVIR.A R.AADGLPVEALDYSR.T R.SSLHITSEDLHLR.A R.LADAHEVYDK.G R.GIEVGEDATAVLDFR.A K.TPGNEEQR.L R.AGQQIADEDIQR.S R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K R.YHNLFLSAEDIVR.F R.VSLLPDEFSAHVR.A R.SPGQGLQPYFR.A K.LSGGVVYSGHER.G K.DGASEDELNDFSDR.V R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K.I K.SARPPHINAGGFSADGPTAER.R R.GYTFPAARAVAMGAK.V K.DINLAYR.R R.NEGSDSDASADLGAQYTLDLLSR.F K.LEAVLTDGVR.R K.DGASEDELNDFSDRVTVPVVDGQR.H R.VTFVPIVDGQR.H R.EVEEAMGYGAR.G K.TSFQELLR.Q R.LEAVMPYK.L K.LASADLTHPLLSAMAR.T R.ETAPDASFIPEIWQGHK.D K.LEAVLTDGVR.R.W R.GITQGEHMR.E R.ETAPDASFIPEIWQGHKDDGAGFWQALDR.L R.YHDLQK.M R.VIGPESPIAIEIGNHNGSIELAK.R R.FDRPFGVPR.Y R.DMIEGDFFFQSDLADAVASAR.D R.RPAMYDR.I R.LVELAVEKAGCAK.F R.LDKEGEIIPTMPPYWHFGQR.Y R.HTAPVLLHCNSTYPAPFK.D R.GITQGEHMR.E R.EVEEAMGYGAR.G K.HFTVDR.G K.DDAGSFWQALDR.L R.RQDIAEADR.H K.GRYEAILLQPTSPLR.L R.SFGAQVFLRPAELATDTAPTEPVMHLTLER.M R.YEAILLQPTSPLR.L
YP_616622	Sala_1576	N-acyleuraminatase-9-phosphate synthase	52.00%	15	R.LVLAGPLISWASIEQALAAHGVTDVVSTDAEDIAAVAR.S K.FLDNADAGLADLDR.A R.AQGYQQLIDILVSAR.E R.ELALEGLSQSALNSAALR.Q R.DAPTAAMTALLSR.V R.VADIVSAIPAR.S R.YGIDNVPFAPR.V R.QPVTMALVPIWHSTAPATADR.L R.ALTYSEKVDLVLPIILQASSDPEALAQIR.R R.SRPGSYSLR.A R.MGGGAFRPIDQLTENYDAGGR.E R.LMLAAQEK.F R.DVLAVQQAIEK.F K.VYDVSPTR.Q R.AREVEAAGR.L R.RDVLAVQQAIEK.F R.QGASLSPLR.Q R.EVDIFASPER.Q K.NITNVVIESEATGR.N R.IPDQLGLPLGSPVK.V R.VALSQVLDQR.R R.SAGAPLIGVILTK.L R.RIDELDQSIAR.E R.NIVTIGNNENGAGSTAQIR.E R.TLAADSLSSLNSELVK.A K.SISLSLATVLR.V R.IVTDTLLDHWVSPTR.G R.ALVDFASSR.N K.SSLAFSTSHGIPR.S R.YKEIGVAGVSANNIAVIDR.A R.SIMVSSQPAEGK.S R.NLEFYQTQYSLMEAR.S R.EVWPNLDFIRAGSPSPSAELLSSDR.M R.DHGVSNVLAGEDDYRPLR.E R.DAIQYNIYQR.E R.AKDASEYALMQQDFPGYPVAMALQR.R R.PLATLAGEESGAGPQGSKPLILEYHIFK.R R.LETNENFWAAGHIDMSDFSDADAR.S R.KFDSTAEAR.S K.SNVSEAYFAIK.S K.VEEGVAIVEIRDPK.S K.EIGVAGVSANNIAVIDR.A R.RDAIQYNIYQR.E R.IDELDQSIAR.E R.DSEYGVYAYSYEYTSR.G K.HYDHWVDSAPILGLADAPLLSR.T R.QRVESER.A R.GSALVDVSYSSYPESAQIANAWANEFIAQSIAR.K R.AAVERENNLK.A
YP_616623	Sala_1577	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	44.53%	8	R.HFDTLPLGLLAAGVPTLIEKPVVIR.A R.AADGLPVEALDYSR.T R.SSLHITSEDLHLR.A R.LADAHEVYDK.G R.GIEVGEDATAVLDFR.A K.TPGNEEQR.L R.AGQQIADEDIQR.S R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K R.YHNLFLSAEDIVR.F R.VSLLPDEFSAHVR.A R.SPGQGLQPYFR.A K.LSGGVVYSGHER.G K.DGASEDELNDFSDR.V R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K.I K.SARPPHINAGGFSADGPTAER.R R.GYTFPAARAVAMGAK.V K.DINLAYR.R R.NEGSDSDASADLGAQYTLDLLSR.F K.LEAVLTDGVR.R K.DGASEDELNDFSDRVTVPVVDGQR.H R.VTFVPIVDGQR.H R.EVEEAMGYGAR.G K.TSFQELLR.Q R.LEAVMPYK.L K.LASADLTHPLLSAMAR.T R.ETAPDASFIPEIWQGHK.D K.LEAVLTDGVR.R.W R.GITQGEHMR.E R.ETAPDASFIPEIWQGHKDDGAGFWQALDR.L R.YHDLQK.M R.VIGPESPIAIEIGNHNGSIELAK.R R.FDRPFGVPR.Y R.DMIEGDFFFQSDLADAVASAR.D R.RPAMYDR.I R.LVELAVEKAGCAK.F R.LDKEGEIIPTMPPYWHFGQR.Y R.HTAPVLLHCNSTYPAPFK.D R.GITQGEHMR.E R.EVEEAMGYGAR.G K.HFTVDR.G K.DDAGSFWQALDR.L R.RQDIAEADR.H K.GRYEAILLQPTSPLR.L R.SFGAQVFLRPAELATDTAPTEPVMHLTLER.M R.YEAILLQPTSPLR.L
YP_616624	Sala_1578	Acyleuraminatase cytidilyltransferase	52.17%	9	R.HFDTLPLGLLAAGVPTLIEKPVVIR.A R.AADGLPVEALDYSR.T R.SSLHITSEDLHLR.A R.LADAHEVYDK.G R.GIEVGEDATAVLDFR.A K.TPGNEEQR.L R.AGQQIADEDIQR.S R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K R.YHNLFLSAEDIVR.F R.VSLLPDEFSAHVR.A R.SPGQGLQPYFR.A K.LSGGVVYSGHER.G K.DGASEDELNDFSDR.V R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K.I K.SARPPHINAGGFSADGPTAER.R R.GYTFPAARAVAMGAK.V K.DINLAYR.R R.NEGSDSDASADLGAQYTLDLLSR.F K.LEAVLTDGVR.R K.DGASEDELNDFSDRVTVPVVDGQR.H R.VTFVPIVDGQR.H R.EVEEAMGYGAR.G K.TSFQELLR.Q R.LEAVMPYK.L K.LASADLTHPLLSAMAR.T R.ETAPDASFIPEIWQGHK.D K.LEAVLTDGVR.R.W R.GITQGEHMR.E R.ETAPDASFIPEIWQGHKDDGAGFWQALDR.L R.YHDLQK.M R.VIGPESPIAIEIGNHNGSIELAK.R R.FDRPFGVPR.Y R.DMIEGDFFFQSDLADAVASAR.D R.RPAMYDR.I R.LVELAVEKAGCAK.F R.LDKEGEIIPTMPPYWHFGQR.Y R.HTAPVLLHCNSTYPAPFK.D R.GITQGEHMR.E R.EVEEAMGYGAR.G K.HFTVDR.G K.DDAGSFWQALDR.L R.RQDIAEADR.H K.GRYEAILLQPTSPLR.L R.SFGAQVFLRPAELATDTAPTEPVMHLTLER.M R.YEAILLQPTSPLR.L
YP_616625	Sala_1579	oxidoreductase-like protein	27.33%	6	R.HFDTLPLGLLAAGVPTLIEKPVVIR.A R.AADGLPVEALDYSR.T R.SSLHITSEDLHLR.A R.LADAHEVYDK.G R.GIEVGEDATAVLDFR.A K.TPGNEEQR.L R.AGQQIADEDIQR.S R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K R.YHNLFLSAEDIVR.F R.VSLLPDEFSAHVR.A R.SPGQGLQPYFR.A K.LSGGVVYSGHER.G K.DGASEDELNDFSDR.V R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K.I K.SARPPHINAGGFSADGPTAER.R R.GYTFPAARAVAMGAK.V K.DINLAYR.R R.NEGSDSDASADLGAQYTLDLLSR.F K.LEAVLTDGVR.R K.DGASEDELNDFSDRVTVPVVDGQR.H R.VTFVPIVDGQR.H R.EVEEAMGYGAR.G K.TSFQELLR.Q R.LEAVMPYK.L K.LASADLTHPLLSAMAR.T R.ETAPDASFIPEIWQGHK.D K.LEAVLTDGVR.R.W R.GITQGEHMR.E R.ETAPDASFIPEIWQGHKDDGAGFWQALDR.L R.YHDLQK.M R.VIGPESPIAIEIGNHNGSIELAK.R R.FDRPFGVPR.Y R.DMIEGDFFFQSDLADAVASAR.D R.RPAMYDR.I R.LVELAVEKAGCAK.F R.LDKEGEIIPTMPPYWHFGQR.Y R.HTAPVLLHCNSTYPAPFK.D R.GITQGEHMR.E R.EVEEAMGYGAR.G K.HFTVDR.G K.DDAGSFWQALDR.L R.RQDIAEADR.H K.GRYEAILLQPTSPLR.L R.SFGAQVFLRPAELATDTAPTEPVMHLTLER.M R.YEAILLQPTSPLR.L
YP_616626	Sala_1580	N-acyleuraminatase-9-phosphate synthase	54.34%	35	R.HFDTLPLGLLAAGVPTLIEKPVVIR.A R.AADGLPVEALDYSR.T R.SSLHITSEDLHLR.A R.LADAHEVYDK.G R.GIEVGEDATAVLDFR.A K.TPGNEEQR.L R.AGQQIADEDIQR.S R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K R.YHNLFLSAEDIVR.F R.VSLLPDEFSAHVR.A R.SPGQGLQPYFR.A K.LSGGVVYSGHER.G K.DGASEDELNDFSDR.V R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K.I K.SARPPHINAGGFSADGPTAER.R R.GYTFPAARAVAMGAK.V K.DINLAYR.R R.NEGSDSDASADLGAQYTLDLLSR.F K.LEAVLTDGVR.R K.DGASEDELNDFSDRVTVPVVDGQR.H R.VTFVPIVDGQR.H R.EVEEAMGYGAR.G K.TSFQELLR.Q R.LEAVMPYK.L K.LASADLTHPLLSAMAR.T R.ETAPDASFIPEIWQGHK.D K.LEAVLTDGVR.R.W R.GITQGEHMR.E R.ETAPDASFIPEIWQGHKDDGAGFWQALDR.L R.YHDLQK.M R.VIGPESPIAIEIGNHNGSIELAK.R R.FDRPFGVPR.Y R.DMIEGDFFFQSDLADAVASAR.D R.RPAMYDR.I R.LVELAVEKAGCAK.F R.LDKEGEIIPTMPPYWHFGQR.Y R.HTAPVLLHCNSTYPAPFK.D R.GITQGEHMR.E R.EVEEAMGYGAR.G K.HFTVDR.G K.DDAGSFWQALDR.L R.RQDIAEADR.H K.GRYEAILLQPTSPLR.L R.SFGAQVFLRPAELATDTAPTEPVMHLTLER.M R.YEAILLQPTSPLR.L
YP_616627	Sala_1581	acyleuraminatase cytidilyltransferase	41.41%	5	R.HFDTLPLGLLAAGVPTLIEKPVVIR.A R.AADGLPVEALDYSR.T R.SSLHITSEDLHLR.A R.LADAHEVYDK.G R.GIEVGEDATAVLDFR.A K.TPGNEEQR.L R.AGQQIADEDIQR.S R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K R.YHNLFLSAEDIVR.F R.VSLLPDEFSAHVR.A R.SPGQGLQPYFR.A K.LSGGVVYSGHER.G K.DGASEDELNDFSDR.V R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K.I K.SARPPHINAGGFSADGPTAER.R R.GYTFPAARAVAMGAK.V K.DINLAYR.R R.NEGSDSDASADLGAQYTLDLLSR.F K.LEAVLTDGVR.R K.DGASEDELNDFSDRVTVPVVDGQR.H R.VTFVPIVDGQR.H R.EVEEAMGYGAR.G K.TSFQELLR.Q R.LEAVMPYK.L K.LASADLTHPLLSAMAR.T R.ETAPDASFIPEIWQGHK.D K.LEAVLTDGVR.R.W R.GITQGEHMR.E R.ETAPDASFIPEIWQGHKDDGAGFWQALDR.L R.YHDLQK.M R.VIGPESPIAIEIGNHNGSIELAK.R R.FDRPFGVPR.Y R.DMIEGDFFFQSDLADAVASAR.D R.RPAMYDR.I R.LVELAVEKAGCAK.F R.LDKEGEIIPTMPPYWHFGQR.Y R.HTAPVLLHCNSTYPAPFK.D R.GITQGEHMR.E R.EVEEAMGYGAR.G K.HFTVDR.G K.DDAGSFWQALDR.L R.RQDIAEADR.H K.GRYEAILLQPTSPLR.L R.SFGAQVFLRPAELATDTAPTEPVMHLTLER.M R.YEAILLQPTSPLR.L
YP_616628	Sala_1582	hypothetical protein	53.23%	17	R.HFDTLPLGLLAAGVPTLIEKPVVIR.A R.AADGLPVEALDYSR.T R.SSLHITSEDLHLR.A R.LADAHEVYDK.G R.GIEVGEDATAVLDFR.A K.TPGNEEQR.L R.AGQQIADEDIQR.S R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K R.YHNLFLSAEDIVR.F R.VSLLPDEFSAHVR.A R.SPGQGLQPYFR.A K.LSGGVVYSGHER.G K.DGASEDELNDFSDR.V R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K.I K.SARPPHINAGGFSADGPTAER.R R.GYTFPAARAVAMGAK.V K.DINLAYR.R R.NEGSDSDASADLGAQYTLDLLSR.F K.LEAVLTDGVR.R K.DGASEDELNDFSDRVTVPVVDGQR.H R.VTFVPIVDGQR.H R.EVEEAMGYGAR.G K.TSFQELLR.Q R.LEAVMPYK.L K.LASADLTHPLLSAMAR.T R.ETAPDASFIPEIWQGHK.D K.LEAVLTDGVR.R.W R.GITQGEHMR.E R.ETAPDASFIPEIWQGHKDDGAGFWQALDR.L R.YHDLQK.M R.VIGPESPIAIEIGNHNGSIELAK.R R.FDRPFGVPR.Y R.DMIEGDFFFQSDLADAVASAR.D R.RPAMYDR.I R.LVELAVEKAGCAK.F R.LDKEGEIIPTMPPYWHFGQR.Y R.HTAPVLLHCNSTYPAPFK.D R.GITQGEHMR.E R.EVEEAMGYGAR.G K.HFTVDR.G K.DDAGSFWQALDR.L R.RQDIAEADR.H K.GRYEAILLQPTSPLR.L R.SFGAQVFLRPAELATDTAPTEPVMHLTLER.M R.YEAILLQPTSPLR.L
YP_616629	Sala_1583	Protein-tyrosine kinase	66.49%	36	R.HFDTLPLGLLAAGVPTLIEKPVVIR.A R.AADGLPVEALDYSR.T R.SSLHITSEDLHLR.A R.LADAHEVYDK.G R.GIEVGEDATAVLDFR.A K.TPGNEEQR.L R.AGQQIADEDIQR.S R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K R.YHNLFLSAEDIVR.F R.VSLLPDEFSAHVR.A R.SPGQGLQPYFR.A K.LSGGVVYSGHER.G K.DGASEDELNDFSDR.V R.NIAPLIVFAEEDIVSALR.K.I K.SARPPHINAGGFSADGPTAER.R R.GYTFPAARAVAMGAK.V K.DINLAYR.R R.NEGSDSDASADLGAQYTLDLLSR.F K.LEAVLTDGVR.R K.DGASEDELNDFSDRVTVPVVDGQR.H R.VTFVPIVDGQR.H R.EVEEAMGYGAR.G K.TSFQELLR.Q R.LEAVMPYK.L K.LASADLTHPLLSAMAR.T R.ETAPDASFIPEIWQGHK.D K.LEAVLTDGVR.R.W R.GITQGEHMR.E R.ETAPDASFIPEIWQGHKDDGAGFWQALDR.L R.YHDLQK.M R.VIGPESPIAIEIGNHNGSIELAK.R R.FDRPFGVPR.Y R.DMIEGDFFFQSDLADAVASAR.D R.RPAMYDR.I R.LVELAVEKAGCAK.F R.LDKEGEIIPTMPPYWHFGQR.Y R.HTAPVLLHCNSTYPAPFK.D R.GITQGEHMR.E R.EVEEAMGYGAR.G K.HFTVDR.G K.DDAGSFWQALDR.L R.RQDIAEADR.H K.GRYEAILLQPTSPLR.L R.SFGAQVFLRPAELATDTAPTEPVMHLTLER.M R.YEAILLQPTSPLR.L

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616630	Sala_1584	O-antigen polymerase	20.95%	6	R.TRAIGAVR.T R.LRLETNENFWAAHGIDMSDFSDADAR.S R.KPSLHK.H R.EVMPNLDIFRAGSPVPSAAELSSDR.M K.KVILIDVDMR.K K.ISPLQIAAGLGR.G R.LFASASGSEASLR.F R.AGVLMLGLVGLASVPFLK.I R.ITNDGSAVGLFANR.N R.SVGDSSGGER.R R.NEENSALQWGGGLAFAALLPSSLVAQSR.A R.SSANPGSSEIVER.G R.NVLYGAGTTGQR.L R.LAASLSSEGLR.V R.FGVILGSSGSVPTFR.Q R.LVFTLHDGSPATVPAPHSR. R.LFADEAPDTIYHAAAYK.H K.LSNVADAAVER.L K.LFEELLGEEESQPTAHR.I R.LGEWSSDDWPVLR.F R.FFTDASTQMITFAAR.M R.LQNELFALDLRPGSIRPLL.A R.IFSSDIESVLMQLGVTIDVLAQTQVGD.R K.HVPLLEENLDGVANNIR.G R.LFGWAPEIFDR.A K.LLADIGLAQLDR.E R.TVSLRPPALIGPGVTAWFAALVK.A R.DVLQVVPFLTTPVVALQNN. R.FSPFAGVIQAAK.T R.GAYADPDIHANDVVVGDSSASR.R R.AIATAEGTAEFAR.L K.ETGSQVTVVEGQVR.K K.TPAEVEQYLR.S R.LDEWVFR.T R.RGAYADPDIHANDVVVGDSSASR.R K.YAALFNK.A R.KPGLYPVVGK.M R.LFRDVLQVPLTTPVVALQNN. R.DPQVTNVLK.E R.AIATAEGTAEFARLDEVVFR.T R.VIPADSLPEFGADTLSDEPVLGPFDR.L R.GAYADPDIHANDVVVGDSSASRR.L R.EVQTDASGR.F K.REVQTDASGR.F K.LMQAHRDPQVTNVLK.E R.YGVYVFIAGVR.D R.LTFEELADVFSDAVPR.S R.LTAIGLVGTD.R.W R.IGIDTGAYR.T R.WIRDEFSSK.R R.ALSLPAHFR.V
YP_616631	Sala_1585	polysaccharide biosynthesis protein CapD	33.69%	13	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFERLEAK.L R.VALADAEANGVFLDEIDKIAVDVVR.G R.VELGALTEEDFVR.I R.DLLPLIEGTTVATK.Y K.AGLPEQYVALLGTEGVTLNFAPDAIAR.V R.QQLPAELRDEVTPK.N R.QLADVGDVTDLSK.Y K.FTEVGYVGR.D K.LAAEVNEKVENIGAR.R K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.K R.RLQTHMR.L R.DLVEEAVR.L R.AAAEEAAMER.L K.TDHILFIASGAFHVAKPSDLLPELQGR.L K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.A R.VALADAEANGVFLDEIDK.I R.LPIRVELGALTEEDFVR.I K.LAAEVNEK.V R.AGSTGAPGAATPGRQGG. R.TLDPGETYQVPPAYIEQFTLR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQK.T R.FLSVPEDEALIAAQNR.D R.DADASEPESAASTVPAAK.A R.ELEEDYGSRLYEAEPDTPAR.L R.EAAGLSLADVATR.T R.DVPGVPADTLVK.N R.AVNLPEAIEGAAIR.R K.SDFSLEPGR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQKTNQR.T R.HAAIEKSDSELPGR.T R.MTDEDVAPQGEALATR.T K.NISLKPADLIAR.A R.LADPAASEDTTPASLAPTVK.A R.ELDEVYGDKAPQDVR.T R.VDALETQLALITGQTEQNAFHLR.E K.APAATAAVATPTR.P R.TVFPNGNPTFFEGEAPDNTPGER.A R.AYLDEGKPSLAAVAFYNNYK.D K.APAATAAVATPTRPASK.P K.AVEVPATGNETKDAYDYGYR.L K.AVEVPATGNETK.D K.WPQSSYASFAQNLGR.A K.PGAKPAGPDAAR.L R.APHSLMYMGVALDR.L R.ANAPVIDLTR.V K.DAYDYGYR.L R.YRDNQDEVFLGHVSRS.A R.LVEEGEAVAR.K R.LIASDEFEAKDK.V R.LAAALLEYETLSGEEAKR.V K.GALLVSPGTGK.T R.LAAALLEYETLSGEEAKR.R R.RLVEEGEAVAR.K R.KVLTDHIDELHR.L R.GTTPVSGHVGGLPQIK.R R.IAEQLIYGEDELNTGASNDIQQATEMAR.A R.AQNMSEETAK.L K.EVILSEDRVTGTLNSGDR.F
YP_616632	Sala_1587	NAD-dependent epimerase/dehydratase	15.16%	3	R.LVFTLHDGSPATVPAPHSR. R.LFADEAPDTIYHAAAYK.H K.LSNVADAAVER.L K.LFEELLGEEESQPTAHR.I R.LGEWSSDDWPVLR.F R.FFTDASTQMITFAAR.M R.LQNELFALDLRPGSIRPLL.A R.IFSSDIESVLMQLGVTIDVLAQTQVGD.R K.HVPLLEENLDGVANNIR.G R.LFGWAPEIFDR.A K.LLADIGLAQLDR.E R.TVSLRPPALIGPGVTAWFAALVK.A R.DVLQVVPFLTTPVVALQNN. R.FSPFAGVIQAAK.T R.GAYADPDIHANDVVVGDSSASR.R R.AIATAEGTAEFAR.L K.ETGSQVTVVEGQVR.K K.TPAEVEQYLR.S R.LDEWVFR.T R.RGAYADPDIHANDVVVGDSSASR.R K.YAALFNK.A R.KPGLYPVVGK.M R.LFRDVLQVPLTTPVVALQNN. R.DPQVTNVLK.E R.AIATAEGTAEFARLDEVVFR.T R.VIPADSLPEFGADTLSDEPVLGPFDR.L R.GAYADPDIHANDVVVGDSSASRR.L R.EVQTDASGR.F K.REVQTDASGR.F K.LMQAHRDPQVTNVLK.E R.YGVYVFIAGVR.D R.LTFEELADVFSDAVPR.S R.LTAIGLVGTD.R.W R.IGIDTGAYR.T R.WIRDEFSSK.R R.ALSLPAHFR.V
YP_616633	Sala_1587	NAD-dependent epimerase/dehydratase	15.16%	3	R.LVFTLHDGSPATVPAPHSR. R.LFADEAPDTIYHAAAYK.H K.LSNVADAAVER.L K.LFEELLGEEESQPTAHR.I R.LGEWSSDDWPVLR.F R.FFTDASTQMITFAAR.M R.LQNELFALDLRPGSIRPLL.A R.IFSSDIESVLMQLGVTIDVLAQTQVGD.R K.HVPLLEENLDGVANNIR.G R.LFGWAPEIFDR.A K.LLADIGLAQLDR.E R.TVSLRPPALIGPGVTAWFAALVK.A R.DVLQVVPFLTTPVVALQNN. R.FSPFAGVIQAAK.T R.GAYADPDIHANDVVVGDSSASR.R R.AIATAEGTAEFAR.L K.ETGSQVTVVEGQVR.K K.TPAEVEQYLR.S R.LDEWVFR.T R.RGAYADPDIHANDVVVGDSSASR.R K.YAALFNK.A R.KPGLYPVVGK.M R.LFRDVLQVPLTTPVVALQNN. R.DPQVTNVLK.E R.AIATAEGTAEFARLDEVVFR.T R.VIPADSLPEFGADTLSDEPVLGPFDR.L R.GAYADPDIHANDVVVGDSSASRR.L R.EVQTDASGR.F K.REVQTDASGR.F K.LMQAHRDPQVTNVLK.E R.YGVYVFIAGVR.D R.LTFEELADVFSDAVPR.S R.LTAIGLVGTD.R.W R.IGIDTGAYR.T R.WIRDEFSSK.R R.ALSLPAHFR.V
YP_616634	Sala_1588	polysaccharide export protein	78.21%	18	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFERLEAK.L R.VALADAEANGVFLDEIDKIAVDVVR.G R.VELGALTEEDFVR.I R.DLLPLIEGTTVATK.Y K.AGLPEQYVALLGTEGVTLNFAPDAIAR.V R.QQLPAELRDEVTPK.N R.QLADVGDVTDLSK.Y K.FTEVGYVGR.D K.LAAEVNEKVENIGAR.R K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.K R.RLQTHMR.L R.DLVEEAVR.L R.AAAEEAAMER.L K.TDHILFIASGAFHVAKPSDLLPELQGR.L K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.A R.VALADAEANGVFLDEIDK.I R.LPIRVELGALTEEDFVR.I K.LAAEVNEK.V R.AGSTGAPGAATPGRQGG. R.TLDPGETYQVPPAYIEQFTLR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQK.T R.FLSVPEDEALIAAQNR.D R.DADASEPESAASTVPAAK.A R.ELEEDYGSRLYEAEPDTPAR.L R.EAAGLSLADVATR.T R.DVPGVPADTLVK.N R.AVNLPEAIEGAAIR.R K.SDFSLEPGR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQKTNQR.T R.HAAIEKSDSELPGR.T R.MTDEDVAPQGEALATR.T K.NISLKPADLIAR.A R.LADPAASEDTTPASLAPTVK.A R.ELDEVYGDKAPQDVR.T R.VDALETQLALITGQTEQNAFHLR.E K.APAATAAVATPTR.P R.TVFPNGNPTFFEGEAPDNTPGER.A R.AYLDEGKPSLAAVAFYNNYK.D K.APAATAAVATPTRPASK.P K.AVEVPATGNETKDAYDYGYR.L K.AVEVPATGNETK.D K.WPQSSYASFAQNLGR.A K.PGAKPAGPDAAR.L R.APHSLMYMGVALDR.L R.ANAPVIDLTR.V K.DAYDYGYR.L R.YRDNQDEVFLGHVSRS.A R.LVEEGEAVAR.K R.LIASDEFEAKDK.V R.LAAALLEYETLSGEEAKR.V K.GALLVSPGTGK.T R.LAAALLEYETLSGEEAKR.R R.RLVEEGEAVAR.K R.KVLTDHIDELHR.L R.GTTPVSGHVGGLPQIK.R R.IAEQLIYGEDELNTGASNDIQQATEMAR.A R.AQNMSEETAK.L K.EVILSEDRVTGTLNSGDR.F
YP_616635	Sala_1589	metallophosphoesterase	26.67%	6	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFERLEAK.L R.VALADAEANGVFLDEIDKIAVDVVR.G R.VELGALTEEDFVR.I R.DLLPLIEGTTVATK.Y K.AGLPEQYVALLGTEGVTLNFAPDAIAR.V R.QQLPAELRDEVTPK.N R.QLADVGDVTDLSK.Y K.FTEVGYVGR.D K.LAAEVNEKVENIGAR.R K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.K R.RLQTHMR.L R.DLVEEAVR.L R.AAAEEAAMER.L K.TDHILFIASGAFHVAKPSDLLPELQGR.L K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.A R.VALADAEANGVFLDEIDK.I R.LPIRVELGALTEEDFVR.I K.LAAEVNEK.V R.AGSTGAPGAATPGRQGG. R.TLDPGETYQVPPAYIEQFTLR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQK.T R.FLSVPEDEALIAAQNR.D R.DADASEPESAASTVPAAK.A R.ELEEDYGSRLYEAEPDTPAR.L R.EAAGLSLADVATR.T R.DVPGVPADTLVK.N R.AVNLPEAIEGAAIR.R K.SDFSLEPGR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQKTNQR.T R.HAAIEKSDSELPGR.T R.MTDEDVAPQGEALATR.T K.NISLKPADLIAR.A R.LADPAASEDTTPASLAPTVK.A R.ELDEVYGDKAPQDVR.T R.VDALETQLALITGQTEQNAFHLR.E K.APAATAAVATPTR.P R.TVFPNGNPTFFEGEAPDNTPGER.A R.AYLDEGKPSLAAVAFYNNYK.D K.APAATAAVATPTRPASK.P K.AVEVPATGNETKDAYDYGYR.L K.AVEVPATGNETK.D K.WPQSSYASFAQNLGR.A K.PGAKPAGPDAAR.L R.APHSLMYMGVALDR.L R.ANAPVIDLTR.V K.DAYDYGYR.L R.YRDNQDEVFLGHVSRS.A R.LVEEGEAVAR.K R.LIASDEFEAKDK.V R.LAAALLEYETLSGEEAKR.V K.GALLVSPGTGK.T R.LAAALLEYETLSGEEAKR.R R.RLVEEGEAVAR.K R.KVLTDHIDELHR.L R.GTTPVSGHVGGLPQIK.R R.IAEQLIYGEDELNTGASNDIQQATEMAR.A R.AQNMSEETAK.L K.EVILSEDRVTGTLNSGDR.F
YP_616636	Sala_1590	UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase	59.63%	11	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFERLEAK.L R.VALADAEANGVFLDEIDKIAVDVVR.G R.VELGALTEEDFVR.I R.DLLPLIEGTTVATK.Y K.AGLPEQYVALLGTEGVTLNFAPDAIAR.V R.QQLPAELRDEVTPK.N R.QLADVGDVTDLSK.Y K.FTEVGYVGR.D K.LAAEVNEKVENIGAR.R K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.K R.RLQTHMR.L R.DLVEEAVR.L R.AAAEEAAMER.L K.TDHILFIASGAFHVAKPSDLLPELQGR.L K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.A R.VALADAEANGVFLDEIDK.I R.LPIRVELGALTEEDFVR.I K.LAAEVNEK.V R.AGSTGAPGAATPGRQGG. R.TLDPGETYQVPPAYIEQFTLR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQK.T R.FLSVPEDEALIAAQNR.D R.DADASEPESAASTVPAAK.A R.ELEEDYGSRLYEAEPDTPAR.L R.EAAGLSLADVATR.T R.DVPGVPADTLVK.N R.AVNLPEAIEGAAIR.R K.SDFSLEPGR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQKTNQR.T R.HAAIEKSDSELPGR.T R.MTDEDVAPQGEALATR.T K.NISLKPADLIAR.A R.LADPAASEDTTPASLAPTVK.A R.ELDEVYGDKAPQDVR.T R.VDALETQLALITGQTEQNAFHLR.E K.APAATAAVATPTR.P R.TVFPNGNPTFFEGEAPDNTPGER.A R.AYLDEGKPSLAAVAFYNNYK.D K.APAATAAVATPTRPASK.P K.AVEVPATGNETKDAYDYGYR.L K.AVEVPATGNETK.D K.WPQSSYASFAQNLGR.A K.PGAKPAGPDAAR.L R.APHSLMYMGVALDR.L R.ANAPVIDLTR.V K.DAYDYGYR.L R.YRDNQDEVFLGHVSRS.A R.LVEEGEAVAR.K R.LIASDEFEAKDK.V R.LAAALLEYETLSGEEAKR.V K.GALLVSPGTGK.T R.LAAALLEYETLSGEEAKR.R R.RLVEEGEAVAR.K R.KVLTDHIDELHR.L R.GTTPVSGHVGGLPQIK.R R.IAEQLIYGEDELNTGASNDIQQATEMAR.A R.AQNMSEETAK.L K.EVILSEDRVTGTLNSGDR.F
YP_616637	Sala_1591	UDP-glucose/GDP-mannose dehydrogenase	21.35%	6	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFERLEAK.L R.VALADAEANGVFLDEIDKIAVDVVR.G R.VELGALTEEDFVR.I R.DLLPLIEGTTVATK.Y K.AGLPEQYVALLGTEGVTLNFAPDAIAR.V R.QQLPAELRDEVTPK.N R.QLADVGDVTDLSK.Y K.FTEVGYVGR.D K.LAAEVNEKVENIGAR.R K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.K R.RLQTHMR.L R.DLVEEAVR.L R.AAAEEAAMER.L K.TDHILFIASGAFHVAKPSDLLPELQGR.L K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.A R.VALADAEANGVFLDEIDK.I R.LPIRVELGALTEEDFVR.I K.LAAEVNEK.V R.AGSTGAPGAATPGRQGG. R.TLDPGETYQVPPAYIEQFTLR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQK.T R.FLSVPEDEALIAAQNR.D R.DADASEPESAASTVPAAK.A R.ELEEDYGSRLYEAEPDTPAR.L R.EAAGLSLADVATR.T R.DVPGVPADTLVK.N R.AVNLPEAIEGAAIR.R K.SDFSLEPGR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQKTNQR.T R.HAAIEKSDSELPGR.T R.MTDEDVAPQGEALATR.T K.NISLKPADLIAR.A R.LADPAASEDTTPASLAPTVK.A R.ELDEVYGDKAPQDVR.T R.VDALETQLALITGQTEQNAFHLR.E K.APAATAAVATPTR.P R.TVFPNGNPTFFEGEAPDNTPGER.A R.AYLDEGKPSLAAVAFYNNYK.D K.APAATAAVATPTRPASK.P K.AVEVPATGNETKDAYDYGYR.L K.AVEVPATGNETK.D K.WPQSSYASFAQNLGR.A K.PGAKPAGPDAAR.L R.APHSLMYMGVALDR.L R.ANAPVIDLTR.V K.DAYDYGYR.L R.YRDNQDEVFLGHVSRS.A R.LVEEGEAVAR.K R.LIASDEFEAKDK.V R.LAAALLEYETLSGEEAKR.V K.GALLVSPGTGK.T R.LAAALLEYETLSGEEAKR.R R.RLVEEGEAVAR.K R.KVLTDHIDELHR.L R.GTTPVSGHVGGLPQIK.R R.IAEQLIYGEDELNTGASNDIQQATEMAR.A R.AQNMSEETAK.L K.EVILSEDRVTGTLNSGDR.F
YP_616638	Sala_1592	Phosphomannose isomerase-like protein	33.21%	5	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFERLEAK.L R.VALADAEANGVFLDEIDKIAVDVVR.G R.VELGALTEEDFVR.I R.DLLPLIEGTTVATK.Y K.AGLPEQYVALLGTEGVTLNFAPDAIAR.V R.QQLPAELRDEVTPK.N R.QLADVGDVTDLSK.Y K.FTEVGYVGR.D K.LAAEVNEKVENIGAR.R K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.K R.RLQTHMR.L R.DLVEEAVR.L R.AAAEEAAMER.L K.TDHILFIASGAFHVAKPSDLLPELQGR.L K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.A R.VALADAEANGVFLDEIDK.I R.LPIRVELGALTEEDFVR.I K.LAAEVNEK.V R.AGSTGAPGAATPGRQGG. R.TLDPGETYQVPPAYIEQFTLR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQK.T R.FLSVPEDEALIAAQNR.D R.DADASEPESAASTVPAAK.A R.ELEEDYGSRLYEAEPDTPAR.L R.EAAGLSLADVATR.T R.DVPGVPADTLVK.N R.AVNLPEAIEGAAIR.R K.SDFSLEPGR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQKTNQR.T R.HAAIEKSDSELPGR.T R.MTDEDVAPQGEALATR.T K.NISLKPADLIAR.A R.LADPAASEDTTPASLAPTVK.A R.ELDEVYGDKAPQDVR.T R.VDALETQLALITGQTEQNAFHLR.E K.APAATAAVATPTR.P R.TVFPNGNPTFFEGEAPDNTPGER.A R.AYLDEGKPSLAAVAFYNNYK.D K.APAATAAVATPTRPASK.P K.AVEVPATGNETKDAYDYGYR.L K.AVEVPATGNETK.D K.WPQSSYASFAQNLGR.A K.PGAKPAGPDAAR.L R.APHSLMYMGVALDR.L R.ANAPVIDLTR.V K.DAYDYGYR.L R.YRDNQDEVFLGHVSRS.A R.LVEEGEAVAR.K R.LIASDEFEAKDK.V R.LAAALLEYETLSGEEAKR.V K.GALLVSPGTGK.T R.LAAALLEYETLSGEEAKR.R R.RLVEEGEAVAR.K R.KVLTDHIDELHR.L R.GTTPVSGHVGGLPQIK.R R.IAEQLIYGEDELNTGASNDIQQATEMAR.A R.AQNMSEETAK.L K.EVILSEDRVTGTLNSGDR.F
YP_616639	Sala_1593	Mannose-1-phosphate guanylyltransferase (GDP)	8.12%	2	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFERLEAK.L R.VALADAEANGVFLDEIDKIAVDVVR.G R.VELGALTEEDFVR.I R.DLLPLIEGTTVATK.Y K.AGLPEQYVALLGTEGVTLNFAPDAIAR.V R.QQLPAELRDEVTPK.N R.QLADVGDVTDLSK.Y K.FTEVGYVGR.D K.LAAEVNEKVENIGAR.R K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.K R.RLQTHMR.L R.DLVEEAVR.L R.AAAEEAAMER.L K.TDHILFIASGAFHVAKPSDLLPELQGR.L K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.A R.VALADAEANGVFLDEIDK.I R.LPIRVELGALTEEDFVR.I K.LAAEVNEK.V R.AGSTGAPGAATPGRQGG. R.TLDPGETYQVPPAYIEQFTLR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQK.T R.FLSVPEDEALIAAQNR.D R.DADASEPESAASTVPAAK.A R.ELEEDYGSRLYEAEPDTPAR.L R.EAAGLSLADVATR.T R.DVPGVPADTLVK.N R.AVNLPEAIEGAAIR.R K.SDFSLEPGR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQKTNQR.T R.HAAIEKSDSELPGR.T R.MTDEDVAPQGEALATR.T K.NISLKPADLIAR.A R.LADPAASEDTTPASLAPTVK.A R.ELDEVYGDKAPQDVR.T R.VDALETQLALITGQTEQNAFHLR.E K.APAATAAVATPTR.P R.TVFPNGNPTFFEGEAPDNTPGER.A R.AYLDEGKPSLAAVAFYNNYK.D K.APAATAAVATPTRPASK.P K.AVEVPATGNETKDAYDYGYR.L K.AVEVPATGNETK.D K.WPQSSYASFAQNLGR.A K.PGAKPAGPDAAR.L R.APHSLMYMGVALDR.L R.ANAPVIDLTR.V K.DAYDYGYR.L R.YRDNQDEVFLGHVSRS.A R.LVEEGEAVAR.K R.LIASDEFEAKDK.V R.LAAALLEYETLSGEEAKR.V K.GALLVSPGTGK.T R.LAAALLEYETLSGEEAKR.R R.RLVEEGEAVAR.K R.KVLTDHIDELHR.L R.GTTPVSGHVGGLPQIK.R R.IAEQLIYGEDELNTGASNDIQQATEMAR.A R.AQNMSEETAK.L K.EVILSEDRVTGTLNSGDR.F
YP_616640	Sala_1594	20S proteasome, A and B subunits	40.43%	5	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFERLEAK.L R.VALADAEANGVFLDEIDKIAVDVVR.G R.VELGALTEEDFVR.I R.DLLPLIEGTTVATK.Y K.AGLPEQYVALLGTEGVTLNFAPDAIAR.V R.QQLPAELRDEVTPK.N R.QLADVGDVTDLSK.Y K.FTEVGYVGR.D K.LAAEVNEKVENIGAR.R K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.K R.RLQTHMR.L R.DLVEEAVR.L R.AAAEEAAMER.L K.TDHILFIASGAFHVAKPSDLLPELQGR.L K.AIVAAALDTHIIGQDAAR.A R.VALADAEANGVFLDEIDK.I R.LPIRVELGALTEEDFVR.I K.LAAEVNEK.V R.AGSTGAPGAATPGRQGG. R.TLDPGETYQVPPAYIEQFTLR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQK.T R.FLSVPEDEALIAAQNR.D R.DADASEPESAASTVPAAK.A R.ELEEDYGSRLYEAEPDTPAR.L R.EAAGLSLADVATR.T R.DVPGVPADTLVK.N R.AVNLPEAIEGAAIR.R K.SDFSLEPGR.T K.AGGASAGVAENAPVLTGLSEVWIGFDDAEQKTNQR.T R.HAAIEKSDSELPGR.T R.MTDEDVAPQGEALATR.T K.NISLKPADLIAR.A R.LADPAASEDTTPASLAPTVK.A R.ELDEVYGDKAPQDVR.T R.VDALETQLALITGQTEQNAFHLR.E K.APAATAAVATPTR.P R.TVFPNGNPTFFEGEAPDNTPGER.A R.AYLDEGKPSLAAVAFYNNYK.D K.APAATAAVATPTRPASK.P K.AVEVPATGNETKDAYDYGYR.L K.AVEVPATGNETK.D K.WPQSSYASFAQNLGR.A K.PGAKPAGPDAAR.L R.APHSLMYMGVALDR.L R.ANAPVIDLTR.V K.DAYDYGYR.L R.YRDNQDEVFLGHVSRS.A R.LVEEGEAVAR.K R.LIASDEFEAKDK.V R.LAAALLEYETLSGEEAKR.V K.GALLVSPGTGK.T R.LAAALLEYETLSGEEAKR.R R.RLVEEGEAVAR.K R.KVLTDHIDELHR.L R.GTTPVSGHVGGLPQIK.R R.IAEQLIYGEDELNTGASNDIQQATEMAR.A R.AQNMSEETAK.L K.EVILSEDRVTGTLNSGDR.F
YP_616641	Sala_1595	heat shock protein HslVU, ATPase subunit HslU	47.58%	17	R.ETTERPEGIEAGTAR.L K.AJEAJAGIARPDVAVIFVHPNPHVR.S R.SAMEPLGALPNVALIDPLDYPHFVR.L R.LLALSTLVLTDSGGVQEEAPSLGKPVLMR.E R.LVTGLGEAFDAEKPR.I R.EMLDQVLEIAR.I R.IVSEIFSLDDDEGAYNAMAR.A R.ITPDIDLDMVTPQSLDALLAR.L R.IHVTGNTVIDALLATQAR.I R.IEEEPSLAAGLPLAR.R K.VTGAVADLHFAPTEAALAAAR.A K.VHIEEVDLDGLVQGVVSR.G R.AIAPQLVPGNLVILESTSPVGTTEK.V R.GLWVQPSVGNTRFR.A R.GDKIVYDTR.G R.ESPVAEVAALAR.R K.HVVTVNSGK.V R.LETIIKEPWGR.T R.ADAIALEPGAR.A R.HAALDGTIVNMVDWR.A R.CKEECWLVLAADPGAEGLVGLNAPPTSEALR.H R.ELHDLGLAVALATKPVADPR.D R.IGEIIALDAADNYLR.A R.NTAPAIALAALAAAR.S R.LHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.RLHDGSGVIGFAGATADAFLLFER.L R.AJADYKQPEVLAQK R.NLEAMMIVADR.E



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.PFGDANPQGA. R.VTGLNSGDR.F R.NAPCVFIDEIDAVGR.H R.GTPGFSADLANLNCNEAALLAAR.K K.VLTDHIDELHR.L R.VTFDDVAGIDEAREEEIEVFLKDPTK.F R.IAEQLYGEDELNTGASNDIQATEMAR.A R.GAGLNGNDER.E R.FTANVVRDPDLK.M R.AMUMEYGMSEK.L R.ALGVTNLPER.D R.RSEGVQIADVIANSFNIAVK.S R.TLLNPLETR.A R.VVIDDDTDPDEISSISR.S K.DLHEALVGSLLQK.V R.EISGSELVDR.D R.EIAEQTIRPK.D R.SPAGGGDFE. R.LTAAAPRSPAGGGDFE. K.VPNRFDLVLSAHR.A R.VLRPGGAFVYQFR.A R.FIAVHGSAADVEDVIR.A R.ARDFLAAHAR.I R.AHGFDHADYVLSGLPFTLPAGVGAIAAATHR.V R.PVLEHLAGDATLIAIDTNEFDVYDLR.R R.LNLEDGTIPSEVLDELVLR.A K.AAPSLIFIDEISIAPK.R R.GSGTSGEPQVTER.V R.AVAPTFIFDELDSLVPAR.G R.TTFGVGADMAALTR.E K.WYGSEQQIAR.L R.VVAPYPEDEGLNVIR.L R.TNLVIAATNRPDAIDALR.R R.GVLLHGGPGTGK.T R.LRDFEAAAK.A R.SFFGRPLVAGDVTATAGQQR.V R.RTDVTVYDGLGGETIDQLR.E R.VVFAPAENLR.L R.LVAQLLTMGDLEPR.T R.GMPLGDVWDELDELAR.T R.ASVTEAMEKDYEK.I R.ANAGAGADMVLSR.V K.MPLAGVDLALLAER.T K.GFLLYGPPGTGK.T R.FTGADLEDLSR.R R.VSAGMPPMLR.Q R.WSDJGGLDAR.D R.TDVTYDGLGGETIDQLR.E R.PLVAGDVTATAGQQR.V R.LQGSANALKR.S R.AVANESEAQFFLINGPEIMGSAYGESEKR.L R.AEESGGGIAR.I K.AMSVDPIFFAPGMLKPVIR.D R.LDELIVSVPR.E K.GVVTIDENTEVLLPEYQEPHDAR.R R.SIGADVTMADFEALKDTR.A R.SIGADVTMADFEALK.D R.LDELIVSVPRDREGR.R R.GQVHGEAEKR.L R.EIIVGVPEK.G R.AAMAEGLSEGDVQVSGKR.D R.AAMAEGLSEGDVQVSGKR.R K.SDLSLW R.LGDDIDAIALAR.S R.LHLNVLPLFAQQR.L R.FEYLTSEASFAK.Y R.IASELPAAPQR.F R.VVAGIEHLSSLPR.G R.VQDNYVQWGDATEK.K R.NLSPDTGSAELYVIGHAPR.H K.LAAAHWWDGTSINR.V R.DPPAETLVFR.G R.VVIQLMPAPFSQWIGNIR.K R.VQDNYVQWGDATEK.A R.GTGALGFYEEAQRVPIASVR.I R.GTGALGFYEEAQR.V R.ESEYEAPLDKYLQALHTK.M R.ESEYEAPLDK.Y K.MKSEAGLLAAFR.Q R.TNAETPQDAR.V K.TVVGLAEASGDR.F R.LLDPLLEFLPTREEDFADVAAAAGVGIEALK.A R.VFDLTHYR.D R.FGDVAVDPLLSVR.S K.TGLDYSASPYR.V K.DQLWGAIVGAVFASWESDR.A R.VDPGALQLLHPTLDPK.A R.GDFAIFGVMAGLPTVTR.L R.LAAQAALRK. R.VETSPDHGMHAHK.G R.EIAYLVGTMIELPR.A R.GGMTSHAAVVAR.G R.LAAQAALR.K R.AWYGEWLINAQGEDVVAGIR.T K.GFYLDTEMAEDWQALVK.Q R.VSNPQHMDTVLNLGLNDK.T R.LGVTYPETEYMQAR.A R.ANELHEFNMLGHR.G K.RFGDAVDPLLSVR.S K.MVHLFGGAVTTAER.S R.TEHMFFDAAR.I R.GKLWMLQTR.S R.DMQDEFTVER.G R.DFGAEGIGLCTR.T K.GREIAYLVGTMIELPR.A K.GLPASPGAASGK.I K.GIFLTDPFVSLDVEGVQLEIAAER.G K.AAAMGEAVILLR.V R.TPQYTK.A R.FLTQYVVK.G R.EMILADSEGR.R K.TGLDYSASPYRVPIAR.L K.QYQAIVER.E K.LWMLQTR.S K.IIMPDAESA.K K.GLPASPGAASGKIMFADSAEK.A K.AAAMGEAVILLR.V R.GGAAQVLEEGTPGLR.L R.AGLGIIALTVR.S R.HDLIDAVFALGEGEDDLVR.L R.FTGAVHGVADFSK.I R.ATAEVLAEJAIPIVR.A R.FDEAFVAVPEVIQIATR.V R.AEGLPQAVADAIR.D K.AAADAGLSLVEDEGLVIENAGLIEWPVPLLGR.F R.FTDAMAALASLR.A R.DLDPATAVSSEELKGR.T R.APIDAFFEGVMVNDPDEVIR.A R.YFVDQDIVDEREYDAYTK.D R.TSAPPQALEGFLR.K R.GDIGTWLAAAR.R K.ADLVTEMVGEFPELQGLMGYYAR.A R.DSASSELR.W K.YFVNDADGK.L K.LGTVADKVER.V K.DAASIGLATVFMDEVRFIADR.L R.YFVDQDIVDER.E
YP_616647	Sala_1601	hypothetical protein	12.65%	2	
YP_616648	Sala_1602	DNA-directed RNA polymerase, omega subunit	72.81%	7	
YP_616650	Sala_1604	Methyltransferase type 12	47.17%	5	
YP_616652	Sala_1606	AAA family ATPase, CDC48 subfamily	64.04%	38	
YP_616653	Sala_1607	transcriptional regulator, LysR family	8.90%	2	
YP_616655	Sala_1609	putative secreted peptidyl prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin type	51.19%	14	
YP_616656	Sala_1610	Pyruvate, phosphate dikinase	49.15%	38	
YP_616657	Sala_1611	Glycine--tRNA ligase	58.37%	30	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.ALQAFMATEDGNTNLLAGYK.R R.EAGVRHDLIDAVFALGGEDDLVR.L R.DGVWFAVDKPKGR.A K.TSLTQDQLEDR.D K.LAEWLANEGIVPNCDPALAR.Q R.RYFVDQDIVDEREYDAYATK.D R.KTGLTQDQLEDR.D R.DHYKPVGGDDVPTAPVTVVALADK.L K.TGLTQDQLEDRDGVWFAVDKPKGR.A K.QASVPAEAGTR.G R.FSDPVGVDVGVSYGDVFLENER.Q R.SLGPPEWNAVYVQPSR.R K.WNFEVADTALFAGFK.A R.VGAGTFHPATL.R.S R.LAMYIQNVVNDVYDLR.F R.AIDAGVPLAAYDQAEASHLFLNLLQAR.G K.KPLSFQDMILLTHAVWSAR.G K.AWIDSQSER.W R.ASGKPVAGFETLGEQLGFFDSLPEAQI AFLNSVVK.D K.LGYDPEQGAEK.Q K.GDPDGLAVAMNESLAATPALAQTLLYDR.N R.MEQPSTVAVGAGHLAGEK.S R.GLTVTRVDY. K.DLKLGLPTLDR.M R.TMLPLAIDANGTTLTSR.L K.SVQDYLKER.G K.SSDGDTTKDEGEDAAEGDEA. K.GVESAITDRDFTIATVAPSALK.S K.DATVQVAVPVVFQNEEK.S R.VPAVVYGGKEEPLMIHVEEK.L K.RGGVLNIVR.H K.DVAFHPK.D K.QLMTGFPMNSVMIEVGGK.Q R.TLPKDVAFHPK.D R.GGVLNIVR.H K.GVESAITDR.D R.VPAVVYGGK.E R.DFTIATVAPSALK.S K.DEGEDAAEGDEA. K.DATVQVAVPVVFQNEEKSPGLK.R K.EEPLMIHVEEK.L K.DRPIHADFLR.I R.VPAVVYGGKEEPLMIHVEEK.L R.NGRVPAVVYGGK.E R.IAKDATVQVAVPVVFQNEEK.S K.DVAFHPKDRPIHADFLR.I K.QLMTGFPMNSVMIEVGGK.Q K.GGQVFNISQLGR.V R.AVHPGTRPQAINR.V R.GAEEGIDILTR.E R.EGVAVDEAIR.E R.AAADHVAQVSR.S K.IATSVLGGQALLDLR.E K.IIATQLAFVDIAGLVR.G R.AWTVHQGATAPEAAGEIHSDFQK.G R.AGYELLHLITFTVGR.E K.GEGLNQFLGNIR.E R.AETIAYDDYVALGGEAR.A K.VDPVADAEVETELLADLESLEK.R K.AAQGDKEAK.I K.KIATQLAFVDIAGLVR.G R.LVEPQDDEEAR.V R.EVDAIVHLR.C K.AYVHDGDMVHFLHS. K.AAEGAQVAVVSAIESELVMDMADRLEFLAEMGLK.E K.AQVGVQITPTQIDGVR.I R.FATMFLNVDLLAR.R K.IVNLDVWAGYEVAR.T R.TAYQTLDDIDQAVR.S R.ALFDLDFR.T R.YGDLMAHQDLDR.Q R.VGTDLWAR.M R.SVHAHLSFDDHEIR.N R.QDYLFDDGLPIRVR.Q R.EDLAVVHYGDFTYEYR.Q R.TLSVAEMNALLR.Q R.LVTDIADDLAGYDAALGNLR.L R.AEVAATPPAAEHRIGAR.G K.EISINQAQAEALSEPIGTIVEGVR.I R.RHHNLLIGESTAER.I R.GLAYTTSVR.A R.RHHNLLIGESTAER.I R.IPADVGLTIHK.G K.GIVLNPSVAVETLNGIKR.R K.GIVLNPSVAVETLNGIKR.V K.FNSQDMAIDLTANTVYVVR.G R.AGGDKMDEAIVSYVR.R R.SPEIVCPSGSTSVR.R R.KGKGLVNEPSSVAVETLNGIKR.R R.DATGLPVTVADPLTCAIGTGR.A K.VHGGKPAFR.S K.MDEAIVSYVR.R R.QLVATSSLQENR.Q R.IASQELAAPIAR.G R.TLIANNPKPGDILVTSGTGLYPPNIPVAIVR.R R.NLGVAGQPR.G R.SVIGSISGIDSVGAYVAQSQR.R K.LQETDKALANGYLLTSTSSR.R R.DLDTQPDVQK.T R.YATGVIHGMGGSR.A R.QFTNEPLPFAEALAVAR.A R.IGLVSEIVPLGELWPR.A K.AIVQSLDR.S R.AAVDALALVSR.R R.TVDDIHWSTQQR.G K.AQQGLVEYDAVAR.L K.VAVNAATLLR.R K.AFDAPLITWNIK.S K.LPVLLEDEKADIEFPNDLLQELDR.M K.LLLAEDMPLVQNR.D R.FEGTSAYIATDDLK.V R.SIGSLAAEAGGLVTEIQSGVEQSSR.A R.LGTHVNFVAAMVQVQVQSIESIAK.T R.DNSSTLAQR.D R.AEAQFETTDALHDATHLVALLDDQSDR.I K.SAAEIALMQIANDITLAAYR.H R.EGEVAVIPTFFPEPSVR.E R.KGQDVFAAAK.L K.WFSEPPSIDRPPA. K.AMPDATTVNGAPVVR.G R.VWINSPNAAVWVAR.A R.WALLAHPASVADTLHSLDALVAAGVK.V R.GTTRPLELFGAPDIDAK.A K.YEYTDVLDVINGGPGPLR.E R.HFGLVDYR.V R.DIWFQPTFK.H K.VSAVFRQHQVR.G R.SDQLAPVIEAER.S K.IGLSAVIEER.D R.GDWDSISNLAQ.G K.KMALIRGWDVSNLAKGNPSTGSGRTER.D K.LFTDLPLAEIAR.L R.IGGDLPHVAAPADIGIVDALR.E R.GVDAASTAETATQTEFK.G K.IGYIELQEVGR.H R.QLVLFGDPTDAMVDNQDWLGLK.L R.LEALEGAEINEAKK.I
YP_616658	Sala_1612	Glycine--tRNA ligase	41.64%	8	
YP_616661	Sala_1615	GumN	43.65%	8	
YP_616663	Sala_1617	ribosomal 5S rRNA E-loop binding protein Ctc/L25/T5	83.02%	21	
YP_616665	Sala_1619	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	8.21%	2	
YP_616666	Sala_1620	Allergen V5/Tpx-1 related	15.67%	3	
YP_616667	Sala_1621	hypothetical protein	56.71%	13	
YP_616670	Sala_1624	hypothetical protein	12.24%	2	
YP_616671	Sala_1625	Twin-arginine translocation pathway signal	20.73%	8	
YP_616672	Sala_1626	DNA mismatch repair protein MutL	8.79%	3	
YP_616673	Sala_1627	cell shape determining protein, MreB/Mrl family	53.74%	14	
YP_616674	Sala_1628	rod shape-determining protein MreC	39.33%	6	
YP_616676	Sala_1630	Peptidoglycan glycosyltransferase	6.92%	3	
YP_616680	Sala_1634	Enoyl-CoA hydratase/isomerase	9.77%	2	
YP_616683	Sala_1637	Acetyl-CoA C-acyltransferase	6.01%	2	
YP_616685	Sala_1639	ATPase associated with various cellular activities, AAA_5	32.03%	6	
YP_616687	Sala_1641	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer	18.75%	4	
YP_616691	Sala_1645	Twin-arginine translocation pathway signal	18.60%	5	
YP_616692	Sala_1646	Uncharacterized conserved protein UCP016719	27.61%	7	
YP_616693	Sala_1647	hypothetical protein	12.23%	2	
YP_616694	Sala_1648	Excinuclease ABC, C subunit-like protein	26.50%	2	
YP_616695	Sala_1649	tyrosyl-tRNA synthetase	72.27%	23	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.MDGADLYGLTLLTTAAGAK.M R.IVPAGGDIATSLGAK.K R.LEALEGAEINEAK.K K.MLSDEVIAANIASISFIFR.Q K.TAAGAVWLNPEQLSHFDYQWYR.N R.LQQTGHKPIVLMGGGTR.I R.GYHQMTEADGLDALAAK.Q R.LQMGGSQWGNVINGMELGR.R R.RMDGADLYGLTLLTTAAGAK.M R.NCDDRDVYK.F R.MDGADLYGLTLLTTAAGAK.M R.KMLSDEVIAANIASISFIFR.Q R.KLEEGAVR.V R.IGGDLPHVAAPADGIGIVDALRELGFAASNK.E R.GVDAASTAAETATQTFEGR.I K.QVPSYIGFDATAPSLHVGSLVQIMMLR.R K.KILANEATACR.G
YP_616696	Sala_1650	type IV pilus assembly PilZ	26.55%	2	K.TGVQFEKSIQVSDYLPIMR.A R.GLEPGDLIVR.M R.LVDVLFHPLTGLISR.I R.LSQAALADR.R R.LPFGLTGAQR.V R.GGCELLK.Q R.AMLTAVEAGTQAALLAPTEILAR.Q R.SAADILAAIASAAAPLTLAR.A R.DHGVTSLVQVDTWQALGSSSAR.V R.YGGESDGVADK.L R.VDTVADQGEFAVR.G R.QLATTIANGQR.I K.LYVPVENLDVLSR.Y R.TYVAPWDPVIR.E R.AADGFLPLLADLAR.A K.LLGLDLDLGGAGFQLASHDLDIR.G R.LATLSLQAAAPR.R R.FGLAQLYQLR.G R.EALSPVITIDAPILIPEDYVFDLPLR.M K.AENAGAAPPR.E R.IREIAGELLATAAQR.A R.GGQSFVTPR.I R.GALVSFHGDQFANVPGLIAYVER.L R.YEGLTSIPVGNISPHDCVALTAYGGDK.L R.TIIASVSGGAR.E R.SRDTQESAAPTGVSTSLDTNGNK.G R.RGELLITVAAITQR.T R.GGLLDFPAGETGLR.V R.GAGNLVDEQSGHIR.E R.FAALADYHNR.V R.ELSVIQTPVDR.L R.EIAGELLATAAQR.A R.AYALTPDGGAITDTAEKR.L R.AYALTPDGGAITDTAEK.R K.NLGLVDEEQR.F K.LLGEARQR.R R.LGEIVATWQFLK.S R.ALGLLVAEGIENER.Q R.VSLNITAADLGDPEFAER.F R.WHPPELGLLGGAPLVAAR.A R.INNSAGTAAAGDAVLDEIGR.R R.FLVPATPLALGAR.A K.VDPPRLTELEQAMLSDPASAEHLAQR.A R.SRPLTLDFDQGLDER.I R.LAARPYLHPISGDIMTVSGER.H R.HILPAINEISLLR.E R.GTIGLMNFRVEGLDR.L R.VAASPASGGDDVSPGHIFPLIAGPQVR.E R.IDDLDAFIAR.H R.GGDDIFALAAR.H R.LGISLINPGADR.Q R.EGVGTGISAADR.A K.NALDYLEDLAGDARPYLDGR.A R.GPHGPDGAR.L R.FQLELVADQLVSGASFAAR.K R.AADGILIAAPYHGTISGLVK.N K.GAHVDVFGSYLALPHYR.G R.AVGLIATAYGDQATMSTMQTLR.S R.SAADGDGFVEENLWTGIGR.A R.AYQAEIGIEAFILSGYHAQEAFLAR.H K.LDEATSAIR.E R.IJLGPNAAGTGR.L R.HVLPHIAHAPLEL R.AEEGGFNILLPSGYQLGDDTVFAAAVATEVR.M R.AEEGGFNILLPSGYQLGDDTVFAAAVATEVR.R R.TLLNGEALHDGEPYQLK.L R.LLWNISSDMPGQQLAGPGR.Y K.LVATQPEISPLR.I R.SLGVSNFTIAQTDALNGLGSK.L R.VAAQNVSR.E R.SEWYDVLVAAR.G R.EIAYSWLMHPAGIVPIVGSQR.A K.GGIRPLPYDQSPVEIEAHASLR.R R.AMAGLPLAWSPLGGGR.L R.PLGNMGMSVSIWGMWR.F R.IDLWQHRPDLAHPQEVAR.T R.LLQAPVDVADPGVDQVR.G R.GIELPSELVAGFDDITLSR.T R.FINHNLYTQR.D R.YTWDDLSTHIR.A R.FNPNLTNAPDAR.D R.EGDFLPAIVGTAEHLDDGLVK.T K.VPIAITAVSGDRLEATGTTSEGITR.L K.SEGFEADLTAVPVDGLTLR.G K.NASAGLVNIVSK.G K.GPARNVFNHTATPNAVPIDEETSDAFEGLK.S R.GPQGTFLGKNASAGLVNIVSK.G R.FNDLIALTGLLR.Y R.ASVAGPLGGDWSGR.V R.APGVNSTGLPATPGISGNPAGGTVASGGTGLNTSSGSSNGNLSGK.A R.AIVGTAEHLDDGLVK.T K.VEENQK.V K.TQQFSVEAR.I K.GTTANSIVMR.G K.GGTDQLEAEAK.A R.IAFGGGSPNIAIPVELR.L R.YGIVEWAGNDLVRDDGLPYAR.H R.YGIVEWAGNDLVR.D R.VSLGVQTFAPHVQAIQR.I R.TSVGPAQSAVR.A R.NFQGFTEMAPVLLGFGASISR.F R.HVAAQFDSAR.G R.IFVEEEERAR K.GQFDLDGALR.I R.LAADGVVAGESR.F R.VHAGTLNLDAPIR.V R.VAAGADTAIADIAR.L R.FDLSLLTGESAPVAAQVDDR.V R.VWDATALEPMEMLVAAGER.L R.LAEVDLALVDK.T R.GDSIIQDFPSCSQ R.TVSLTLAPDSVTR.V R.LFIAAPGTGPAPR.Q K.GLVPATGGQTDGQR. R.ASLTASVNPQR.N R.DGILDAQVADVSHVR.T R.APMSALATPLAALPGKPELMQAQVAGGSASFR.V K.RIDEATGR.T K.LTDAIWLGGDR.A K.MLSAVYSLGGGEK.G
YP_616697	Sala_1651	DEAD/DEAH box helicase-like protein	9.84%	5	
YP_616699	Sala_1653	transcription-repair coupling factor	34.92%	29	
YP_616700	Sala_1654	diguanylate cyclase/phosphodiesterase	32.66%	7	
YP_616702	Sala_1656	NAD(+) kinase	27.73%	4	
YP_616703	Sala_1657	3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase	37.37%	5	
YP_616704	Sala_1658	NADPH-dependent FMN reductase	59.69%	6	
YP_616706	Sala_1660	Alkanesulfonate monooxygenase	41.99%	9	
YP_616707	Sala_1661	aldo/keto reductase	51.97%	9	
YP_616708	Sala_1662	transcriptional regulator, LacI family	11.28%	2	
YP_616710	Sala_1664	TonB-dependent receptor	33.75%	17	
YP_616714	Sala_1668	oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase	23.57%	7	
YP_616715	Sala_1669	cytochrome oxidase maturation protein, cbb3-type	45.10%	2	
YP_616716	Sala_1670	Heavy metal translocating P-type ATPase	14.20%	6	
YP_616718	Sala_1672	4Fe-4S ferredoxin, iron-sulfur binding	8.25%	3	
YP_616719	Sala_1673	cytochrome c oxidase, cbb3-type, subunit III	51.47%	10	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616753	Sala_1707	DNA replication and repair protein RecF	15.72%	2	R.LKLLADAGLVLPNAGK.S K.GGDIIVEAVAGNLTIDFR.Y R.LDITLAALSALAGQPDAPPARPLTLVDSEGAER.S R.NHAGADLAAAPGLVALHGDNSAGK.T K.LLAAPINPSDLGLLFGADMSTAR.A R.VVDELITTFK.S R.SDAQVALLK.G K.SHYSHEISLTDALDVEAQAYNAKR.T K.LAGQILTAMEAAVAVR.R R.RIEGDIWASALNR.D R.LPQDAQITITALLGADGAHAPTR.T R.QQVSNPPWAAVAVR.L K.GLTLEEAQR.C R.IAALDVAELVLR.L R.LLNVGKELHLLPLGAGLR.Q R.TPGALAEAVQELAAAPSPDVAASLDGR.F R.DREFDVIDAQFFYPDGPAAVR.V K.VGALIGEATTQQFGSK.A R.TALPEGDKAAER.A R.LVAGIADAFPTAK.T R.TTAVTEGAER.V K.TGSEVTVSGK.V R.GLNLVDVFGGQSVR.V K.VGPHSFVPR.T K.VGALIGEATTQQFGSKAVSIR.T R.LFSETQAGLTGQR.D R.GQSGPDDIAGELSTTGR.I R.DWNIDVVDSTR.I K.AFESLPGFAQAK.V R.VFQAVELGYSEASR.A R.IVQVPLQDPAALK.E R.VPVSSEIVPYAEGEGNAFEVLR.R R.MVDANADPAEAAAGR.V R.VPVSSEIVPYAEGEGNAFEVLR.R R.TVTPELGADSR.K R.RVFQAVELGYSEASR.A R.MVDANADPAEAAAGR.V R.IVQVPLQDPAALKELIGK.T R.IVMSPTSAGQTQAVANAMDTAR.D R.FDSAGSFTAK.V R.WALGTRTEPTIR.E R.TVTPELGADSR.K R.ERLSETQAGLTGQR.D K.ATLADVLQPGGKPAKD. R.DQVVTGGGIVGK.V R.VDDYADVEIAQGVK.V K.VTRVDDYADVEIAQGVK.V K.IAAVKPR.D R.LYAPDAVIDGAPGR.E K.ALTGGQADVIDVPGGDFIDESTR.C R.LIAAPLVDVFAAFTSADTLAR.W K.DHVAQLNSSLANLAR.V R.LRLTFDDPEVETK.S R.VAAVLQGVHDNYDITDFK.A K.IVSESAVSSGVR.R R.RIEALTGEAR.Q K.HNDLDNVGYTAR.H K.ALTAAEIAIDIEADVNAQIR.G K.LVDYTGFPYDLTEDALR.S R.ASSLVADGVLPSNEGR.G K.RPYSTAASSQK.C K.ASVSDTGKPLGR.L R.LLPSLTAEMGAAYPELIR.A K.ALALGGSGDGGAAAGPAVEQGVDAFLAQVVDGLDPK.E R.VAQLAEQLK.K R.LMTPDDAIAAGALALFGEK.Y R.LGGHVTQK.G R.ANHSATHLHAALR.N R.ALGDIALFK.I R.AQPLIAETLREEVK.F R.GDVLGQVAFK.L R.VAQLEQLK.A R.AGFDAAMAQQK.A K.AAVVALGGQGGGRPDMAQGGGPNNGAANDAVAAVK.A R.ASVAVGVTDDKTHHSVAVDLVK.A K.VGDTVQLTVAER.R K.QVSSGVAMLVAVNDGR.A K.EQAIHAWTLITQTWGLAPEK.L R.VDLRPSDITGMGLER.V R.LLDEATADMGR.G R.IEALTGEAR.Q R.AQPLIAETLER.E K.LTATVYHTDDEADLWK.K R.VDLRPSDITGMGLER.V R.QWLNDRDEALK.A R.LLPSLTAEMGAAYPELIR.A R.HAHLGAK.D R.GGPPGSPPEEDGR.F R.AGFDAAMAQQK.A R.AGDEVIVLNTQTFYGESGGQMGDAGMIATLEGAK.A K.LTATVYHTDDEADLWK.K K.ADDRNYSVELCGGTHVR.A K.AAVVALGGQGGGRPDMAQGGGPNNGAANDAVAAVK.A R.NYSVELCGGTHVR.A R.LMTPDDAIAAGALALFGEK.Y R.FRFDFSHPK.A R.ELADAKK.A R.DGQPVVEAR.A R.ASVAVGVTDDK.T K.KALALGGSGDGGAAAGPAVEQGVDAFLAQVVDGLDPK.E R.LSFQAANPR.L R.TDTSEVPPELIEEGVPK.A R.LGSAAPLEPR.I R.IJLWLEEGAPYEIR.F R.FYDRDPVNLAPPVAVHPLGK.S R.INQQLDAHFSYMESR.I R.GTDDHVSHLEWLHFAEGSAMPILLR.I R.AKGGAYGY. R.HGGSHLPER.G K.SPVLEDGGR.V R.VVIESGATTEYLCEH.H R.INQQLDAHFSYMESR.I R.GTDDHVSHLEWLHFAEGSAMPILLR.I K.LAAFVNACHAR.F R.SNAIDLVDVSAALVPR.A K.IGGTAAFVDAEHALDPVYAR.K K.ALDAALQIDR.A K.IGVYGNPETTTGGNALK.F R.KLGVDELIVSQPDTGEQALEIVDTLVR.S K.NGDEIVGNTR.V R.VIEYGPSSGK.T K.IGELDVGK.A K.SGAWFSYSIR.I K.TFLKENPELMGR.L K.LGVDELIVSQPDTGEQALEIVDTLVR.S R.GRVIEYGPSSGK.T R.GRTDVAEENHAGPDDVGGDAI. R.AEIEGEMGDSHVGLQAR.L K.QVEFDIMYQGIS.I R.ADPGQLEQVIINLAVNAR.D R.VAGDAPAAPQPAKPK.K R.HTPGDSYDDIQIR.S R.FDLVAELR.H R.AGTVYVTAQEGEGLER.F R.TGQAEYLVWR.F R.RPGLVLFMSYAEELQR.Q R.QSIDIDNVFLPKPFSVAQLAEATSAALEAAHR.G
YP_616755	Sala_1709	Alcohol dehydrogenase GroES-like protein	21.90%	6	
YP_616757	Sala_1711	transcriptional regulator, XRE family	50.00%	6	
YP_616758	Sala_1712	glycosyl transferase, group 1	12.89%	2	
YP_616759	Sala_1713	SecF protein	28.44%	8	
YP_616760	Sala_1714	protein-export membrane protein SecD	35.94%	18	
YP_616761	Sala_1715	preprotein translocase, YajC subunit	29.78%	5	
YP_616762	Sala_1716	Alcohol dehydrogenase, zinc-binding	12.31%	2	
YP_616765	Sala_1719	hypothetical protein	30.43%	3	
YP_616766	Sala_1720	alanyl-tRNA synthetase	61.65%	47	
YP_616767	Sala_1721	hypothetical protein	13.61%	2	
YP_616768	Sala_1722	glutathione S-transferase-like protein	69.23%	12	
YP_616771	Sala_1725	recA protein	57.78%	15	
YP_616773	Sala_1727	periplasmic sensor hybrid histidine kinase	24.72%	13	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616774	Sala_1728	Endothelin-converting enzyme 1	62.24%	39	R.LAGQSGDPVSMR.V R.IDDGGALYFAR.E R.GLGEAAVLLSK.D R.AANEAFLLR.A K.GTGLGLSTVYGIK.Q K.AFQVQPKQTLYLAPER.V R.GIGVNEESLLVQPSAFTGEAK.L K.LADWWTADVAFAEAGK.A K.GLSPIEPWLNQIR.S R.SVQFAHDDNISR.L R.SLDGFSVLPDAIAR.E K.LIADAPIGVIR.D R.ITDPHSPSIQR.T K.SVQPGDDFYAYANGSWAR.N K.MTIAELAAAAPGDFWATFLR.G R.AYSFALDAATVEAK.G K.SNFGMFTVLADLSQSR.T K.EAPVIDGLTGDQR.F K.ADDLFGNALR.S K.QIATVHWKNDSSDATK.V R.AVDFTTNMGEAVGQDYVAK.Y R.WYREGNLSQR.I R.FFLGWAQVWR.R K.HLENVLTAGEANAAAR.A R.EAFAYGTALSGTPQMQR.W K.ALIAQYDAYEVLPEK.L R.TQEILEAAK.A R.NTPIPADKSNFGMFTVLADLSQSR.T K.YDETGLADWWTPADVAFAEAGK.A R.IDGLSWMPETK.V K.LDGTFTLGENIGDLAGLVAYDAYK.K K.LDGTFTLGENIGDLAGLVAYDAYK.K R.AVDFTTNMGEAVGQDYVAK.Y K.MTIAELAAAAPGDFWATFLR.G K.LEIKADLFGNALR.S K.AYDFEK.Q R.SVDKAGLAK.L R.GIGVNEESLLVQPSAFTGEAKLIADAPIGVIR.D R.EQNLISQR.I R.DPFLKDNEN.N K.SNFGMFTVLADLSQSR.T K.PGQTLYLAPER.V K.NVLAAMGDR.I K.AAMDQLK.N R.NSPTREELLASR.F R.DQRHEASTSDTAAG. R.QGHTLVRLSYVFNRR.G R.EINKLHAGVAR.Q K.ALADASDLPIVVYVGR.T R.DGAFDAPTFAR.L R.AVVDAALASAGVI. R.VHDWFSFEVRL.L R.LPIPAASGAR.A K.LAEIPTVAVK.D R.VPVIAGCGSNDTATAIR.H R.HAQASGADAALIVAPYRNRSQEGMIAHFK.A K.DASGDLAR.V R.PAPNPTIEVSADEQR.A R.IANSGASDFQLSR.F R.VLENAVYDTR.D K.AIALDSFDPAR.T R.SLAQAPTDAAEWLETLTNR.L R.RQEHAHAVR.R R.APLSFYLGK.R R.VYGGSYPLVAAVYAGPWNWK.W R.TGADILDWIEAIPFETR.N R.SGAVDAALQASAVESANSIVR.T R.LAESSGDKLSAFNIAR.Q K.ASTPADHVLGK.L R.VPAGHEGNWTFIHATR.Q R.VLGMFPALTLADHDAR.M R.SAQANSLDAVEVSGFPTVR.V R.QLDDAFPPGTVIR.E R.ETPLVRRDYSLAWLAGQLAFR.D R.DAANAHFADAAQHYDQFYGLALER.L R.AWTSGLDDYETSR.V R.ALGEIGAWR.E R.AALAAGDRDAANAHFADAAQHYDQFYGLALER.L R.AAISHAGAR.G R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616775	Sala_1729	hypothetical protein	11.76%	2	R.NSPTREELLASR.F
YP_616776	Sala_1730	SsrA-binding protein	16.15%	2	R.DQRHEASTSDTAAG. R.QGHTLVRLSYVFNRR.G
YP_616777	Sala_1731	dihydrodipicolinate synthase	44.33%	9	R.EINKLHAGVAR.Q K.ALADASDLPIVVYVGR.T R.DGAFDAPTFAR.L R.AVVDAALASAGVI. R.VHDWFSFEVRL.L R.LPIPAASGAR.A K.LAEIPTVAVK.D R.VPVIAGCGSNDTATAIR.H R.HAQASGADAALIVAPYRNRSQEGMIAHFK.A K.DASGDLAR.V R.PAPNPTIEVSADEQR.A R.IANSGASDFQLSR.F R.VLENAVYDTR.D K.AIALDSFDPAR.T R.SLAQAPTDAAEWLETLTNR.L R.RQEHAHAVR.R R.APLSFYLGK.R R.VYGGSYPLVAAVYAGPWNWK.W R.TGADILDWIEAIPFETR.N R.SGAVDAALQASAVESANSIVR.T R.LAESSGDKLSAFNIAR.Q K.ASTPADHVLGK.L R.VPAGHEGNWTFIHATR.Q R.VLGMFPALTLADHDAR.M R.SAQANSLDAVEVSGFPTVR.V R.QLDDAFPPGTVIR.E R.ETPLVRRDYSLAWLAGQLAFR.D R.DAANAHFADAAQHYDQFYGLALER.L R.AWTSGLDDYETSR.V R.ALGEIGAWR.E R.AALAAGDRDAANAHFADAAQHYDQFYGLALER.L R.AAISHAGAR.G R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616778	Sala_1732	Lytic transglycosylase, catalytic	49.48%	22	R.DQRHEASTSDTAAG. R.QGHTLVRLSYVFNRR.G R.EINKLHAGVAR.Q K.ALADASDLPIVVYVGR.T R.DGAFDAPTFAR.L R.AVVDAALASAGVI. R.VHDWFSFEVRL.L R.LPIPAASGAR.A K.LAEIPTVAVK.D R.VPVIAGCGSNDTATAIR.H R.HAQASGADAALIVAPYRNRSQEGMIAHFK.A K.DASGDLAR.V R.PAPNPTIEVSADEQR.A R.IANSGASDFQLSR.F R.VLENAVYDTR.D K.AIALDSFDPAR.T R.SLAQAPTDAAEWLETLTNR.L R.RQEHAHAVR.R R.APLSFYLGK.R R.VYGGSYPLVAAVYAGPWNWK.W R.TGADILDWIEAIPFETR.N R.SGAVDAALQASAVESANSIVR.T R.LAESSGDKLSAFNIAR.Q K.ASTPADHVLGK.L R.VPAGHEGNWTFIHATR.Q R.VLGMFPALTLADHDAR.M R.SAQANSLDAVEVSGFPTVR.V R.QLDDAFPPGTVIR.E R.ETPLVRRDYSLAWLAGQLAFR.D R.DAANAHFADAAQHYDQFYGLALER.L R.AWTSGLDDYETSR.V R.ALGEIGAWR.E R.AALAAGDRDAANAHFADAAQHYDQFYGLALER.L R.AAISHAGAR.G R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616779	Sala_1733	transcription elongation factor GreB	31.25%	4	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616780	Sala_1734	peptidase C14, caspase catalytic subunit p20	8.77%	3	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616781	Sala_1735	N-acetylmuramyl-L-alanine amidase, negative regulator of AmpC, AmpD	32.31%	5	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616786	Sala_1740	CheA signal transduction histidine kinases	5.70%	3	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616787	Sala_1741	hypothetical protein	53.74%	9	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616788	Sala_1742	Pseudouridine synthase, RluD	15.16%	4	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616789	Sala_1743	RNA polymerase sigma factor RpoH	61.00%	15	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616792	Sala_1746	hypothetical protein	25.35%	5	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616794	Sala_1748	heat shock protein DnaJ-like protein	37.57%	5	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G
YP_616795	Sala_1749	protein of unknown function DUF344	44.49%	8	R.SENGDIYGR.K R.VTTLVGDDEAEAGSGR.I R.AEYDALLGDER.P K.TNISPAGFAALR.A R.SQALYEAEEK.G R.LIGEDPELTIADVLSR.H K.GRPALDFAPVGSPPFAAVK.E K.LTLDPLWTDAGLLALER.F R.AILLALLPQPEGN. R.GNVVGHSDIAPTR.K R.KDQDPEFPVEELAR.R K.TGAEDRLADPDAR.V R.VPLPLDLSVMTGVDIVLAR.N R.AAGQYFAIR.G R.AADAALVSGVLAVDR.L R.ETPTSLVGLVLR.A R.TAPAVLVQAVR.Q R.LAFGSAGGFCELVPEEAK.S R.IFLDIVER.I K.SAIEIIGDR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.LCHDLLSPVGFANGELLELADEKPEMR.A R.ILAEGEAASPMSR.T R.CIELLEQSR.T R.IDKDTSGLIVAAK.H R.ALAEALPNSR.E R.VVDHAGAILWDPAK.A R.QALHAAHLGFHPVTGNR.I R.GYGLPVSELISEGNIGLMQGVK.K K.SNPPAVVWALGGESLNR.Y K.TLEDLSQLYDVS.R R.ASIQEFILR.S R.FQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.HDLLTEALETLNERER.H R.HDLLTEALETLNER.E R.DVRRDLTEALETLNER.E K.NNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.KFPLTPEQYMLAK.R R.KRFQEHGDNEAAQLVTSHLR.L R.LATYAMWVIR.A R.MKNNLEAFEDGDLSPHVAK.I R.LTDPKTELEDLSQLYDVS.R.E K.LATDLVTEDEVSMNR.R R.SLATADAADAK.S K.ASEIEAATDKK.D K.IAEATGGLAFGNVTMGR.A K.ASEIEAATDKK.K K.DGDPGGERPKA. R.AQHYAWGGAGDGRS.S R.GWDYFAGLSAEDAAR.A R.AAEEAQGAR.S R.FAAGQAFAVELK.Q R.ALEILGLDPDAFDATK.K R.YDGYAALAAALDER.L R.LQAHHVIAQR.S K.LFVHTQEEQDKR.F R.YFEWPIGAPTEEK.A R.SVIMVEGWDAAGK.G



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.WAANEIAIEGVAFTQTLVAEPNLYPESFVER.C K.LQTSQATQVHVDFASTGSPSADDDVLAAMGAR.L K.ALGMGALLGVAQGSSTRPPR.L R.EGGSITAAQFLK.F R.FPLSPAYDKLIDSPIADM.K R.ANVVGVVGLVENMPDGNMRPQDIVTTMSGQTVLEVINTDAEGR.L K.WDMGGAGAVAGAMK.A R.EGGSITAAQFLK.R K.RLLVIGEGSEHDLER.G K.GVTFDTGGISLKPQGMMDMMK.W R.LVLCDAISWAQ.V R.LLVIGEGSEHDLERGAALTAK.L K.WDMGGAGAVAGAMK.A K.WDMGGAGAVAGAMK.A K.LIDSPIADM.K R.FVNDGVAWAHLDIAGMAWADKDPVYAK.G R.FPLSPAYDKLIDSPIADM.K R.FPLSPAYDK.L K.WDMGGAGAVAGAMK.A K.LIDSPIADM.K K.GVTFDTGGISLKPQGMMDMMK.W K.ALGMGALLGVAQGSSTRPPR.L R.VNDVQSQPTALPIDYR.Q R.NPEGDYAGER.I R.STYAVLGYR.L R.EAGSGILVPEIR.L R.VEIFGLPIPLPGLSHPANR.E R.SNGFEVAVPYLR.L R.RNEFDATGAR.S R.IGGNSYLSIAGWATQLR.V R.GDVYHSDENLTAIPGYR.G R.AFDLEDNLFAINR.F R.AFAGAQNLR.G R.WPFGFEFAGGTQLTFR.V R.VTYGVEWNSRP R.VQVATPPK.N R.PGFNINSIVQSYR.L R.LTDKPSLFPDGTGLTDR.T R.INGYATYGSVPLVGEDPDR.Q R.GLTLGQEVTLTAMVR.G R.ETSFAALDAASNR.V K.SIAYGASPIAEDVLR.R K.ALVPAAGAAPPAAIAWAR.E R.AFDASAAIAEAAIAGGQVAVPTETVYGLAADAR.S R.LFDALHAGAASAKPNIAVAIPEVGLGAINDR.L R.IALVIDDGPTR.A R.FYLAQVYPAITGLR.G R.ALVYAAQTDGK.L R.IAPIYEGTNGIAADLVGR.K K.VTEGEHAGLYR.I R.TALAEQSGDR.A K.LGDEAAASR.A R.ADVILPLAK.A K.LGMAGDGLV.R R.TVTDWMVGMANTADR.L K.IFITFGEHDLTDNIVHLVLR.T R.TPVITDKHPDVK.R R.IDAMAQHDR.F K.LITGEWNGTMMLEPAAGSDVVALR.S R.STAEKVTGEHAGLYR.I R.KLGMAGDGLV.R R.GAADFPELQQLVEACR.T R.FAAATPDMVEAIVAGIGFAAEVYAPLNR.V R.VGDTQPPKWDNGK.V R.APMVMMNAR.L R.ALIDDIAR.G R.VADAYADDQDHAQR.L R.LATGEPYIIFIDQVNR.M R.AGFAGVEADNTPAAK.F K.GESTPASAAPKGGGGEPE.V R.DALLDFGKELTQDR.Y R.AQVQASMLLAK.E R.YLLPESYQDLFAR.V R.WLLELAADR.T R.RFAIVTASR.D R.GGGIGTYWGA.VR.G K.NSDAVWNSILR.G R.GGVSQHLDFLTQDEKDVFK.T R.MLDNVLQYIDR.A K.LWFMPTPVLNSGGTGR.G K.TSGIIPVR.V R.SVGLGVMGFHSFLQAR.G R.TPYIDQASNLNIPADVEKWDLLMLHR.A R.MLDNVLQYIDR.A R.GIGEPVGNLNGK.T R.FAIVTASR.D K.WDLLMLHYR.A K.VTNSLNCSEITLPTGR.D K.TSFEIDQR.W K.IDAPAPEAK.G K.ALNLHGVLTIDEFMEAVR.D R.VMDSLTLAISQGSLLR.R R.VMDSLTLAISQGSLLR.R R.GSAACYLDSHPHEIEFLEIR.K R.AQVQASMLLAK.E R.FWNNVLENTR.G R.TEFLQAGLTVLR.F R.NLLTQIFR.F R.GDWNTVWTSFDNR.K K.ANDDGATTPAASDGEDMFAK.A K.TYKPEYPAWDFWK.R R.LEDAFIDLAFEGQVPGMTPK.E R.VFKTEIK.M R.AKHVDMQFGVETEDIAR.T K.LLILLSQPQR.A K.EKLLLSQPQR.A R.AAVADDGFSVVVDGAGVPLAR.E R.SAGVVVANGQELLVEGVR.A R.VSTQVENAVAAIPGTVDVQR.D R.GTGFNGKPAVILAQK.Q R.SAVAGGAGVVPVAPISGEVLDSALVQAGVGGQR.L K.AAPAEIEEGAVAFSK.E R.VITLGDGTGQLVQR.G K.AGSPDVGGIFRLLK.A R.LGDPALWVLR.V R.AAAATPDAFGHGAH. R.LGTIANAYQSGEIGVELLDAYEAAR.D R.VRVQASAAEAGR.L R.LPPANFLAPIAETLLDR.L R.VGFALPVVDVEALTVR.Y R.LLAPDGLLGAIVGDSGLR.L R.VGQNHAIQGSLLR.S R.SQLEADQLGVQYLR.S R.NADTFLASVDGLVGDPAQGVVEGR.S R.AVAGNLSISPTIQR.T R.SLPEWASTHPASR.V R.SAGYPPMALSTMLASLANQTSLDAR.L R.MAYDDYQTER.F R.RVDVTVGR.G R.KEGDEHPQLVQDFGGYAGPQASVNR.V R.SPGDFTVTLNPNVNAFIPGGVYVTR.Q R.IAQLATLGFGR.S K.EGDEHPQLVQDFGGYAGPQASVNR.V R.TVNGIPAYSTAR.V R.VNSQSGPVDVTVFAYEFGSQAFHVALTQAGR.G R.RMAYDDYQTER.F R.GGVDFPMFASVR.R
YP_616808	Sala_1762	Organic solvent tolerance protein	33.90%	18	
YP_616809	Sala_1763	AMP-dependent synthetase and ligase	9.40%	3	
YP_616815	Sala_1769	Sua5/YciO/YrdC/YwIC	25.08%	3	
YP_616816	Sala_1770	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	44.83%	20	
YP_616819	Sala_1773	Ribonucleoside-diphosphate reductase	52.07%	29	
YP_616820	Sala_1774	protein of unknown function DUF559	16.44%	2	
YP_616821	Sala_1775	Ribonucleoside-diphosphate reductase	29.66%	7	
YP_616824	Sala_1778	hypothetical protein	14.47%	2	
YP_616828	Sala_1783	acriflavin resistance protein	7.60%	4	
YP_616829	Sala_1784	Secretion protein HlyD	20.61%	6	
YP_616830	Sala_1785	outer membrane efflux protein	9.65%	2	
YP_616836	Sala_1791	Methyltransferase type 12	21.54%	3	
YP_616840	Sala_1795	peptidase M48, Ste24p	63.35%	21	





Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616860	Sala_1815	protein of unknown function DUF404	16.91%	4	R.TDSLLGVPGIWVYR.A R.TTQGYTPIDVLYR.R R.NYIAQPTLSLSTVPIFFR.A R.AAGSITIANAFSTGIADKALYSYMPDIIIEFYTGK.A R.LAAGETLDDLLPEAFATV.R.E K.AAGGLVFLATER.H R.TPLIISGPTDDKSELYR.V R.IREEVAER.E K.SINLIEGTEHVER.L K.EGVQIEPENQTLASITFQNYR.M K.GVHVTVNDYLAR.R R.WSDGLHQAVEAK.E K.VVIIDEFTGR.M K.SELLSFLEK.E K.AALVDAETWK.G R.INAFEPANQALDDAGLQGGQATFR.A R.EAYNSDITATNNELGFDYLR.D R.LLEAAGLLQGSNLYDIENTQVHHVNQALK.A R.GQPVLVGTVSEK.S R.VNEVVLQTEEDYEKDEK.S R.IFGPDTLFAK.M K.EHLATLDALR.Q K.LSGMTGTAATEAEFFDIYK.M R.SGAVTIATNMAGR.G R.FHESEAR.I R.IDEEEFYK.N K.NLEDGEAIGSK.W R.GENPYAAEISR.N K.QPINEKQEFALFER.M R.RIDNQLR.G R.GEIAEMATGEGK.T R.GEIIDSETVDDVMAAMR.A K.SELLSFLEKEGVHNSVLRN.F K.EGVHNSVLRN.F K.NINKEFGAJAR.T R.HFDVQMIIGSVLHR.G R.AQMVHRPFNFIVDEVDSILIDEAR.T K.QVVEYDVMNDQR.K R.VANILNLHPIDIEWMQEDAVDPEMFEER.L R.PMFGIVDEVDSILIDEAR.T R.IDTDYIVK.D K.QVVEYDVMNDQRK.V R.SGAVTIATNMAGR.G R.RWSDGLHQAVEAK.E R.IVAQAGR.S R.INAFEPANQALDDAGLQGGQATFR.A R.IDTDYIVKDGK.V R.GENPYAAEISR.N R.GEIAEMATGEGK.T R.AQMVHRPFNFIVDEVDSILIDEAR.T R.AETVNAIVADACPPGSYPEQWVVEGMK.E K.SILLQTLDHHWK.E K.MNIVTIPFRPIAR.I K.LSGMTGTAATEAEFFDIYK.M K.LGGNEEFRIEDELKMPAGPER.D K.LGGNEEFR.I K.AALVDAETWKIEK.S R.TIREAQER.G R.KQVVEYDVMNDQR.K R.IDEEEFYKINIDK.F R.HFDVQMIIGSVLHR.G K.AAGGLVFLATERHESR.R R.QFDVVDDATYAR.I K.SDRQFDVVDDATYAR.I K.TLDATGAADVANYGFTAVSVSPALFGSVK.G R.LAAGFEISPEVQAR.A R.HFAGQWVFGIADVNAQIDETAALLPOGAASR.H R.ATPGSAILNTGSAGFYGVGLAVYSATK.F K.AIFITGGSGIGR.A R.VDVTVDHADR.A R.IALDEAALDSELP.LR.R R.VDVLTHDANGLSER.D R.RFQWTHDPRDAITR.Q K.LDHPPEWSNVYR.V R.GLPDADADITIAAMAANPAYVERPFVETEK.G R.QLFADAGLAPR.D R.RGDAPSVAR.G R.GFDLTFGVK.V R.LTSGGAIDADAIEGDAVEAVVTGSGDLR.V K.VTGPDDVTR.R R.GPQVDELEIELDGMLSIGR.K R.PALVPLTGGDDVLF.R.E R.FGDLFAAPNLVATGPPSPK.M R.YAPADJALVER.H R.HGEPVTIDFLDPAAPGWLLGAK.R R.VLLLDHAEVGGK.I R.TPEDIAASLVR.A K.LLAPVEHEPEDLALAQ.L R.GFAAALSGEHSQNER.N R.GALDLAALR.V K.GRDLVSAQTGSGK.T R.ALNQGVQIVGTGR.L R.TLFSATIPKPIVQLAK.R R.GYEALTPVQLQTEAEAK.G R.GPAGPGNER.Y R.HGSDIAYQAVTVAPADIEGAVNLLR.L R.EFEDAVWR.L R.ISTVGEDRGHGDIAQVTVAPADIEGAVNLLR.L K.KGTAVIIVPYR.R R.VAVLDEADEMLDMGFRDDLEILDATPETR.R R.TANQDGEDDSGVAITPAPDPTWPPRR.D R.INAEWMDAPTAADVQ.R R.GHYSKNEIGAIR.I K.TVAFGLAMADELIEDGRLPFATSPALIVAPTR.E K.GTAVIIVPYR.R K.AIGATVIGTVSTEAK.E K.LPAAIDETAALLK.A R.DVALDGPGRQVLR.Q R.YKTDVAGHVR.E R.QAVGLNYDIYHR.D R.IVQAPSLFKLPAIDETAALLK.A R.SYIEDELPSVLR.N R.SVSASFPIVAPIR.C R.NFASADLR.Q R.EGGFQQLVLYR.D K.AGVENGTAIEDPPGIR.E R.FYDATFAIGKPPVDDK.G R.EGGFQQLVLYLRDPSGNK.L K.LIGATAHFVTSDDLEGPPIEQAVER.V R.FPGLAGVQDAFPIAR.R R.GGAEVILAR.Y R.LTEWHGVPHYLPVSDANR.A R.AEQESAILDV.MAR.G R.YMQVLSSELSAR.L R.WSTGNLAIDIVGVSNHEHLR.R R.DVEAQVLR.A R.DGIFLDSQYADLDSGR.F R.VVYLVLR.D R.FYDALGLVGAEEVIDER.G K.KPLEIVELLEGPK.A R.GWGTSTIIIGVAEAK.E K.VQVGDNVVFFLGGIGLNVIQGAR.L K.EIATRFQLVTR.N K.IIGVDINPAR.E K.IREDAPFQACYIGCVTTGVAVINTAK.V R.KFGMTEFLNSK.G R.EVAGVTSVVPDGHVPLTYPECR.Q
YP_616862	Sala_1817	preprotein translocase, SecA subunit	69.26%	58	
YP_616864	Sala_1819	hypothetical protein	28.14%	3	
YP_616865	Sala_1820	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	34.08%	4	
YP_616867	Sala_1822	heme exporter protein CcmA	14.43%	2	
YP_616870	Sala_1825	transcriptional coactivator/pterin dehydratase	36.07%	3	
YP_616871	Sala_1826	arsenate reductase	35.96%	2	
YP_616874	Sala_1829	hypothetical protein	32.66%	5	
YP_616876	Sala_1831	HI0933-like protein	21.14%	5	
YP_616877	Sala_1832	DEAD/DEAH box helicase-like protein	49.18%	19	
YP_616878	Sala_1833	Alcohol dehydrogenase, zinc-binding	24.39%	6	
YP_616879	Sala_1834	Carboxylesterase	12.41%	3	
YP_616881	Sala_1836	Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	43.65%	4	
YP_616882	Sala_1837	formyltetrahydrofolate deformylase	49.31%	9	
YP_616883	Sala_1838	Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	21.09%	2	
YP_616884	Sala_1839	Alcohol dehydrogenase, zinc-binding	58.92%	18	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.EDAPFQACYIGCVTTGVGAVINTAK.V K.IVDMYMTGK.I K.IIGVDINPAREEWGR.K K.IEIDPMITHVWGLEEINK.G K.QQPIFHYMGCTSFNFTVPEIAVAK.I K.GFDLMHAGESIR.S K.FGMTEFLNSK.G R.KFGMTEFLNSK.G K.TNLCTAIR.A K.IEIDPMITHVWGLEEINKGFDLMHAGESIR.S R.GALNALLLSEEAR.A R.LLANVLLR.D K.VGLVLTGGNIDTR.L R.TPTLHSQTLSELVGAEVWLK.F R.LGVIPVITVMPSTTPQVK.V K.FENLQFTAAFK.E K.FDDAYAHAR.E R.LQDRPGALFK.V R.KVGLVLTGGNIDTR.L K.TVVEGAGAAGLAAMLHPDEFAGR.K K.QVNIIEIYHQR.I R.DREHLDLVTALR.D R.AVSLLLQIEK.T K.VSQTAGHGATVILHGEK.F R.GVIAASAGNHAQGLAYHGK.R K.VSQTAGHGATVILHGEKFDAYAHAR.E R.VNGATLPVAVSLDQFYADVQK.V R.HGGAVAVSPADAAR.D K.LDTDKVFEAVSGGAASWQMLNR.W R.KDGLLAIDEAR.V R.AGHHLTVYNR.T K.MVNQIATAGVLQGLSEALR.F R.MVHIGGGPAGQTK.M K.GSLFIDHTVTSAR.I R.LAFGSDVPEESANFAGLAAAIR.T R.TDAAGQPFQGWHPPEAVSR.E R.FTGLVIDGEGK.V K.VVASMQPVHQTSDR.L K.QLAVRILSYGGIDINMAIAGSEPTPWLYDDR.L K.LYLDGALSKR.G R.FPTAALDAAVSNRPVWLER.V K.LLEQGITAIADMGTTIAEWQAYR.R R.TAAYGAFAER.I R.FQVAIHAIIDAANAELAAIADLADLPGERR.W R.YAENPEMPWIIGR.G R.VDGHAGWANSAMAAMAAK.V R.MTPLETWIGCYR.Y R.LQDGSIAFPDALAGIVDAVDGRVEICDGGITR.G R.AADIGATAIMVSNHGR.Q R.AAANAGTMAGISSLATIGLAEAGALDGP.K K.LSHDIGPVSITGMVAVAPK.Q K.VAVQPTLVSHESGFYAGVWSSLPDSPAYK.F K.AVDTLDPVTVFLGASF. K.SALGIGNLLWAGIGDTR.V R.ETDITGTTGGNGR.H R.VLSAEPEEVR.V R.TVQALEDALGHK.T R.IGVNAGSLEK.D R.IGVNAGSLEKDLLEK.Y R.LLAGTTPPALADAFAGR.G R.GVAHDFSADEAGAR.I R.MMDEWTVMRVGDALTR.L R.ADLPLIAEFIR.D R.YPAEYTNPENSIGYLAR.V K.LAVLSEIKA. R.TLTHVSAGQWR.F K.TFVYTPHAK.K K.QARYPAEYTNPENSIGYLAR.V K.KLELILAPMNAEIHAIATK.G K.VAAYLFGYLR.R R.NQAIQFPLVETATQAEMLR.L R.MTFADVWVDSAR.L K.DGSNLWMAVIR.E K.AEFLGGFGR.R R.LGPDVGGLSIAQSFVHQNR.I R.ITEGAEIQMR.K R.HEWEALLK.E R.DGVDSWLNLR.K R.AMQVHGGIGYSR.H R.TAEQELDLVR.L R.ALTDLLSGTATLARPGLLAK.L R.LLETEAPESER.A R.ARPVPSQAPAPTGEPTNR.E R.SDATLTFPLAIMR.Y R.IAEGTSLVR.R R.SIEAALADGREWLAVGR.F R.SIEAALADGR.E R.LSPAWEAFVINDTR.A R.VVDADGNPLPTGEVEVTVSR.S K.VILYGAAPLLELR.Q K.MVFAFGFEGELADQLAGR.L R.QCIVQFQAQFIQAYGMTETTGTISMLPPEDHPAGNKR.M R.IEEDIIAWAR.E K.AAADDAGLFAER.R R.LVPGAPLILYGPFIPEPDVPTAASNLDFDANLR.A R.AEAGLANLAPPLADAAAPDWPTGR.A K.IIEENMADEHPATFGR.M K.AVLQJFIALR.S R.SGPIGLPLSESETVR.H R.ARLDETLAAR.K R.ALAYILSHGADGLK.Q K.TFSTPHGGGPGSGPVVLSALAPYGLPFVAV.Y K.GLAEGFSTLDIAK.G R.KPVLAWEGDL. K.QVAEDAVLNANYL.R.S R.VILVPEAHGNTNATAAFAGFTVEDIPATK.E R.RVILVPEAHGNTNATAAFAGFTVEDIPATK.E R.SLEDVLDAPPAAGPCMHAEALFSDK.G R.MPGFADVHPLQVQETVQALAVINELAVWLK.L R.IDETLAAR.K R.VRPGDLGIDAMHINLHK.T R.PEMNAAGADDNVTFTGNR.A R.LGPDVAGVMITNPTCGLFER.D K.LTGMVGVAMSPK.A K.AISDAVHAAGGYVCDGANFNATVGR.V R.LYPTDAALENGLVAVTETVEDIAFAAALK.E R.AAMLGAIASSIDELFADVPAGAR.L R.LEPDTWAALAGR.I R.HVPSVDHLIQR.G K.VPVSVMNDSFFNEFTLLPTAAR.P R.AAGDGFPLGAGYR.H R.LAEQDILGGVSLGR.L R.GEFLATYTPQPEIAQGLQMLFEFQSQVAR.L R.LDGPAGLPMHASELAVR.H K.ALLSTGLHPHYR.S R.IDDMITLAEACQTAGALLIAVTEPVALGLIK.S R.GFVTLSTR.E R.DVLDVGGDPR.L K.VPVSVMNDSFFNEFTLLPTAARPVHR.L R.YSGDYALHFLNPR.Q R.AVEQGLAKDNPADLAR.Y R.MTLADKQLDALMDAK.A K.SQDALMDAK.A K.AASDVYAVDGTVTEAGNQLPEEDPALVNSDPEEGWFFR.M R.LEAGLPLYHDLDESIDPEADLAFASK.R R.VGLVIDKLPVR.E R.ILGLHLDGSPR.K
YP_616887	Sala_1842	threonine dehydratase	47.36%	16	
YP_616888	Sala_1843	6-phosphogluconate dehydrogenase, NAD-binding	42.81%	8	
YP_616889	Sala_1844	Amidohydrolase 3	43.14%	13	
YP_616891	Sala_1846	(S)-2-hydroxy-acid oxidase	20.94%	3	
YP_616892	Sala_1847	hypothetical protein	27.49%	3	
YP_616893	Sala_1848	1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl 4-diphosphate synthase	18.54%	6	
YP_616894	Sala_1849	hypothetical protein	10.75%	2	
YP_616895	Sala_1850	GCN5-related N-acetyltransferase	17.50%	2	
YP_616903	Sala_1858	transcriptional regulator, MarR family	42.86%	6	
YP_616904	Sala_1859	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	29.47%	10	
YP_616905	Sala_1860	aminoglycoside phosphotransferase	14.09%	4	
YP_616908	Sala_1863	glutathione S-transferase-like protein	19.90%	4	
YP_616910	Sala_1865	AMP-dependent synthetase and ligase	22.35%	6	
YP_616911	Sala_1866	protein of unknown function DUF938	19.29%	3	
YP_616912	Sala_1867	Glycine dehydrogenase (decarboxylating)	62.28%	19	
YP_616913	Sala_1868	Glycine dehydrogenase (decarboxylating)	55.97%	14	
YP_616914	Sala_1869	hypothetical protein	10.58%	2	
YP_616915	Sala_1870	glycine cleavage system H protein	44.72%	3	
YP_616916	Sala_1871	glycine cleavage system T protein	56.15%	10	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616917	Sala_1872	NAD-dependent epimerase/dehydratase	29.77%	4	R.ENAGLFDVSHMGQLSLGEGVAK.A R.EHLPDDITLHNHEDYGLLALQGP.K.A K.ALETLPVGDLSALKPGR.M R.LVFEADLVFHQAMPATWNGHAIATR.S R.LEAGLPLYGHDLDESIDPVEADLFAISK.R .MHEDDEIPIETATLPDADWHR.A K.FELDGNTEIGVVTSGGFAPSVGAPIAMGYVPTGLSEPGTAAAEVR.G R.LGEGLATIAAPLADALLHGSFR.R R.AVDHDLVLAEEAGR.A R.AVIAHFGATPLTLAR.R R.RPVDGLAPHHK.D K.NLYHHPQLAAEAGANK.V R.TLGGFSAEIAAAER.E R.LTHSIEVAQIGR.G R.ELVRDQIGVMVNDVIAATAANVADAGVASAEVR.A R.AETVPASSPPANPPTSAAVK.A R.LASNNNDATALLDAGR.A R.DLLGQDDAQR.D R.ASISLEDYR.A R.AIQLLTQQLR.A R.AALGFLLR.A R.VSVVATGIDGTGEAAQAPATR.S R.FELDPDANITWGSFNDSLDDGK.I R.SADAGIAELQHDVDTLIVPNQLFLVANPNITFK.E R.VEGDFIVANTDAQALNASPAER.R R.IQLGTQITQGLGAGSRPEVGR.A K.AMMGTGEAEGDGR.A R.IAVIGVGGAGGNAIANMIAAR.V K.EAFTMADEVQQVGR.G R.GAGTSDGDEKGDVADIPR.F R.GITDLMMVPLINLDFADV.R.S K.AIANPLLDGVMAGAK.G R.SIGGGTLFER.M R.LMEVDEANHIR.E R.GILTVGVTKPFMFEGAR.R R.YTHSGLVTSVIAIDKELTK.Q R.DDSNYGNPISR.D R.DALGPWQDFDR.L K.GVADALESR.G R.LAEAKPDVFNALHGVGPGEDTVQGLMDLMGR.Y R.ELTVAVLGDALAVTEL.R.V R.AVGMDYAEIYELVER.I R.MKDLALQHR.L K.YTDGLTEHVCADVPDDVAQR.M K.SGFYDYDAK.Y R.AVGMDYAEIYELVER.I K.LTPQAPLAPLWFK.S R.HSELPEGAVVGGATFR.G R.DLDPAPVPMALGLSNLIVR.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.DAGIAGMEFLR.S K.SGGAADWLFEPK.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.KTLALADLGYTYR.H R.GLMVGGAQVSEK.H K.TLALADLGYTYR.H K.SGIELQWEIQR.V R.QANVVDADALAASLAASIK.A K.TTTSVAALLDAGGIDPTVINGIINNYGSNAR.L R.QGSSDIADSYVVEGLR.K K.STVAIAGTHGK.T R.HNVQNALAAVAALHMGVPEDEK.I R.GTNVTPGPDGNR.F K.VAIGHAPENVGVAVVVSTAVK.R K.VGEIVTDEGVVTVDDYAHHPVEIR.A K.RGNPEVEAALQQR.I R.RAEMLAELMR.L R.LGASDWMVVEADESDGSFLR.L R.IITYGFSQAQDVR.G R.VVAVVQPHR.F R.GNPEVEAALQQR.I K.MAAGLASAVEGAA. K.IVSGFNGFAGVK.R R.VIHEQNAVLGR.V R.LLVVGGSLGATVLEVVPAAIAMPLR.A R.EEGFPILLEDGIFR.L R.VDAVAVYHIQR.Y R.DLADLVESFAAPMMDVIR.V R.AASGPLGLWK.G R.AASGIAAARR.E K.IPGAPAELETHVLPAGR.A R.DQVAIATDDDDPSK.M R.VLGLDDEAIFR.G R.SSLATVEALASAGVYTAWDDREAR.D R.DAHVPVIGDIEFAEAR.S K.AVGGLDPAAGLAFAPMPLTGR.G R.VADSAAALNLTASR.A K.GSNSVGLSHVVTALINGDY. K.ELGPGGEAYHAGLAAPLVAAGVQFALLVGEEMAPLAK.A R.HPSTADFGIFEMGPHHAGELALTR.I R.LGLLIRPDAVLUK.G R.IDFAHVPAPHDATAR.L R.IAVPGHILVIDESYANANPASMATIGQLAGESADR.K K.SYNNHVGVLPLSLAR.M K.GENADGHFSIDK.A K.GEIFFELGEPGTAIPDPSPHYAR.L K.EALFALDR.F R.TPTQLQLLVAAGDVTHK.V K.VDGAHVADANPR.R R.VLTVQAGEALR.L K.VAPGTLFGAFVGER.F R.FNGEDFFPDVAVAGAVAVVVARPDAK.V K.GHECQQLVGR.G R.VIPFDVSVAREEAA. R.LAALLDDWAGPNPVVTGLAIDHR.K R.AAIAAAIAAAR.A R.DAIAAAAAPGAQVIGDRR.A R.SGAPYVDYAHYTPDAIEAALDRLPHATGR.L R.LLIVFAGGDRDQAK.R R.HVDATFGAGGYTR.A R.HDPVLLVEIAALAIAPGER.H R.FSYTEPYTLDDSGR.F R.VGDVGATFVGSGR.R R.NNVPLNADGQR.V R.DRVGVDGATFVGSGR.R R.TSLDIGNTRVLLK.G R.DAEATGSLRPGTIVGTAGNTGIGLALVGNALGYK.T K.AEGSSVAEGIQNR.I R.YLSTLYNPEWLAAR.G K.TIIVMPDNQSAEK.M R.ITANLEGAPIOTQFR.I R.ISDAEGLAVR.R R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K R.ALGAELVLPAPFANPFGHVHTSR.R K.AHISGTAEEIWAQMGR.I R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K.A R.IDGFTCAAGTGGTIGTGLGLK.A R.IATLDSGFR.Y R.AALYVVR.D K.GPSEATGCEIWGK.C R.LLDEGLCLGLSSGINVAGAMALAR.Q R.KAHISGTAEEIWAQMGR.I R.AEVEWTDQTR.I R.AELLDLAAEAEEGHADAEEALTEQAGSR.G R.VLTDGIGSIDVSNTSADHAVITDPLTVER.I R.SGGFVYAPGLR.A R.GPAVLFGSQAIGGAVNLFDR.R
YP_616918	Sala_1873	Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase	19.74%	4	R.LVFEADLVFHQAMPATWNGHAIATR.S R.LEAGLPLYGHDLDESIDPVEADLFAISK.R .MHEDDEIPIETATLPDADWHR.A K.FELDGNTEIGVVTSGGFAPSVGAPIAMGYVPTGLSEPGTAAAEVR.G R.LGEGLATIAAPLADALLHGSFR.R R.AVDHDLVLAEEAGR.A R.AVIAHFGATPLTLAR.R R.RPVDGLAPHHK.D K.NLYHHPQLAAEAGANK.V R.TLGGFSAEIAAAER.E R.LTHSIEVAQIGR.G R.ELVRDQIGVMVNDVIAATAANVADAGVASAEVR.A R.AETVPASSPPANPPTSAAVK.A R.LASNNNDATALLDAGR.A R.DLLGQDDAQR.D R.ASISLEDYR.A R.AIQLLTQQLR.A R.AALGFLLR.A R.VSVVATGIDGTGEAAQAPATR.S R.FELDPDANITWGSFNDSLDDGK.I R.SADAGIAELQHDVDTLIVPNQLFLVANPNITFK.E R.VEGDFIVANTDAQALNASPAER.R R.IQLGTQITQGLGAGSRPEVGR.A K.AMMGTGEAEGDGR.A R.IAVIGVGGAGGNAIANMIAAR.V K.EAFTMADEVQQVGR.G R.GAGTSDGDEKGDVADIPR.F R.GITDLMMVPLINLDFADV.R.S K.AIANPLLDGVMAGAK.G R.SIGGGTLFER.M R.LMEVDEANHIR.E R.GILTVGVTKPFMFEGAR.R R.YTHSGLVTSVIAIDKELTK.Q R.DDSNYGNPISR.D R.DALGPWQDFDR.L K.GVADALESR.G R.LAEAKPDVFNALHGVGPGEDTVQGLMDLMGR.Y R.ELTVAVLGDALAVTEL.R.V R.AVGMDYAEIYELVER.I R.MKDLALQHR.L K.YTDGLTEHVCADVPDDVAQR.M K.SGFYDYDAK.Y R.AVGMDYAEIYELVER.I K.LTPQAPLAPLWFK.S R.HSELPEGAVVGGATFR.G R.DLDPAPVPMALGLSNLIVR.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.DAGIAGMEFLR.S K.SGGAADWLFEPK.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.KTLALADLGYTYR.H R.GLMVGGAQVSEK.H K.TLALADLGYTYR.H K.SGIELQWEIQR.V R.QANVVDADALAASLAASIK.A K.TTTSVAALLDAGGIDPTVINGIINNYGSNAR.L R.QGSSDIADSYVVEGLR.K K.STVAIAGTHGK.T R.HNVQNALAAVAALHMGVPEDEK.I R.GTNVTPGPDGNR.F K.VAIGHAPENVGVAVVVSTAVK.R K.VGEIVTDEGVVTVDDYAHHPVEIR.A K.RGNPEVEAALQQR.I R.RAEMLAELMR.L R.LGASDWMVVEADESDGSFLR.L R.IITYGFSQAQDVR.G R.VVAVVQPHR.F R.GNPEVEAALQQR.I K.MAAGLASAVEGAA. K.IVSGFNGFAGVK.R R.VIHEQNAVLGR.V R.LLVVGGSLGATVLEVVPAAIAMPLR.A R.EEGFPILLEDGIFR.L R.VDAVAVYHIQR.Y R.DLADLVESFAAPMMDVIR.V R.AASGPLGLWK.G R.AASGIAAARR.E K.IPGAPAELETHVLPAGR.A R.DQVAIATDDDDPSK.M R.VLGLDDEAIFR.G R.SSLATVEALASAGVYTAWDDREAR.D R.DAHVPVIGDIEFAEAR.S K.AVGGLDPAAGLAFAPMPLTGR.G R.VADSAAALNLTASR.A K.GSNSVGLSHVVTALINGDY. K.ELGPGGEAYHAGLAAPLVAAGVQFALLVGEEMAPLAK.A R.HPSTADFGIFEMGPHHAGELALTR.I R.LGLLIRPDAVLUK.G R.IDFAHVPAPHDATAR.L R.IAVPGHILVIDESYANANPASMATIGQLAGESADR.K K.SYNNHVGVLPLSLAR.M K.GENADGHFSIDK.A K.GEIFFELGEPGTAIPDPSPHYAR.L K.EALFALDR.F R.TPTQLQLLVAAGDVTHK.V K.VDGAHVADANPR.R R.VLTVQAGEALR.L K.VAPGTLFGAFVGER.F R.FNGEDFFPDVAVAGAVAVVVARPDAK.V K.GHECQQLVGR.G R.VIPFDVSVAREEAA. R.LAALLDDWAGPNPVVTGLAIDHR.K R.AAIAAAIAAAR.A R.DAIAAAAAPGAQVIGDRR.A R.SGAPYVDYAHYTPDAIEAALDRLPHATGR.L R.LLIVFAGGDRDQAK.R R.HVDATFGAGGYTR.A R.HDPVLLVEIAALAIAPGER.H R.FSYTEPYTLDDSGR.F R.VGDVGATFVGSGR.R R.NNVPLNADGQR.V R.DRVGVDGATFVGSGR.R R.TSLDIGNTRVLLK.G R.DAEATGSLRPGTIVGTAGNTGIGLALVGNALGYK.T K.AEGSSVAEGIQNR.I R.YLSTLYNPEWLAAR.G K.TIIVMPDNQSAEK.M R.ITANLEGAPIOTQFR.I R.ISDAEGLAVR.R R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K R.ALGAELVLPAPFANPFGHVHTSR.R K.AHISGTAEEIWAQMGR.I R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K.A R.IDGFTCAAGTGGTIGTGLGLK.A R.IATLDSGFR.Y R.AALYVVR.D K.GPSEATGCEIWGK.C R.LLDEGLCLGLSSGINVAGAMALAR.Q R.KAHISGTAEEIWAQMGR.I R.AEVEWTDQTR.I R.AELLDLAAEAEEGHADAEEALTEQAGSR.G R.VLTDGIGSIDVSNTSADHAVITDPLTVER.I R.SGGFVYAPGLR.A R.GPAVLFGSQAIGGAVNLFDR.R
YP_616919	Sala_1874	Sporulation related	13.68%	6	R.ELVRDQIGVMVNDVIAATAANVADAGVASAEVR.A R.AETVPASSPPANPPTSAAVK.A R.LASNNNDATALLDAGR.A R.DLLGQDDAQR.D R.ASISLEDYR.A R.AIQLLTQQLR.A R.AALGFLLR.A R.VSVVATGIDGTGEAAQAPATR.S R.FELDPDANITWGSFNDSLDDGK.I R.SADAGIAELQHDVDTLIVPNQLFLVANPNITFK.E R.VEGDFIVANTDAQALNASPAER.R R.IQLGTQITQGLGAGSRPEVGR.A K.AMMGTGEAEGDGR.A R.IAVIGVGGAGGNAIANMIAAR.V K.EAFTMADEVQQVGR.G R.GAGTSDGDEKGDVADIPR.F R.GITDLMMVPLINLDFADV.R.S K.AIANPLLDGVMAGAK.G R.SIGGGTLFER.M R.LMEVDEANHIR.E R.GILTVGVTKPFMFEGAR.R R.YTHSGLVTSVIAIDKELTK.Q R.DDSNYGNPISR.D R.DALGPWQDFDR.L K.GVADALESR.G R.LAEAKPDVFNALHGVGPGEDTVQGLMDLMGR.Y R.ELTVAVLGDALAVTEL.R.V R.AVGMDYAEIYELVER.I R.MKDLALQHR.L K.YTDGLTEHVCADVPDDVAQR.M K.SGFYDYDAK.Y R.AVGMDYAEIYELVER.I K.LTPQAPLAPLWFK.S R.HSELPEGAVVGGATFR.G R.DLDPAPVPMALGLSNLIVR.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.DAGIAGMEFLR.S K.SGGAADWLFEPK.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.KTLALADLGYTYR.H R.GLMVGGAQVSEK.H K.TLALADLGYTYR.H K.SGIELQWEIQR.V R.QANVVDADALAASLAASIK.A K.TTTSVAALLDAGGIDPTVINGIINNYGSNAR.L R.QGSSDIADSYVVEGLR.K K.STVAIAGTHGK.T R.HNVQNALAAVAALHMGVPEDEK.I R.GTNVTPGPDGNR.F K.VAIGHAPENVGVAVVVSTAVK.R K.VGEIVTDEGVVTVDDYAHHPVEIR.A K.RGNPEVEAALQQR.I R.RAEMLAELMR.L R.LGASDWMVVEADESDGSFLR.L R.IITYGFSQAQDVR.G R.VVAVVQPHR.F R.GNPEVEAALQQR.I K.MAAGLASAVEGAA. K.IVSGFNGFAGVK.R R.VIHEQNAVLGR.V R.LLVVGGSLGATVLEVVPAAIAMPLR.A R.EEGFPILLEDGIFR.L R.VDAVAVYHIQR.Y R.DLADLVESFAAPMMDVIR.V R.AASGPLGLWK.G R.AASGIAAARR.E K.IPGAPAELETHVLPAGR.A R.DQVAIATDDDDPSK.M R.VLGLDDEAIFR.G R.SSLATVEALASAGVYTAWDDREAR.D R.DAHVPVIGDIEFAEAR.S K.AVGGLDPAAGLAFAPMPLTGR.G R.VADSAAALNLTASR.A K.GSNSVGLSHVVTALINGDY. K.ELGPGGEAYHAGLAAPLVAAGVQFALLVGEEMAPLAK.A R.HPSTADFGIFEMGPHHAGELALTR.I R.LGLLIRPDAVLUK.G R.IDFAHVPAPHDATAR.L R.IAVPGHILVIDESYANANPASMATIGQLAGESADR.K K.SYNNHVGVLPLSLAR.M K.GENADGHFSIDK.A K.GEIFFELGEPGTAIPDPSPHYAR.L K.EALFALDR.F R.TPTQLQLLVAAGDVTHK.V K.VDGAHVADANPR.R R.VLTVQAGEALR.L K.VAPGTLFGAFVGER.F R.FNGEDFFPDVAVAGAVAVVVARPDAK.V K.GHECQQLVGR.G R.VIPFDVSVAREEAA. R.LAALLDDWAGPNPVVTGLAIDHR.K R.AAIAAAIAAAR.A R.DAIAAAAAPGAQVIGDRR.A R.SGAPYVDYAHYTPDAIEAALDRLPHATGR.L R.LLIVFAGGDRDQAK.R R.HVDATFGAGGYTR.A R.HDPVLLVEIAALAIAPGER.H R.FSYTEPYTLDDSGR.F R.VGDVGATFVGSGR.R R.NNVPLNADGQR.V R.DRVGVDGATFVGSGR.R R.TSLDIGNTRVLLK.G R.DAEATGSLRPGTIVGTAGNTGIGLALVGNALGYK.T K.AEGSSVAEGIQNR.I R.YLSTLYNPEWLAAR.G K.TIIVMPDNQSAEK.M R.ITANLEGAPIOTQFR.I R.ISDAEGLAVR.R R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K R.ALGAELVLPAPFANPFGHVHTSR.R K.AHISGTAEEIWAQMGR.I R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K.A R.IDGFTCAAGTGGTIGTGLGLK.A R.IATLDSGFR.Y R.AALYVVR.D K.GPSEATGCEIWGK.C R.LLDEGLCLGLSSGINVAGAMALAR.Q R.KAHISGTAEEIWAQMGR.I R.AEVEWTDQTR.I R.AELLDLAAEAEEGHADAEEALTEQAGSR.G R.VLTDGIGSIDVSNTSADHAVITDPLTVER.I R.SGGFVYAPGLR.A R.GPAVLFGSQAIGGAVNLFDR.R
YP_616920	Sala_1875	cell division protein FtsZ	55.39%	14	R.ELVRDQIGVMVNDVIAATAANVADAGVASAEVR.A R.AETVPASSPPANPPTSAAVK.A R.LASNNNDATALLDAGR.A R.DLLGQDDAQR.D R.ASISLEDYR.A R.AIQLLTQQLR.A R.AALGFLLR.A R.VSVVATGIDGTGEAAQAPATR.S R.FELDPDANITWGSFNDSLDDGK.I R.SADAGIAELQHDVDTLIVPNQLFLVANPNITFK.E R.VEGDFIVANTDAQALNASPAER.R R.IQLGTQITQGLGAGSRPEVGR.A K.AMMGTGEAEGDGR.A R.IAVIGVGGAGGNAIANMIAAR.V K.EAFTMADEVQQVGR.G R.GAGTSDGDEKGDVADIPR.F R.GITDLMMVPLINLDFADV.R.S K.AIANPLLDGVMAGAK.G R.SIGGGTLFER.M R.LMEVDEANHIR.E R.GILTVGVTKPFMFEGAR.R R.YTHSGLVTSVIAIDKELTK.Q R.DDSNYGNPISR.D R.DALGPWQDFDR.L K.GVADALESR.G R.LAEAKPDVFNALHGVGPGEDTVQGLMDLMGR.Y R.ELTVAVLGDALAVTEL.R.V R.AVGMDYAEIYELVER.I R.MKDLALQHR.L K.YTDGLTEHVCADVPDDVAQR.M K.SGFYDYDAK.Y R.AVGMDYAEIYELVER.I K.LTPQAPLAPLWFK.S R.HSELPEGAVVGGATFR.G R.DLDPAPVPMALGLSNLIVR.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.DAGIAGMEFLR.S K.SGGAADWLFEPK.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.KTLALADLGYTYR.H R.GLMVGGAQVSEK.H K.TLALADLGYTYR.H K.SGIELQWEIQR.V R.QANVVDADALAASLAASIK.A K.TTTSVAALLDAGGIDPTVINGIINNYGSNAR.L R.QGSSDIADSYVVEGLR.K K.STVAIAGTHGK.T R.HNVQNALAAVAALHMGVPEDEK.I R.GTNVTPGPDGNR.F K.VAIGHAPENVGVAVVVSTAVK.R K.VGEIVTDEGVVTVDDYAHHPVEIR.A K.RGNPEVEAALQQR.I R.RAEMLAELMR.L R.LGASDWMVVEADESDGSFLR.L R.IITYGFSQAQDVR.G R.VVAVVQPHR.F R.GNPEVEAALQQR.I K.MAAGLASAVEGAA. K.IVSGFNGFAGVK.R R.VIHEQNAVLGR.V R.LLVVGGSLGATVLEVVPAAIAMPLR.A R.EEGFPILLEDGIFR.L R.VDAVAVYHIQR.Y R.DLADLVESFAAPMMDVIR.V R.AASGPLGLWK.G R.AASGIAAARR.E K.IPGAPAELETHVLPAGR.A R.DQVAIATDDDDPSK.M R.VLGLDDEAIFR.G R.SSLATVEALASAGVYTAWDDREAR.D R.DAHVPVIGDIEFAEAR.S K.AVGGLDPAAGLAFAPMPLTGR.G R.VADSAAALNLTASR.A K.GSNSVGLSHVVTALINGDY. K.ELGPGGEAYHAGLAAPLVAAGVQFALLVGEEMAPLAK.A R.HPSTADFGIFEMGPHHAGELALTR.I R.LGLLIRPDAVLUK.G R.IDFAHVPAPHDATAR.L R.IAVPGHILVIDESYANANPASMATIGQLAGESADR.K K.SYNNHVGVLPLSLAR.M K.GENADGHFSIDK.A K.GEIFFELGEPGTAIPDPSPHYAR.L K.EALFALDR.F R.TPTQLQLLVAAGDVTHK.V K.VDGAHVADANPR.R R.VLTVQAGEALR.L K.VAPGTLFGAFVGER.F R.FNGEDFFPDVAVAGAVAVVVARPDAK.V K.GHECQQLVGR.G R.VIPFDVSVAREEAA. R.LAALLDDWAGPNPVVTGLAIDHR.K R.AAIAAAIAAAR.A R.DAIAAAAAPGAQVIGDRR.A R.SGAPYVDYAHYTPDAIEAALDRLPHATGR.L R.LLIVFAGGDRDQAK.R R.HVDATFGAGGYTR.A R.HDPVLLVEIAALAIAPGER.H R.FSYTEPYTLDDSGR.F R.VGDVGATFVGSGR.R R.NNVPLNADGQR.V R.DRVGVDGATFVGSGR.R R.TSLDIGNTRVLLK.G R.DAEATGSLRPGTIVGTAGNTGIGLALVGNALGYK.T K.AEGSSVAEGIQNR.I R.YLSTLYNPEWLAAR.G K.TIIVMPDNQSAEK.M R.ITANLEGAPIOTQFR.I R.ISDAEGLAVR.R R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K R.ALGAELVLPAPFANPFGHVHTSR.R K.AHISGTAEEIWAQMGR.I R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K.A R.IDGFTCAAGTGGTIGTGLGLK.A R.IATLDSGFR.Y R.AALYVVR.D K.GPSEATGCEIWGK.C R.LLDEGLCLGLSSGINVAGAMALAR.Q R.KAHISGTAEEIWAQMGR.I R.AEVEWTDQTR.I R.AELLDLAAEAEEGHADAEEALTEQAGSR.G R.VLTDGIGSIDVSNTSADHAVITDPLTVER.I R.SGGFVYAPGLR.A R.GPAVLFGSQAIGGAVNLFDR.R
YP_616923	Sala_1878	D-alanine--D-alanine ligase	49.68%	11	R.ELVRDQIGVMVNDVIAATAANVADAGVASAEVR.A R.AETVPASSPPANPPTSAAVK.A R.LASNNNDATALLDAGR.A R.DLLGQDDAQR.D R.ASISLEDYR.A R.AIQLLTQQLR.A R.AALGFLLR.A R.VSVVATGIDGTGEAAQAPATR.S R.FELDPDANITWGSFNDSLDDGK.I R.SADAGIAELQHDVDTLIVPNQLFLVANPNITFK.E R.VEGDFIVANTDAQALNASPAER.R R.IQLGTQITQGLGAGSRPEVGR.A K.AMMGTGEAEGDGR.A R.IAVIGVGGAGGNAIANMIAAR.V K.EAFTMADEVQQVGR.G R.GAGTSDGDEKGDVADIPR.F R.GITDLMMVPLINLDFADV.R.S K.AIANPLLDGVMAGAK.G R.SIGGGTLFER.M R.LMEVDEANHIR.E R.GILTVGVTKPFMFEGAR.R R.YTHSGLVTSVIAIDKELTK.Q R.DDSNYGNPISR.D R.DALGPWQDFDR.L K.GVADALESR.G R.LAEAKPDVFNALHGVGPGEDTVQGLMDLMGR.Y R.ELTVAVLGDALAVTEL.R.V R.AVGMDYAEIYELVER.I R.MKDLALQHR.L K.YTDGLTEHVCADVPDDVAQR.M K.SGFYDYDAK.Y R.AVGMDYAEIYELVER.I K.LTPQAPLAPLWFK.S R.HSELPEGAVVGGATFR.G R.DLDPAPVPMALGLSNLIVR.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.DAGIAGMEFLR.S K.SGGAADWLFEPK.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.KTLALADLGYTYR.H R.GLMVGGAQVSEK.H K.TLALADLGYTYR.H K.SGIELQWEIQR.V R.QANVVDADALAASLAASIK.A K.TTTSVAALLDAGGIDPTVINGIINNYGSNAR.L R.QGSSDIADSYVVEGLR.K K.STVAIAGTHGK.T R.HNVQNALAAVAALHMGVPEDEK.I R.GTNVTPGPDGNR.F K.VAIGHAPENVGVAVVVSTAVK.R K.VGEIVTDEGVVTVDDYAHHPVEIR.A K.RGNPEVEAALQQR.I R.RAEMLAELMR.L R.LGASDWMVVEADESDGSFLR.L R.IITYGFSQAQDVR.G R.VVAVVQPHR.F R.GNPEVEAALQQR.I K.MAAGLASAVEGAA. K.IVSGFNGFAGVK.R R.VIHEQNAVLGR.V R.LLVVGGSLGATVLEVVPAAIAMPLR.A R.EEGFPILLEDGIFR.L R.VDAVAVYHIQR.Y R.DLADLVESFAAPMMDVIR.V R.AASGPLGLWK.G R.AASGIAAARR.E K.IPGAPAELETHVLPAGR.A R.DQVAIATDDDDPSK.M R.VLGLDDEAIFR.G R.SSLATVEALASAGVYTAWDDREAR.D R.DAHVPVIGDIEFAEAR.S K.AVGGLDPAAGLAFAPMPLTGR.G R.VADSAAALNLTASR.A K.GSNSVGLSHVVTALINGDY. K.ELGPGGEAYHAGLAAPLVAAGVQFALLVGEEMAPLAK.A R.HPSTADFGIFEMGPHHAGELALTR.I R.LGLLIRPDAVLUK.G R.IDFAHVPAPHDATAR.L R.IAVPGHILVIDESYANANPASMATIGQLAGESADR.K K.SYNNHVGVLPLSLAR.M K.GENADGHFSIDK.A K.GEIFFELGEPGTAIPDPSPHYAR.L K.EALFALDR.F R.TPTQLQLLVAAGDVTHK.V K.VDGAHVADANPR.R R.VLTVQAGEALR.L K.VAPGTLFGAFVGER.F R.FNGEDFFPDVAVAGAVAVVVARPDAK.V K.GHECQQLVGR.G R.VIPFDVSVAREEAA. R.LAALLDDWAGPNPVVTGLAIDHR.K R.AAIAAAIAAAR.A R.DAIAAAAAPGAQVIGDRR.A R.SGAPYVDYAHYTPDAIEAALDRLPHATGR.L R.LLIVFAGGDRDQAK.R R.HVDATFGAGGYTR.A R.HDPVLLVEIAALAIAPGER.H R.FSYTEPYTLDDSGR.F R.VGDVGATFVGSGR.R R.NNVPLNADGQR.V R.DRVGVDGATFVGSGR.R R.TSLDIGNTRVLLK.G R.DAEATGSLRPGTIVGTAGNTGIGLALVGNALGYK.T K.AEGSSVAEGIQNR.I R.YLSTLYNPEWLAAR.G K.TIIVMPDNQSAEK.M R.ITANLEGAPIOTQFR.I R.ISDAEGLAVR.R R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K R.ALGAELVLPAPFANPFGHVHTSR.R K.AHISGTAEEIWAQMGR.I R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K.A R.IDGFTCAAGTGGTIGTGLGLK.A R.IATLDSGFR.Y R.AALYVVR.D K.GPSEATGCEIWGK.C R.LLDEGLCLGLSSGINVAGAMALAR.Q R.KAHISGTAEEIWAQMGR.I R.AEVEWTDQTR.I R.AELLDLAAEAEEGHADAEEALTEQAGSR.G R.VLTDGIGSIDVSNTSADHAVITDPLTVER.I R.SGGFVYAPGLR.A R.GPAVLFGSQAIGGAVNLFDR.R
YP_616924	Sala_1879	UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase	44.82%	11	R.ELVRDQIGVMVNDVIAATAANVADAGVASAEVR.A R.AETVPASSPPANPPTSAAVK.A R.LASNNNDATALLDAGR.A R.DLLGQDDAQR.D R.ASISLEDYR.A R.AIQLLTQQLR.A R.AALGFLLR.A R.VSVVATGIDGTGEAAQAPATR.S R.FELDPDANITWGSFNDSLDDGK.I R.SADAGIAELQHDVDTLIVPNQLFLVANPNITFK.E R.VEGDFIVANTDAQALNASPAER.R R.IQLGTQITQGLGAGSRPEVGR.A K.AMMGTGEAEGDGR.A R.IAVIGVGGAGGNAIANMIAAR.V K.EAFTMADEVQQVGR.G R.GAGTSDGDEKGDVADIPR.F R.GITDLMMVPLINLDFADV.R.S K.AIANPLLDGVMAGAK.G R.SIGGGTLFER.M R.LMEVDEANHIR.E R.GILTVGVTKPFMFEGAR.R R.YTHSGLVTSVIAIDKELTK.Q R.DDSNYGNPISR.D R.DALGPWQDFDR.L K.GVADALESR.G R.LAEAKPDVFNALHGVGPGEDTVQGLMDLMGR.Y R.ELTVAVLGDALAVTEL.R.V R.AVGMDYAEIYELVER.I R.MKDLALQHR.L K.YTDGLTEHVCADVPDDVAQR.M K.SGFYDYDAK.Y R.AVGMDYAEIYELVER.I K.LTPQAPLAPLWFK.S R.HSELPEGAVVGGATFR.G R.DLDPAPVPMALGLSNLIVR.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.DAGIAGMEFLR.S K.SGGAADWLFEPK.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.KTLALADLGYTYR.H R.GLMVGGAQVSEK.H K.TLALADLGYTYR.H K.SGIELQWEIQR.V R.QANVVDADALAASLAASIK.A K.TTTSVAALLDAGGIDPTVINGIINNYGSNAR.L R.QGSSDIADSYVVEGLR.K K.STVAIAGTHGK.T R.HNVQNALAAVAALHMGVPEDEK.I R.GTNVTPGPDGNR.F K.VAIGHAPENVGVAVVVSTAVK.R K.VGEIVTDEGVVTVDDYAHHPVEIR.A K.RGNPEVEAALQQR.I R.RAEMLAELMR.L R.LGASDWMVVEADESDGSFLR.L R.IITYGFSQAQDVR.G R.VVAVVQPHR.F R.GNPEVEAALQQR.I K.MAAGLASAVEGAA. K.IVSGFNGFAGVK.R R.VIHEQNAVLGR.V R.LLVVGGSLGATVLEVVPAAIAMPLR.A R.EEGFPILLEDGIFR.L R.VDAVAVYHIQR.Y R.DLADLVESFAAPMMDVIR.V R.AASGPLGLWK.G R.AASGIAAARR.E K.IPGAPAELETHVLPAGR.A R.DQVAIATDDDDPSK.M R.VLGLDDEAIFR.G R.SSLATVEALASAGVYTAWDDREAR.D R.DAHVPVIGDIEFAEAR.S K.AVGGLDPAAGLAFAPMPLTGR.G R.VADSAAALNLTASR.A K.GSNSVGLSHVVTALINGDY. K.ELGPGGEAYHAGLAAPLVAAGVQFALLVGEEMAPLAK.A R.HPSTADFGIFEMGPHHAGELALTR.I R.LGLLIRPDAVLUK.G R.IDFAHVPAPHDATAR.L R.IAVPGHILVIDESYANANPASMATIGQLAGESADR.K K.SYNNHVGVLPLSLAR.M K.GENADGHFSIDK.A K.GEIFFELGEPGTAIPDPSPHYAR.L K.EALFALDR.F R.TPTQLQLLVAAGDVTHK.V K.VDGAHVADANPR.R R.VLTVQAGEALR.L K.VAPGTLFGAFVGER.F R.FNGEDFFPDVAVAGAVAVVVARPDAK.V K.GHECQQLVGR.G R.VIPFDVSVAREEAA. R.LAALLDDWAGPNPVVTGLAIDHR.K R.AAIAAAIAAAR.A R.DAIAAAAAPGAQVIGDRR.A R.SGAPYVDYAHYTPDAIEAALDRLPHATGR.L R.LLIVFAGGDRDQAK.R R.HVDATFGAGGYTR.A R.HDPVLLVEIAALAIAPGER.H R.FSYTEPYTLDDSGR.F R.VGDVGATFVGSGR.R R.NNVPLNADGQR.V R.DRVGVDGATFVGSGR.R R.TSLDIGNTRVLLK.G R.DAEATGSLRPGTIVGTAGNTGIGLALVGNALGYK.T K.AEGSSVAEGIQNR.I R.YLSTLYNPEWLAAR.G K.TIIVMPDNQSAEK.M R.ITANLEGAPIOTQFR.I R.ISDAEGLAVR.R R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K R.ALGAELVLPAPFANPFGHVHTSR.R K.AHISGTAEEIWAQMGR.I R.IAETDNAIWANQFDNIANR.K.A R.IDGFTCAAGTGGTIGTGLGLK.A R.IATLDSGFR.Y R.AALYVVR.D K.GPSEATGCEIWGK.C R.LLDEGLCLGLSSGINVAGAMALAR.Q R.KAHISGTAEEIWAQMGR.I R.AEVEWTDQTR.I R.AELLDLAAEAEEGHADAEEALTEQAGSR.G R.VLTDGIGSIDVSNTSADHAVITDPLTVER.I R.SGGFVYAPGLR.A R.GPAVLFGSQAIGGAVNLFDR.R
YP_616925	Sala_1880	UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase	53.04%	16	R.ELVRDQIGVMVNDVIAATAANVADAGVASAEVR.A R.AETVPASSPPANPPTSAAVK.A R.LASNNNDATALLDAGR.A R.DLLGQDDAQR.D R.ASISLEDYR.A R.AIQLLTQQLR.A R.AALGFLLR.A R.VSVVATGIDGTGEAAQAPATR.S R.FELDPDANITWGSFNDSLDDGK.I R.SADAGIAELQHDVDTLIVPNQLFLVANPNITFK.E R.VEGDFIVANTDAQALNASPAER.R R.IQLGTQITQGLGAGSRPEVGR.A K.AMMGTGEAEGDGR.A R.IAVIGVGGAGGNAIANMIAAR.V K.EAFTMADEVQQVGR.G R.GAGTSDGDEKGDVADIPR.F R.GITDLMMVPLINLDFADV.R.S K.AIANPLLDGVMAGAK.G R.SIGGGTLFER.M R.LMEVDEANHIR.E R.GILTVGVTKPFMFEGAR.R R.YTHSGLVTSVIAIDKELTK.Q R.DDSNYGNPISR.D R.DALGPWQDFDR.L K.GVADALESR.G R.LAEAKPDVFNALHGVGPGEDTVQGLMDLMGR.Y R.ELTVAVLGDALAVTEL.R.V R.AVGMDYAEIYELVER.I R.MKDLALQHR.L K.YTDGLTEHVCADVPDDVAQR.M K.SGFYDYDAK.Y R.AVGMDYAEIYELVER.I K.LTPQAPLAPLWFK.S R.HSELPEGAVVGGATFR.G R.DLDPAPVPMALGLSNLIVR.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.DAGIAGMEFLR.S K.SGGAADWLFEPK.D K.HTNFLINTGDATSADIEALGEEVRR.R R.KTLALADLGYTYR.H R.GLMVGGAQVSEK.H K.TLALADLGYTYR.H K.SGIELQWEIQR.V R.QANVVDADALAASLAASIK.A K.TTTSVAALLDAGGIDPTVINGIINNYGSNAR.L R.QGSSDIADSYVVEGLR.K K.STVAIAGTHGK.T R.HNVQNALAAVAALHMGVPEDEK.I R.GTNVTPGPDGNR.F K.VAIGHAPENVGVAVVVSTAVK.R K.VGEIVTDEGVVTVDDYAHHPVEIR.A K.RGNPEVEAALQQR.I R.RAEMLAELMR.L R.LGASDWMVVEADESDGSFLR.L R.IITYGFSQAQDVR.G R.VVAVVQPHR.F R.GNPEVEAALQQR.I K.MAAGLASAVEGAA. K.IVSGFNGFAGVK.R R.VIHEQNAVLGR.V R.LLVVGGSLGATVLEVVPAAIAMPLR.A R.EEGFPILLEDGIFR.L R.VDAVAVYHIQR.Y R.DLADLVESFAAPMMDVIR.V R.AASGPLGLWK.G R.AASGIAAARR.E K.IPGAPAELETHVLPAGR.A R.DQVAIATDDDDPSK.M R.VLGLDDEAIFR.G R.SSLATVEALASAGVYTAWDDREAR.D R.DAHVPVIGDIEFAEAR.S K.AVGGLDPAAGLAFAPMPLTGR.G R.VADSAAALNLTASR.A K.GSNSVGLSHVVTALINGDY. K.ELGPGGEAYHAGLAAPLVAAGVQFALLVGEEMAPLAK.A R.HPSTADFGIFEMGPHHAGELALTR.I R.LGLLIRPDAVLUK.G R.IDFAHVPAPHDATAR.L R.IAVPGHILVIDESYANANPASMATIGQLAGESADR.K K.SYNNHVGVLPLSLAR.M K.GENADGHFSIDK.A K.GEIFFELGEPGTAIPDPSPHYAR.L K.EALFALDR.F R.TPTQLQLLVAAGDVTHK.V K.VDGAHVADANPR.R R.VLTVQAGEALR.L K.VAPGTLFGAFVGER.F R.FNGEDFFPDVAVAGAVAVVVARPDAK.V K.GHECQQLVGR.G R.VIPFDVSVAREE

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.DFDTFSGALGANYLEAEGVK.V R.VLGGLEAQGER.I R.GASGVQVSHR.D R.SLDILGNVSVLEGEDELAR.D R.TAGSDDDDVHTGGPIIVTAPVVR.S R.NLTDQFALFTLQEQWTGPLGVEAAR.F R.DFNAIGAEAFVPR.N R.APSAEELFNSNGPHIATQAFEVDPNLR.R R.AGFADVEHTEFEDEGVGTFITNQGVGEGR.I R.VWGFEEASAR.L R.KVPEHVVHDAIGGYATAADDR.N R.APSAEELFNSNGPHIATQAFEVDPNLR.R R.EASWGAEASF.K R.QAGVSATSFAPGASR.P R.NLTLSLAANNIFDVEAR.R R.LAQIGGFNIVADATADMTR.A R.GPAVLLFGSQIGGAVNLFDRR.I R.RGGLDQHAPR.I R.GEVEMGDGFFDKLR.I R.FESTSVRAPTGLGIER.D K.IRGGLDQHAPR.I R.QAGVSATSFAPGASRPVLR.G R.IELAQNDR.G K.VGAYAATSIVYWNK.R R.EWLAIDJAR.L R.LDLAPGVVDR.A R.IISITSVVGATGNPQANYAASK.A R.MGEGSDIAAAVYLASK.E R.LAVSGSNADKLNFR.D K.ALAQELASR.G K.LDILVNNAGVTR.D R.INLEANFR.L K.EAAVYTGQTLHVNNGMAMLS. R.MKDEEWMDVIR.I .MFDLTGTMALVTGASGGISAIQAALAAQGAR.L R.MGEGSDIAAAVYLASK.E R.LAVSGSNADK.L R.GVNTANCVAPGFATAMTDDLPDAQKALNQR.I K.EAAVYTGQTLHVNNGMAMLS. R.GVNTANCVAPGFATAMTDDLPDAQKALNQR.I R.GVNTANCVAPGFATAMTDDLPDAQK.E R.DTLGGDHVALPCDLGAAVADLVPAAVEALGGK.L .MFDLTGTMALVTGASGGISAIQAALAAQGAR.L R.SASGEVETVSLISMDIEALLK.T R.GQAMQAAVPGVGVGAMAALLGADIETAQR.L R.DLLVQVVTGR.V R.VLEKEGGVTLAAK.A R.EVFEVDDALGQK.L R.LMSEGPEDQLTLENAQPAIMANAIATLR.V R.ALADASSHAR.E K.TRGQAMQAAVPGVGVGAMAALLGADIETAQR.L R.WRESVGMEDVGVTHFVFEFGGK.V R.AFIFPGQSQVGMGR.A K.RSASGEVETVSLISMDIEALLK.T R.LADAAEGEICTVANDNDPLQVVISGHK.G R.AFIFPGQSQVGMGR.A R.LMSEGPEDQLTLENAQPAIMANAIATLR.V R.GQAMQAAVPGVGVGAMAALLGADIETAQR.L R.QAMQAAVPGVGVGAMAALLGADIETAQR.L R.ESVGMEDVGVTHFVFEFGGK.V R.AVALKDYGIK.R R.IGIVAPSTPILPDDAEAVR.A K.AFLGYSQGNLAAALYR.D R.SIGSEALVADIVAGGADAVHLTR.A R.ALNIPVAGSVAALADAFAGLAR.R R.IAVINADDPESAPLLAGANVLR.F R.ADLNAALFNAAK.G R.HNAANALAAIAAR.A R.FFGDNAAIR.G R.ALLFFQPHGVPLR.Q K.SVTVGMIGWILER.A R.GIALFPQDSSVAAAGQTLVASAAVEDSPVDAANTLGLAR.M R.FAVHFAADSHDVR.L R.RYELVQAGDVTVIDFAHNPDK.V R.DDTLTAAGR.E R.LVYCDPVYGGTVDR.S R.GSDPEPLNPKR.F R.QDLISQAVDALAETVTGIVGEYK.G R.QDLISQAVDALAETVTGIVGEYKQVHK.T R.WMTIKVDELEK.G R.QAINEIIR.W K.GQVHKTETWGLK.Q K.TETWGLKQLAYK.I R.LLQGLSER.G R.HIGLLPYIVK K.DAPVIDYK.D R.ARHIGLLPYIVK R.DIVDALAEDGVTGK.S R.QASNTGQLYGSVSRDIVDALAEDGVTGK.S R.QASNTGQLYGSVSR.D .MEILLER.I K.LGGIGDVVTVK.N R.AKIEADNAER.R K.SMVLELPIK.S K.SLGLVDV.K R.NYLLPNK.A K.LHPEVVTVGVNVAR.S K.LGGIGDVVTVKNGFAR.N K.IEADNAER.R R.IEKLGGIGDVVTVK.N R.AKIEADNAER.S .MEILLER.I K.VKLHPEVVTVGVNVAR.S K.SMVLELPIK.S R.RSEAEGR.A R.KLFEANR.A K.DIDGKQVILR.Q R.DTGAARVASR.G K.AVVFASSLNPSADGYR.F R.ASDAGLSIASAR.L R.LAAVSAAPAPKAPTSPK.T R.TAVAEWRPLAAGDADAQFNLGQAYK.L R.LAQLDNLPLDQR.Q R.GVPADLAQAEAVYR.R R.AQLGAFGEANAR.G R.LQAGGFANKGEAER.F R.SVPAPPPGHDATASPW.R.A R.LAAVSAAPAPK.P R.AQVVLGTAHNGDLAERDWRP.A K.IEVDAWQAGDYR.T K.ITSEAAVALSQHGTVPVTLHHR.T R.TDYAASMDIGR.T R.LASDLELR.Q R.AGKPLVFNVAATPK.A R.TVFAAPLQPGQNGVTVR.P R.ETPLPAFAQTIVAR.L K.LAEQPNACQV.V R.TAAGVVPVTELPQAPAAQIILADATPYR.H R.HRDVAVSADLGLALAGDSEGLYLVGQAAAR.A R.ILIAQLGEGDYR.S R.LAALFDLPLFALWQLPPVTR.I R.VIETLAGDASTK.E R.VLFLHPLPR.Y R.IERPESLWSPALYR.E R.DIASAGTFVDGK.I K.LVQLLGDNAVR.A
YP_616940	Sala_1895	hypothetical protein	18.44%	3	
YP_616941	Sala_1896	3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) reductase	85.83%	17	
YP_616942	Sala_1897	malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase	65.71%	18	
YP_616943	Sala_1898	peptidase U61, LD-carboxypeptidase A	13.09%	2	
YP_616944	Sala_1899	Mur ligase, middle region	52.81%	14	
YP_616945	Sala_1900	ribosomal protein S6	59.84%	6	
YP_616946	Sala_1901	ribosomal protein S18	43.24%	5	
YP_616947	Sala_1902	ribosomal protein L9	70.48%	20	
YP_616949	Sala_1904	beta-lactamase-like protein	9.69%	2	
YP_616950	Sala_1905	Sporulation related	41.16%	11	
YP_616951	Sala_1906	plasmid partitioning-family protein	37.08%	6	
YP_616953	Sala_1908	Sporulation related	15.20%	3	
YP_616954	Sala_1909	hypothetical protein	20.00%	5	
YP_616955	Sala_1910	2OG-Fe(II) oxygenase	49.54%	8	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616956	Sala_1911	GTP cyclohydrolase I	53.00%	11	R.FKEAPGVAIVYPSHTLHEVEPVTR.G R.LQAVQYQLLR.M R.ALKRDIAASGTFVVDGK.I R.VKNNLQLHDAAYER.S R.NLMHELNEIAALEGGK.M R.LVAITFIQSLIPVQQR.N R.TFEVGVYDEVLLR.D R.TLIEWAGDDPAR.E K.LIVPDHVAADAVR.T R.TLIEWAGDDPAREGLDTPR.R R.TPGVMVTSR.L R.RLQVQER.L R.TPGVMVTSR.L K.EYCSGYGEDPSIHLSR.T R.LLGCFLIEDQR.S R.DRVVGSISK.L K.ASIAYLPR.D
YP_616957	Sala_1912	TonB-dependent receptor	13.83%	6	K.SGGINPQPAPFAVDEAFSPEIVNAFEIGSK.N R.GIPTAFALGSLYGPDALSTFAPADPR.V R.VDSSQDYNLSIQDR.S R.NATSGVWVNTAKPNLDAFGAAGEFEYGNVNSIK.A R.LFETFFDLER.I R.LDVTYTGDSYGNIFNFR.I R.QJAPFSQATIGQSTATGVLR.I R.SQDIPIAVWVGGEQLENSISDIR.G R.GQALFEKDDVSFR.L R.GIGTAGDNPGEFSPVGVFVGVFR.A K.GYQLAFEGNFWVQFQDX.V K.TDLSTAFQMANAFTELK.G K.YYNITAFPEQASAFVYVAPPR.L K.AGVTVGVSVELAVR.L R.NTSAGALNIITKPSNLLGGYAEASYGNLDEIELK.A K.SGGYNLDR.G K.DREVAISPAR.D R.DGYIKDVNSDR.R R.AGLNFGPDQNYAVEFVYENFNK.Y K.GTAFDDHVDWLLGGFYLNEK.L R.GMDVDFSGIDR.A R.AGLALADLPIDR.V R.MNSDANTINDVAVPFTINDGYTIVNAR.A R.CSFTDFALGCGNAGASDLEFGNEDVDSFEFGVK.T R.AGLALADLPIDRVLGR.G K.HVVTGAVTWQPSNVGGLLHVDR.M R.LKGTAFDDHVDWLLGGFYLNEK.L R.VMVGYYDR.G K.VVAQVELESIR.P R.AYRENMPGMR.D R.YNHESK.K R.VDTQAFALFTHNIDFNDNVSLTLGR.Y R.SESKLTGTAK.L R.LDGGYHKR.D R.QALQGLPSGLGNAIFNLVCPVNFPEFYGR.D R.IRIGITAGDNPGEFSPVGVFVGVFR.A R.GMDVDFSGIDR.A K.KLDADLQSNLPGCATLQSTR.Y R.NTSAGALNIITK.P R.LIADYAR.T R.DGYIKDVNSDRR.F R.LVADPAAATGGHQAQ. R.DRPSLIEQVR.L R.AVGAGVLTITAR.G K.TGAVEAAVIR.C R.GAVIDHIAARPWIAQLEQR.C R.DALVALDWGEPATLGDVPPGTSTGAR.I R.FLSGSHSVVGLPLFETR.A R.AVDTIWFK.A K.AGGYAIQGR.A R.IAAPEIDETPLKGLPR.D R.APDEVVLAGDITTVSVGR.R R.ALLSSVGIPLG. K.LSAAEIDAYVASGEGMGK.A R.VKLENHEILGHTAGK.M R.GQVVELLPNMFV.V K.LENDHEILGHTAGK.M R.WAWSAALPAVDGGK.T R.EVVAFQGGAVDPDSR.W R.TLLVDEGQNLAVSALELR.M R.RVDEPAADAPFAAPAPPAR.I R.IVALASQPVAAEADTASAVPAVDPDHLAALK.Q K.LVSTQVEGDLLR.L K.VGWTGNPSPDAFEEDFYSEGVPR.K R.VIATHLDPMEPEEVEPYLHR.L R.LVEQDEALRR.V R.LLLYGAECQNR.I R.GIDASTLAPLVEEVVAAAATAAPTAPFPAPAAAANETAWEWR.R K.TVDVSPYLEIGQVLTADLK.N R.WAYGVGVYDQR.R R.TRADGGGADSGLFIGDASNADLYSIYAGPTFAR.R R.RAEVAATLR.Y R.IAGLDVGVGR.F R.GLNEAGALATR.T R.ADGGQADSGLFIGDASNADLYSIYAGPTFAR.R R.PQDIFDSSTNHVAWASVGARPGDLPGWQVSGGYER.E R.PGDLPGWQVSGGYER.E R.FGWNLDGDSCTISGLAR.G R.VLASANPEGK.T R.TEALLAQLEAGAGR.I R.ADTLLESALR.D K.VVPQQDNIFEITSSIAIGLSLSDADNAK.L K.LASAVLESITVFRDDQLR.G R.ASGLPVIIGSITEVLTIPER.Q R.ITAQIQNPGIAEYDR.I R.AELSQIDSQVAAQQLAAANGQLASTPATIPGVGGVGSVGR.Q R.LLVDVNEILPDDAQGGGR.A R.AAFEQNIQILVPGGAGSPAQR.V R.IVGATEKPAIFPR.A R.ITPLITDMPAVGK.T K.TPTMLQQDK.L R.NPELGGK.V R.LQPGDVIIPESMF. R.ANMTVLDAMIAVGLGEYAGNK.A K.GPQAQHILADSGAK.L R.VSPTEIEEAASGLVYEAFAVGVDPAR.L R.TFPAADYPMYGLTEAFR.S R.NLNFHQIQVIEWR.D R.FRPAPPASLYGGTAVWSDGR.V R.PEWFDLLEAHGFAAGGR.F R.FDAGGSAGATVR.L R.VSADREAGIATLSLESLATAR.G R.AIADIAAWSR.T R.SIRLGGEGJAGTPLWLR.A R.LRIDPVGTRR.A R.GGPLLLAGNALSPAMIAGLGAEEAQVPELR.S R.WADWQGGQLLADPQWVGSRT R.WGSLYDALYGTDALDAPPKPGGYDAER.G R.LFVAVEDMLGLAR.H R.LVFNITGFLDR.T R.FWADFALLGQFAPENTELLAK.R K.VDAQNAGDPLYEK.L R.LADFIEQR.A R.FALNAANAR.W R.ALIFEGVAQPSGYTEPLLK.Y K.AFLDDAVPLASGR.W R.NWSDAEIAR.E R.LPGGAEPEGLCDAVITSLCSLHDLK.G K.ASDWIAAYEDR.N R.TGDEIHTSMR.A
YP_616958	Sala_1913	TonB-dependent receptor	61.48%	35	
YP_616959	Sala_1914	ribonuclease	28.79%	6	
YP_616960	Sala_1915	maf protein	52.63%	7	
YP_616961	Sala_1916	translation initiation factor IF-1	40.28%	3	
YP_616965	Sala_1920	ABC transporter related	5.89%	2	
YP_616969	Sala_1924	hypothetical protein	48.55%	9	
YP_616970	Sala_1925	hypothetical protein	26.58%	10	
YP_616971	Sala_1926	protein-tyrosine kinase	11.21%	3	
YP_616972	Sala_1927	lipopolysaccharide biosynthesis	32.22%	7	
YP_616973	Sala_1928	polysaccharide export protein	37.61%	6	
YP_616975	Sala_1930	AMP-dependent synthetase and ligase	18.43%	5	
YP_616976	Sala_1931	hypothetical protein	9.12%	2	
YP_616978	Sala_1933	hypothetical protein	39.13%	5	
YP_616980	Sala_1935	Malate synthase	40.89%	19	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_616984	Sala_1939	peptidase dimerisation	44.78%	10	R.ISSQALANLWLLHGVCTPEQVDAALAR.M R.IGLACGLSGK.A R.EALQSQJDAWHR.A R.AGSIYVFKP.Q K.VPDIIDVGLMEDR.A R.LVADPVPESVDAAGR.V K.TVAGQLADAFALPGLER.L R.IDGGPNVVPDQAILR.V R.NALVAADALRL.L K.GGIIVLAAIALESPLADR.V R.WAAINSGTGNLAGL.T R.SAHAGRNPEEGR.N R.VNMRPSTPEAMGGAESALR.A R.GGAHSSDEFLITGSLAER.A K.TAALTYEPALPDGTLAGARPGSGNFSTIHDR.S R.AGGLGLLAR.S R.GVIDEAGGSPFWDGVAQK.F K.HVEVTGIAEDGEDALIATR.L R.AVIGVPHPTGR.A K.EYPSDELYLMVLELDLDSGEVR.G R.TFHAQVLMISNDLNGASEVGGFLHPPAAR.A R.AEASFASKEEYPSDELYLMVLELDLDSGEVR.G R.AAKPGDLSIYEMAK.L R.ILNVKGDALISWIGR. K.GDAISWIGR. K.HPVYIAMLPEAR.A K.FFGMSFQEQDQFNVAHGNQFIADLMPK.H K.HWPEALAPADLASTLLHDVLR.R R.HNLVGLPGQGFVLDPRDAPWLAALGTSVEK.A R.GNIASASHAGDVSQPR.A R.VVADPATVDR.F R.LALLDALDSELG. R.AAFPVAVIEVPASAVSLAHIK.S R.AAALQGGDK.M R.FLADEAKLDR.I R.LAFAPAFSVHPVPAPFGDEGAANHMRL.L R.AQAWSSMWAANAATVSPADSGKC.G R.ELIDTVEVPGGEALR.L R.AALAALGPDQITVAELVPAIIDWAR.G R.RFDAILVDVNGPDGLVR.A K.AAALRPGGLLAWSAAPDR.F R.VNLVIGDVAATIADAPR.R R.LYSPVLAALAAKALR.P K.LSVSTVFGVPIPK.Q R.LLDLIDQR.A R.GIDVSGVSHVINFEIPNVPEQVYVHR.I R.AGAGIAISFIAPDRPFR.D R.LDSQGDVILVATPGR.L K.EIAGLADQFLNDPVTVSAPQATTAEK.V R.LTGGVHTDATNASR.T R.AALEAQSYQAHDLK.S R.LLATVQLQGEDAR.V R.LAVGTIESWLYR.L R.AGGADHVAAGITNQRE R.DGLGLLASASEGLAR.A K.AFTFGAFILSASGATR.R K.EAGHETAVQATSGLLDPYFSGSK.I R.TMLFAADGTPLGSAQR.E K.SAFADGVDWAELR.I R.WYALEGSVYFVAGSLIK.W R.ATNEPLAPVWQDR.R K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDK.V K.SGDWYDAK.L K.QDFITYVVEEGER.Y K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R R.NISVGSYVR.R R.LNEGDAFNISFVVKR.T R.ATLDQALKDLAATELFK.D K.HFNLGSR.F R.SIYFFGQCDPLVAGR.Y R.INSGLYFQENLEIERK.E R.FLFGEPQHR.G R.DLNSFNFDNDRR.T R.GQIDDLGGR.A R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDKVR.L K.MVSLDQNRVDVFEINEGPK.S R.LSLFGATSGVQSTLDLVR.R R.PAQLNAENAVAAFLAGR.I R.VVDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A R.RVWDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A K.GLELEIHHLPVGLDR.I R.VGVLTAACDVQELAR.L K.ISVDSATMMNK.G K.AALAGQIECARAGAAALVEAER.R R.RADLWMAIAGTAGLAPMTALAAAGHDVALANK.E R.LAIEFRPDVAVVADESICYLKA.A K.EALVSAEGLMATAAR.A R.ALAPDVVALIDNALDR.T
YP_616985	Sala_1940	Arginine N-succinyltransferase	56.97%	12	R.AGGLGLLAR.S R.GVIDEAGGSPFWDGVAQK.F K.HVEVTGIAEDGEDALIATR.L R.AVIGVPHPTGR.A K.EYPSDELYLMVLELDLDSGEVR.G R.TFHAQVLMISNDLNGASEVGGFLHPPAAR.A R.AEASFASKEEYPSDELYLMVLELDLDSGEVR.G R.AAKPGDLSIYEMAK.L R.ILNVKGDALISWIGR. K.GDAISWIGR. K.HPVYIAMLPEAR.A K.FFGMSFQEQDQFNVAHGNQFIADLMPK.H K.HWPEALAPADLASTLLHDVLR.R R.HNLVGLPGQGFVLDPRDAPWLAALGTSVEK.A R.GNIASASHAGDVSQPR.A R.VVADPATVDR.F R.LALLDALDSELG. R.AAFPVAVIEVPASAVSLAHIK.S R.AAALQGGDK.M R.FLADEAKLDR.I R.LAFAPAFSVHPVPAPFGDEGAANHMRL.L R.AQAWSSMWAANAATVSPADSGKC.G R.ELIDTVEVPGGEALR.L R.AALAALGPDQITVAELVPAIIDWAR.G R.RFDAILVDVNGPDGLVR.A K.AAALRPGGLLAWSAAPDR.F R.VNLVIGDVAATIADAPR.R R.LYSPVLAALAAKALR.P K.LSVSTVFGVPIPK.Q R.LLDLIDQR.A R.GIDVSGVSHVINFEIPNVPEQVYVHR.I R.AGAGIAISFIAPDRPFR.D R.LDSQGDVILVATPGR.L K.EIAGLADQFLNDPVTVSAPQATTAEK.V R.LTGGVHTDATNASR.T R.AALEAQSYQAHDLK.S R.LLATVQLQGEDAR.V R.LAVGTIESWLYR.L R.AGGADHVAAGITNQRE R.DGLGLLASASEGLAR.A K.AFTFGAFILSASGATR.R K.EAGHETAVQATSGLLDPYFSGSK.I R.TMLFAADGTPLGSAQR.E K.SAFADGVDWAELR.I R.WYALEGSVYFVAGSLIK.W R.ATNEPLAPVWQDR.R K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDK.V K.SGDWYDAK.L K.QDFITYVVEEGER.Y K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R R.NISVGSYVR.R R.LNEGDAFNISFVVKR.T R.ATLDQALKDLAATELFK.D K.HFNLGSR.F R.SIYFFGQCDPLVAGR.Y R.INSGLYFQENLEIERK.E R.FLFGEPQHR.G R.DLNSFNFDNDRR.T R.GQIDDLGGR.A R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDKVR.L K.MVSLDQNRVDVFEINEGPK.S R.LSLFGATSGVQSTLDLVR.R R.PAQLNAENAVAAFLAGR.I R.VVDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A R.RVWDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A K.GLELEIHHLPVGLDR.I R.VGVLTAACDVQELAR.L K.ISVDSATMMNK.G K.AALAGQIECARAGAAALVEAER.R R.RADLWMAIAGTAGLAPMTALAAAGHDVALANK.E R.LAIEFRPDVAVVADESICYLKA.A K.EALVSAEGLMATAAR.A R.ALAPDVVALIDNALDR.T
YP_616986	Sala_1941	Succinylarginine dihydrolase	45.78%	10	R.FFGMSFQEQDQFNVAHGNQFIADLMPK.H K.HWPEALAPADLASTLLHDVLR.R R.HNLVGLPGQGFVLDPRDAPWLAALGTSVEK.A R.GNIASASHAGDVSQPR.A R.VVADPATVDR.F R.LALLDALDSELG. R.AAFPVAVIEVPASAVSLAHIK.S R.AAALQGGDK.M R.FLADEAKLDR.I R.LAFAPAFSVHPVPAPFGDEGAANHMRL.L R.AQAWSSMWAANAATVSPADSGKC.G R.ELIDTVEVPGGEALR.L R.AALAALGPDQITVAELVPAIIDWAR.G R.RFDAILVDVNGPDGLVR.A K.AAALRPGGLLAWSAAPDR.F R.VNLVIGDVAATIADAPR.R R.LYSPVLAALAAKALR.P K.LSVSTVFGVPIPK.Q R.LLDLIDQR.A R.GIDVSGVSHVINFEIPNVPEQVYVHR.I R.AGAGIAISFIAPDRPFR.D R.LDSQGDVILVATPGR.L K.EIAGLADQFLNDPVTVSAPQATTAEK.V R.LTGGVHTDATNASR.T R.AALEAQSYQAHDLK.S R.LLATVQLQGEDAR.V R.LAVGTIESWLYR.L R.AGGADHVAAGITNQRE R.DGLGLLASASEGLAR.A K.AFTFGAFILSASGATR.R K.EAGHETAVQATSGLLDPYFSGSK.I R.TMLFAADGTPLGSAQR.E K.SAFADGVDWAELR.I R.WYALEGSVYFVAGSLIK.W R.ATNEPLAPVWQDR.R K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDK.V K.SGDWYDAK.L K.QDFITYVVEEGER.Y K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R R.NISVGSYVR.R R.LNEGDAFNISFVVKR.T R.ATLDQALKDLAATELFK.D K.HFNLGSR.F R.SIYFFGQCDPLVAGR.Y R.INSGLYFQENLEIERK.E R.FLFGEPQHR.G R.DLNSFNFDNDRR.T R.GQIDDLGGR.A R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDKVR.L K.MVSLDQNRVDVFEINEGPK.S R.LSLFGATSGVQSTLDLVR.R R.PAQLNAENAVAAFLAGR.I R.VVDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A R.RVWDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A K.GLELEIHHLPVGLDR.I R.VGVLTAACDVQELAR.L K.ISVDSATMMNK.G K.AALAGQIECARAGAAALVEAER.R R.RADLWMAIAGTAGLAPMTALAAAGHDVALANK.E R.LAIEFRPDVAVVADESICYLKA.A K.EALVSAEGLMATAAR.A R.ALAPDVVALIDNALDR.T
YP_616987	Sala_1942	hypothetical protein	49.33%	6	R.AALAALGPDQITVAELVPAIIDWAR.G R.RFDAILVDVNGPDGLVR.A K.AAALRPGGLLAWSAAPDR.F R.VNLVIGDVAATIADAPR.R R.LYSPVLAALAAKALR.P K.LSVSTVFGVPIPK.Q R.LLDLIDQR.A R.GIDVSGVSHVINFEIPNVPEQVYVHR.I R.AGAGIAISFIAPDRPFR.D R.LDSQGDVILVATPGR.L K.EIAGLADQFLNDPVTVSAPQATTAEK.V R.LTGGVHTDATNASR.T R.AALEAQSYQAHDLK.S R.LLATVQLQGEDAR.V R.LAVGTIESWLYR.L R.AGGADHVAAGITNQRE R.DGLGLLASASEGLAR.A K.AFTFGAFILSASGATR.R K.EAGHETAVQATSGLLDPYFSGSK.I R.TMLFAADGTPLGSAQR.E K.SAFADGVDWAELR.I R.WYALEGSVYFVAGSLIK.W R.ATNEPLAPVWQDR.R K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDK.V K.SGDWYDAK.L K.QDFITYVVEEGER.Y K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R R.NISVGSYVR.R R.LNEGDAFNISFVVKR.T R.ATLDQALKDLAATELFK.D K.HFNLGSR.F R.SIYFFGQCDPLVAGR.Y R.INSGLYFQENLEIERK.E R.FLFGEPQHR.G R.DLNSFNFDNDRR.T R.GQIDDLGGR.A R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDKVR.L K.MVSLDQNRVDVFEINEGPK.S R.LSLFGATSGVQSTLDLVR.R R.PAQLNAENAVAAFLAGR.I R.VVDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A R.RVWDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A K.GLELEIHHLPVGLDR.I R.VGVLTAACDVQELAR.L K.ISVDSATMMNK.G K.AALAGQIECARAGAAALVEAER.R R.RADLWMAIAGTAGLAPMTALAAAGHDVALANK.E R.LAIEFRPDVAVVADESICYLKA.A K.EALVSAEGLMATAAR.A R.ALAPDVVALIDNALDR.T
YP_616992	Sala_1947	DEAD/DEAH box helicase-like protein	23.75%	6	R.LLDLIDQR.A R.GIDVSGVSHVINFEIPNVPEQVYVHR.I R.AGAGIAISFIAPDRPFR.D R.LDSQGDVILVATPGR.L K.EIAGLADQFLNDPVTVSAPQATTAEK.V R.LTGGVHTDATNASR.T R.AALEAQSYQAHDLK.S R.LLATVQLQGEDAR.V R.LAVGTIESWLYR.L R.AGGADHVAAGITNQRE R.DGLGLLASASEGLAR.A K.AFTFGAFILSASGATR.R K.EAGHETAVQATSGLLDPYFSGSK.I R.TMLFAADGTPLGSAQR.E K.SAFADGVDWAELR.I R.WYALEGSVYFVAGSLIK.W R.ATNEPLAPVWQDR.R K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDK.V K.SGDWYDAK.L K.QDFITYVVEEGER.Y K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R R.NISVGSYVR.R R.LNEGDAFNISFVVKR.T R.ATLDQALKDLAATELFK.D K.HFNLGSR.F R.SIYFFGQCDPLVAGR.Y R.INSGLYFQENLEIERK.E R.FLFGEPQHR.G R.DLNSFNFDNDRR.T R.GQIDDLGGR.A R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDKVR.L K.MVSLDQNRVDVFEINEGPK.S R.LSLFGATSGVQSTLDLVR.R R.PAQLNAENAVAAFLAGR.I R.VVDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A R.RVWDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A K.GLELEIHHLPVGLDR.I R.VGVLTAACDVQELAR.L K.ISVDSATMMNK.G K.AALAGQIECARAGAAALVEAER.R R.RADLWMAIAGTAGLAPMTALAAAGHDVALANK.E R.LAIEFRPDVAVVADESICYLKA.A K.EALVSAEGLMATAAR.A R.ALAPDVVALIDNALDR.T
YP_616993	Sala_1948	carbohydrate kinase, FGGY	38.78%	12	R.LTGGVHTDATNASR.T R.AALEAQSYQAHDLK.S R.LLATVQLQGEDAR.V R.LAVGTIESWLYR.L R.AGGADHVAAGITNQRE R.DGLGLLASASEGLAR.A K.AFTFGAFILSASGATR.R K.EAGHETAVQATSGLLDPYFSGSK.I R.TMLFAADGTPLGSAQR.E K.SAFADGVDWAELR.I R.WYALEGSVYFVAGSLIK.W R.ATNEPLAPVWQDR.R K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDK.V K.SGDWYDAK.L K.QDFITYVVEEGER.Y K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R R.NISVGSYVR.R R.LNEGDAFNISFVVKR.T R.ATLDQALKDLAATELFK.D K.HFNLGSR.F R.SIYFFGQCDPLVAGR.Y R.INSGLYFQENLEIERK.E R.FLFGEPQHR.G R.DLNSFNFDNDRR.T R.GQIDDLGGR.A R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDKVR.L K.MVSLDQNRVDVFEINEGPK.S R.LSLFGATSGVQSTLDLVR.R R.PAQLNAENAVAAFLAGR.I R.VVDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A R.RVWDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A K.GLELEIHHLPVGLDR.I R.VGVLTAACDVQELAR.L K.ISVDSATMMNK.G K.AALAGQIECARAGAAALVEAER.R R.RADLWMAIAGTAGLAPMTALAAAGHDVALANK.E R.LAIEFRPDVAVVADESICYLKA.A K.EALVSAEGLMATAAR.A R.ALAPDVVALIDNALDR.T
YP_616994	Sala_1949	ribosomal protein L31	90.67%	5	K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDK.V K.SGDWYDAK.L K.QDFITYVVEEGER.Y K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R R.NISVGSYVR.R R.LNEGDAFNISFVVKR.T R.ATLDQALKDLAATELFK.D K.HFNLGSR.F R.SIYFFGQCDPLVAGR.Y R.INSGLYFQENLEIERK.E R.FLFGEPQHR.G R.DLNSFNFDNDRR.T R.GQIDDLGGR.A R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDKVR.L K.MVSLDQNRVDVFEINEGPK.S R.LSLFGATSGVQSTLDLVR.R R.PAQLNAENAVAAFLAGR.I R.VVDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A R.RVWDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A K.GLELEIHHLPVGLDR.I R.VGVLTAACDVQELAR.L K.ISVDSATMMNK.G K.AALAGQIECARAGAAALVEAER.R R.RADLWMAIAGTAGLAPMTALAAAGHDVALANK.E R.LAIEFRPDVAVVADESICYLKA.A K.EALVSAEGLMATAAR.A R.ALAPDVVALIDNALDR.T
YP_616995	Sala_1950	beta-hydroxyacyl-(acyl-carrier-protein) dehydratase FabZ	19.61%	2	R.LTGGVHTDATNASR.T R.AALEAQSYQAHDLK.S R.LLATVQLQGEDAR.V R.LAVGTIESWLYR.L R.AGGADHVAAGITNQRE R.DGLGLLASASEGLAR.A K.AFTFGAFILSASGATR.R K.EAGHETAVQATSGLLDPYFSGSK.I R.TMLFAADGTPLGSAQR.E K.SAFADGVDWAELR.I R.WYALEGSVYFVAGSLIK.W R.ATNEPLAPVWQDR.R K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDK.V K.SGDWYDAK.L K.QDFITYVVEEGER.Y K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R R.NISVGSYVR.R R.LNEGDAFNISFVVKR.T R.ATLDQALKDLAATELFK.D K.HFNLGSR.F R.SIYFFGQCDPLVAGR.Y R.INSGLYFQENLEIERK.E R.FLFGEPQHR.G R.DLNSFNFDNDRR.T R.GQIDDLGGR.A R.FILNLSAEGGYHFGSAPPTSDKVR.L K.MVSLDQNRVDVFEINEGPK.S R.LSLFGATSGVQSTLDLVR.R R.PAQLNAENAVAAFLAGR.I R.VVDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A R.RVWDAEAPAAPSSLQDIFSVDTASR.A K.GLELEIHHLPVGLDR.I R.VGVLTAACDVQELAR.L K.ISVDSATMMNK.G K.AALAGQIECARAGAAALVEAER.R R.RADLWMAIAGTAGLAPMTALAAAGHDVALANK.E R.LAIEFRPDVAVVADESICYLKA.A K.EALVSAEGLMATAAR.A R.ALAPDVVALIDNALDR.T
YP_616996	Sala_1951	outer membrane chaperone Skp (OmpH)	79.39%	18	R.LTGGVHTDATNASR.T R.AALEAQSYQAHDLK.S R.LLATVQLQGEDAR.V R.LAVGTIESWLYR.L R.AGGADHVAAGITNQRE R.DGLGLLASASEGLAR.A K.AFTFGAFILSASGATR.R K.EAGHETAVQATSGLLDPYFSGSK.I R.TMLFAADGTPLGSAQR.E K.SAFADGVDWAELR.I R.WYALEGSVYFVAGSLIK.W R.ATNEPLAPVWQDR.R K.MTDGTEYQTR.S K.DIHPDYHMITVK.M R.STWGSQGDVMTLEIDTAHPAWTGGQGR.M R.MLDSGGQAK.F R.FGGTLKR. R.KVPVEGHLDLHTVLQAK.R K.LVYFMGIDGK.F R.LPNVSIAPVAGYQGLVQQR.N R.ENNVITEAVTELNR.I R.AAQFGAAAPATGNQPTTR. R.TASQQIETTK.A R.KTPQNQAALQAAKA.A R.QAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.KVDLLNPDVAVLAR.E R.GQTLQAEINVLIAK.Y K.TPQNQAALQAAKA.A K.VDLLNPDVAVLAR.E K.AQIDQQSR.G R.NQQLMDAAR.A R.TASQQIETTKAQIDQQSR.G K.RQAAQALGQISAPVDLAIAYVEDQISVR.M K.GVAVADR.V R.VAARSNAFR.T R.NQQLMDAAR.A R.GQTLQAEINVLIAKYN.EAR.K R.LEAQILSYLR.L R.GQSASISQDFAGLGGSVK.Y R.LSLGQQLQASVNYSSYSK.S R.FAAYDPLNVIDTSDNDR.G K.ETGLTILSSNTSYDPRLAYDQK.L R.YSLNYDDVTLDL.S R.VELDPLGTGAK.E R.LNEGDAFNISFVVK.R R.LFYLNTGYADR.V K.SIELGTFEPFLDR.N R.IDVNGNTLTHDK.V R.IDFAVALR.K R.FAAYDPLNVIDTSDNDRGQIDDLGGR.A R.TTSLVGLTAYDDRNR.I R.VAIGAGVWNSPFGPFR.I K.LVEDVESLSEIAGLFGYAFADINPEFR.R K.ELGLRPSIFLQVGSVSVK.R R.INSGLYFQENLEIER.K K.FSDGDLKDEMATK.E R.VDVFEINEGPK.S R.FFGDTWMPR.V K.ETGLTILSSNTSYDPR.L R.VISAVAEITSNK.Q R.TMDITFNVAESPR.T 

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617002	Sala_1958	ribosome recycling factor	78.26%	15	R.FILSDLDEFAANDVK.L R.AAGDLGLEAMTYAFSSSENK.R R.AAANAAGGETAEIEAHLDTADMPPLDLLIR.T R.TTLVAALNYGAQDELVR.A R.HVAIIMDGNR.W K.LTDATIAEIDAATAK.E R.ANAALLDPVTVEVYGSQMPLNQIASISVPEPR.M R.SAGLGNPVDGQMLR.L K.RHETEYQK.L R.HETEYQKLTDAIEIDAATAK.E R.MLSVQVWDK.A K.LAGQYAEK.A R.MLSVQVWDK.A R.MHGAVESLKHDLAQLR.L R.ANAALLDPVTVEVYGSQMPLNQIASISVPEPR.M R.SAGLGNPVDGQMLR.L R.LPPEPTQER.R R.KRHETEYQK.L R.DGMNLIKQDENKK.E K.EISEDERK.R
YP_617003	Sala_1958	Uridylate kinase	52.70%	9	R.VVIFAAGVGAPYFTTDSGAALR.A R.VLAGEGVSTVVGDGAV. K.GTSDGVYVADPK.Q K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.DNHIPVVFNR.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.GTSDGVYVADPKQDANVR.Y R.FQLGEGIEEESDFAAEVAAGV. K.TPVAEVAAAGK.D K.AAQSGKPAEIVAK.M R.VAAEGLVGFATDGT.R.G K.IGVLVALESSAGADVLEPLGK.Q K.ALAENNGDIEASIDWLR.T R.GALVEVNSETFVGNQFQAFVR.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.DVGAATLK.G K.ENALLSOLFVMDGK.T R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.GALVEVNSETFVGNK.N K.NEQFQAFVR.D K.KALAEENGDIEASIDWLR.T K.TPVAEVAAAGKDVGAATLK.G R.RVALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.KENALLSOLFVMDGK.T K.EESDFAAEVAAGV. R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.ENALLSOLFVMDGK.T R.TKGLAAAK.K R.TGAGMDCCK.A R.KENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D R.ALDFIATAASGGK.V R.NGIIHILDLSQTVPLFAR.A K.TLEEQSGDTSGLTKK.E K.EANVLGIPVVAALDSNVSPDGIAPFPVANDDAAR.A R.ASQGHVNR.W K.TLEEQSGDTSGLTK.K R.QAQGPIADAAR.A R.WLGGMLTNWK.T R.LKTLLEEQSGDTSGLTK.K R.RDGEDLGAAPVPAEPALEAAAPVTEDEQVPAEAAETER.Q R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E K.RAQGPIADAAR.A R.DKLEMSLGGIR.D K.VLFPVTK.R K.LEMSLGGIR.D R.WLGGMLTNWK.T R.LYCDAVAQAATR.G R.LKTLLEEQSGDTSGLTKK.E R.ERDKLEMSLGGIR.D K.TISNSIKR.L R.MKPPIFGAR.N R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E R.DKLEMSLGGIR.D K.KEVLNK.T K.EVLNK.T R.IGFTQIAGLVAR.R K.FVNADLDKASEENER.Q R.VIFMSVDFVHNR.T R.RIMPFVMSGSELATQR.V K.TVESEAHTVT.R.H K.ATSTNPISAFVATGGLK.H R.FKDFEIVFAEFK.V R.GKLDNAALVK.F R.ASLNYGLAR.E R.NILGGVWFREPVMK.N K.VANPVVLDGDEMTR.I K.VQFDALGIVEHR.L R.HAFGDQYK.A R.IIWQWIR.E K.ATDFRVPQCK.L R.TDDKITVEANAIAK.K R.LVPGWTDPIVGR.H R.LIDDMVASALK.W R.NILGGVWFR.E R.EWPVYLSK.N K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.DIFEVFNK.V R.LIILPDLIDLHYDLGIEER.D R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.R.D K.LDDNAALVK.F R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.RDFAR.A R.ERLIPYLDIDLHYDLGIEER.D K.DALLIGDQNWLTGFFAIVENLDKK.M R.VEEFLK.M R.TDDKITVEANAIAK.K R.NILGGVWFREPVMK.N R.LIDDMVASALK.W K.VANPVVLDGDEMTR.I K.KYGVGVK.C K.FADDLEKVCVAVESGK.M R.DRTDDKITVEANAIAK.K K.VCVAVESGK.M K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.FADDLEK.V R.LAAEADFGQLPSLQPGSIVATAPLPLR.A R.PPSQADIDRETNIEIAFLK.E R.ISELVAEER.G K.ATAASVGAHHR.W R.VLITPTISAGNGAVLAALK.A R.IGLTGYELNDATPNAVLER.H R.DJAADVAVRVSADLAR.N K.QAGNSDWLVYGS DIPR.D K.ILTESFGALAPR.A R.SADVTAASIVPLSDWK.A R.IELNSGVTALVSNK.I R.IADATNAHLFAGQLLGDSPIGTTASLGK.A R.AVIVVGGDPATFAR.L R.SVAADAPNLLWTGDYALVAGSGIPWQNEIDQLTNGR.Q R.RIDTVENTR.R R.GEQQAAMTAWPTGGGR.T
YP_617004	Sala_1959	translation elongation factor Ts	75.97%	26	R.VVIFAAGVGAPYFTTDSGAALR.A R.VLAGEGVSTVVGDGAV. K.GTSDGVYVADPK.Q K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.DNHIPVVFNR.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.GTSDGVYVADPKQDANVR.Y R.FQLGEGIEEESDFAAEVAAGV. K.TPVAEVAAAGK.D K.AAQSGKPAEIVAK.M R.VAAEGLVGFATDGT.R.G K.IGVLVALESSAGADVLEPLGK.Q K.ALAENNGDIEASIDWLR.T R.GALVEVNSETFVGNQFQAFVR.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.DVGAATLK.G K.ENALLSOLFVMDGK.T R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.GALVEVNSETFVGNK.N K.NEQFQAFVR.D K.KALAEENGDIEASIDWLR.T K.TPVAEVAAAGKDVGAATLK.G R.RVALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.KENALLSOLFVMDGK.T K.EESDFAAEVAAGV. R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.ENALLSOLFVMDGK.T R.TKGLAAAK.K R.TGAGMDCCK.A R.KENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D R.ALDFIATAASGGK.V R.NGIIHILDLSQTVPLFAR.A K.TLEEQSGDTSGLTKK.E K.EANVLGIPVVAALDSNVSPDGIAPFPVANDDAAR.A R.ASQGHVNR.W K.TLEEQSGDTSGLTK.K R.QAQGPIADAAR.A R.WLGGMLTNWK.T R.LKTLLEEQSGDTSGLTK.K R.RDGEDLGAAPVPAEPALEAAAPVTEDEQVPAEAAETER.Q R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E K.RAQGPIADAAR.A R.DKLEMSLGGIR.D K.VLFPVTK.R K.LEMSLGGIR.D R.WLGGMLTNWK.T R.LYCDAVAQAATR.G R.LKTLLEEQSGDTSGLTKK.E R.ERDKLEMSLGGIR.D K.TISNSIKR.L R.MKPPIFGAR.N R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E R.DKLEMSLGGIR.D K.KEVLNK.T K.EVLNK.T R.IGFTQIAGLVAR.R K.FVNADLDKASEENER.Q R.VIFMSVDFVHNR.T R.RIMPFVMSGSELATQR.V K.TVESEAHTVT.R.H K.ATSTNPISAFVATGGLK.H R.FKDFEIVFAEFK.V R.GKLDNAALVK.F R.ASLNYGLAR.E R.NILGGVWFREPVMK.N K.VANPVVLDGDEMTR.I K.VQFDALGIVEHR.L R.HAFGDQYK.A R.IIWQWIR.E K.ATDFRVPQCK.L R.TDDKITVEANAIAK.K R.LVPGWTDPIVGR.H R.LIDDMVASALK.W R.NILGGVWFR.E R.EWPVYLSK.N K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.DIFEVFNK.V R.LIILPDLIDLHYDLGIEER.D R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.R.D K.LDDNAALVK.F R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.RDFAR.A R.ERLIPYLDIDLHYDLGIEER.D K.DALLIGDQNWLTGFFAIVENLDKK.M R.VEEFLK.M R.TDDKITVEANAIAK.K R.NILGGVWFREPVMK.N R.LIDDMVASALK.W K.VANPVVLDGDEMTR.I K.KYGVGVK.C K.FADDLEKVCVAVESGK.M R.DRTDDKITVEANAIAK.K K.VCVAVESGK.M K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.FADDLEK.V R.LAAEADFGQLPSLQPGSIVATAPLPLR.A R.PPSQADIDRETNIEIAFLK.E R.ISELVAEER.G K.ATAASVGAHHR.W R.VLITPTISAGNGAVLAALK.A R.IGLTGYELNDATPNAVLER.H R.DJAADVAVRVSADLAR.N K.QAGNSDWLVYGS DIPR.D K.ILTESFGALAPR.A R.SADVTAASIVPLSDWK.A R.IELNSGVTALVSNK.I R.IADATNAHLFAGQLLGDSPIGTTASLGK.A R.AVIVVGGDPATFAR.L R.SVAADAPNLLWTGDYALVAGSGIPWQNEIDQLTNGR.Q R.RIDTVENTR.R R.GEQQAAMTAWPTGGGR.T
YP_617005	Sala_1960	ribosomal protein S2	84.84%	26	R.VVIFAAGVGAPYFTTDSGAALR.A R.VLAGEGVSTVVGDGAV. K.GTSDGVYVADPK.Q K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.DNHIPVVFNR.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.GTSDGVYVADPKQDANVR.Y R.FQLGEGIEEESDFAAEVAAGV. K.TPVAEVAAAGK.D K.AAQSGKPAEIVAK.M R.VAAEGLVGFATDGT.R.G K.IGVLVALESSAGADVLEPLGK.Q K.ALAENNGDIEASIDWLR.T R.GALVEVNSETFVGNQFQAFVR.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.DVGAATLK.G K.ENALLSOLFVMDGK.T R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.GALVEVNSETFVGNK.N K.NEQFQAFVR.D K.KALAEENGDIEASIDWLR.T K.TPVAEVAAAGKDVGAATLK.G R.RVALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.KENALLSOLFVMDGK.T K.EESDFAAEVAAGV. R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.ENALLSOLFVMDGK.T R.TKGLAAAK.K R.TGAGMDCCK.A R.KENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D R.ALDFIATAASGGK.V R.NGIIHILDLSQTVPLFAR.A K.TLEEQSGDTSGLTKK.E K.EANVLGIPVVAALDSNVSPDGIAPFPVANDDAAR.A R.ASQGHVNR.W K.TLEEQSGDTSGLTK.K R.QAQGPIADAAR.A R.WLGGMLTNWK.T R.LKTLLEEQSGDTSGLTK.K R.RDGEDLGAAPVPAEPALEAAAPVTEDEQVPAEAAETER.Q R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E K.RAQGPIADAAR.A R.DKLEMSLGGIR.D K.VLFPVTK.R K.LEMSLGGIR.D R.WLGGMLTNWK.T R.LYCDAVAQAATR.G R.LKTLLEEQSGDTSGLTKK.E R.ERDKLEMSLGGIR.D K.TISNSIKR.L R.MKPPIFGAR.N R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E R.DKLEMSLGGIR.D K.KEVLNK.T K.EVLNK.T R.IGFTQIAGLVAR.R K.FVNADLDKASEENER.Q R.VIFMSVDFVHNR.T R.RIMPFVMSGSELATQR.V K.TVESEAHTVT.R.H K.ATSTNPISAFVATGGLK.H R.FKDFEIVFAEFK.V R.GKLDNAALVK.F R.ASLNYGLAR.E R.NILGGVWFREPVMK.N K.VANPVVLDGDEMTR.I K.VQFDALGIVEHR.L R.HAFGDQYK.A R.IIWQWIR.E K.ATDFRVPQCK.L R.TDDKITVEANAIAK.K R.LVPGWTDPIVGR.H R.LIDDMVASALK.W R.NILGGVWFR.E R.EWPVYLSK.N K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.DIFEVFNK.V R.LIILPDLIDLHYDLGIEER.D R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.R.D K.LDDNAALVK.F R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.RDFAR.A R.ERLIPYLDIDLHYDLGIEER.D K.DALLIGDQNWLTGFFAIVENLDKK.M R.VEEFLK.M R.TDDKITVEANAIAK.K R.NILGGVWFREPVMK.N R.LIDDMVASALK.W K.VANPVVLDGDEMTR.I K.KYGVGVK.C K.FADDLEKVCVAVESGK.M R.DRTDDKITVEANAIAK.K K.VCVAVESGK.M K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.FADDLEK.V R.LAAEADFGQLPSLQPGSIVATAPLPLR.A R.PPSQADIDRETNIEIAFLK.E R.ISELVAEER.G K.ATAASVGAHHR.W R.VLITPTISAGNGAVLAALK.A R.IGLTGYELNDATPNAVLER.H R.DJAADVAVRVSADLAR.N K.QAGNSDWLVYGS DIPR.D K.ILTESFGALAPR.A R.SADVTAASIVPLSDWK.A R.IELNSGVTALVSNK.I R.IADATNAHLFAGQLLGDSPIGTTASLGK.A R.AVIVVGGDPATFAR.L R.SVAADAPNLLWTGDYALVAGSGIPWQNEIDQLTNGR.Q R.RIDTVENTR.R R.GEQQAAMTAWPTGGGR.T
YP_617008	Sala_1963	Phosphatidylserine decarboxylase-related protein	22.14%	4	R.VVIFAAGVGAPYFTTDSGAALR.A R.VLAGEGVSTVVGDGAV. K.GTSDGVYVADPK.Q K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.DNHIPVVFNR.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.GTSDGVYVADPKQDANVR.Y R.FQLGEGIEEESDFAAEVAAGV. K.TPVAEVAAAGK.D K.AAQSGKPAEIVAK.M R.VAAEGLVGFATDGT.R.G K.IGVLVALESSAGADVLEPLGK.Q K.ALAENNGDIEASIDWLR.T R.GALVEVNSETFVGNQFQAFVR.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.DVGAATLK.G K.ENALLSOLFVMDGK.T R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.GALVEVNSETFVGNK.N K.NEQFQAFVR.D K.KALAEENGDIEASIDWLR.T K.TPVAEVAAAGKDVGAATLK.G R.RVALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.KENALLSOLFVMDGK.T K.EESDFAAEVAAGV. R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.ENALLSOLFVMDGK.T R.TKGLAAAK.K R.TGAGMDCCK.A R.KENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D R.ALDFIATAASGGK.V R.NGIIHILDLSQTVPLFAR.A K.TLEEQSGDTSGLTKK.E K.EANVLGIPVVAALDSNVSPDGIAPFPVANDDAAR.A R.ASQGHVNR.W K.TLEEQSGDTSGLTK.K R.QAQGPIADAAR.A R.WLGGMLTNWK.T R.LKTLLEEQSGDTSGLTK.K R.RDGEDLGAAPVPAEPALEAAAPVTEDEQVPAEAAETER.Q R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E K.RAQGPIADAAR.A R.DKLEMSLGGIR.D K.VLFPVTK.R K.LEMSLGGIR.D R.WLGGMLTNWK.T R.LYCDAVAQAATR.G R.LKTLLEEQSGDTSGLTKK.E R.ERDKLEMSLGGIR.D K.TISNSIKR.L R.MKPPIFGAR.N R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E R.DKLEMSLGGIR.D K.KEVLNK.T K.EVLNK.T R.IGFTQIAGLVAR.R K.FVNADLDKASEENER.Q R.VIFMSVDFVHNR.T R.RIMPFVMSGSELATQR.V K.TVESEAHTVT.R.H K.ATSTNPISAFVATGGLK.H R.FKDFEIVFAEFK.V R.GKLDNAALVK.F R.ASLNYGLAR.E R.NILGGVWFREPVMK.N K.VANPVVLDGDEMTR.I K.VQFDALGIVEHR.L R.HAFGDQYK.A R.IIWQWIR.E K.ATDFRVPQCK.L R.TDDKITVEANAIAK.K R.LVPGWTDPIVGR.H R.LIDDMVASALK.W R.NILGGVWFR.E R.EWPVYLSK.N K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.DIFEVFNK.V R.LIILPDLIDLHYDLGIEER.D R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.R.D K.LDDNAALVK.F R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.RDFAR.A R.ERLIPYLDIDLHYDLGIEER.D K.DALLIGDQNWLTGFFAIVENLDKK.M R.VEEFLK.M R.TDDKITVEANAIAK.K R.NILGGVWFREPVMK.N R.LIDDMVASALK.W K.VANPVVLDGDEMTR.I K.KYGVGVK.C K.FADDLEKVCVAVESGK.M R.DRTDDKITVEANAIAK.K K.VCVAVESGK.M K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.FADDLEK.V R.LAAEADFGQLPSLQPGSIVATAPLPLR.A R.PPSQADIDRETNIEIAFLK.E R.ISELVAEER.G K.ATAASVGAHHR.W R.VLITPTISAGNGAVLAALK.A R.IGLTGYELNDATPNAVLER.H R.DJAADVAVRVSADLAR.N K.QAGNSDWLVYGS DIPR.D K.ILTESFGALAPR.A R.SADVTAASIVPLSDWK.A R.IELNSGVTALVSNK.I R.IADATNAHLFAGQLLGDSPIGTTASLGK.A R.AVIVVGGDPATFAR.L R.SVAADAPNLLWTGDYALVAGSGIPWQNEIDQLTNGR.Q R.RIDTVENTR.R R.GEQQAAMTAWPTGGGR.T
YP_617009	Sala_1964	isocitrate dehydrogenase, NADP-dependent	86.88%	36	R.VVIFAAGVGAPYFTTDSGAALR.A R.VLAGEGVSTVVGDGAV. K.GTSDGVYVADPK.Q K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.DNHIPVVFNR.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.GTSDGVYVADPKQDANVR.Y R.FQLGEGIEEESDFAAEVAAGV. K.TPVAEVAAAGK.D K.AAQSGKPAEIVAK.M R.VAAEGLVGFATDGT.R.G K.IGVLVALESSAGADVLEPLGK.Q K.ALAENNGDIEASIDWLR.T R.GALVEVNSETFVGNQFQAFVR.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.DVGAATLK.G K.ENALLSOLFVMDGK.T R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.GALVEVNSETFVGNK.N K.NEQFQAFVR.D K.KALAEENGDIEASIDWLR.T K.TPVAEVAAAGKDVGAATLK.G R.RVALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.KENALLSOLFVMDGK.T K.EESDFAAEVAAGV. R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.ENALLSOLFVMDGK.T R.TKGLAAAK.K R.TGAGMDCCK.A R.KENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D R.ALDFIATAASGGK.V R.NGIIHILDLSQTVPLFAR.A K.TLEEQSGDTSGLTKK.E K.EANVLGIPVVAALDSNVSPDGIAPFPVANDDAAR.A R.ASQGHVNR.W K.TLEEQSGDTSGLTK.K R.QAQGPIADAAR.A R.WLGGMLTNWK.T R.LKTLLEEQSGDTSGLTK.K R.RDGEDLGAAPVPAEPALEAAAPVTEDEQVPAEAAETER.Q R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E K.RAQGPIADAAR.A R.DKLEMSLGGIR.D K.VLFPVTK.R K.LEMSLGGIR.D R.WLGGMLTNWK.T R.LYCDAVAQAATR.G R.LKTLLEEQSGDTSGLTKK.E R.ERDKLEMSLGGIR.D K.TISNSIKR.L R.MKPPIFGAR.N R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E R.DKLEMSLGGIR.D K.KEVLNK.T K.EVLNK.T R.IGFTQIAGLVAR.R K.FVNADLDKASEENER.Q R.VIFMSVDFVHNR.T R.RIMPFVMSGSELATQR.V K.TVESEAHTVT.R.H K.ATSTNPISAFVATGGLK.H R.FKDFEIVFAEFK.V R.GKLDNAALVK.F R.ASLNYGLAR.E R.NILGGVWFREPVMK.N K.VANPVVLDGDEMTR.I K.VQFDALGIVEHR.L R.HAFGDQYK.A R.IIWQWIR.E K.ATDFRVPQCK.L R.TDDKITVEANAIAK.K R.LVPGWTDPIVGR.H R.LIDDMVASALK.W R.NILGGVWFR.E R.EWPVYLSK.N K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.DIFEVFNK.V R.LIILPDLIDLHYDLGIEER.D R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.R.D K.LDDNAALVK.F R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.RDFAR.A R.ERLIPYLDIDLHYDLGIEER.D K.DALLIGDQNWLTGFFAIVENLDKK.M R.VEEFLK.M R.TDDKITVEANAIAK.K R.NILGGVWFREPVMK.N R.LIDDMVASALK.W K.VANPVVLDGDEMTR.I K.KYGVGVK.C K.FADDLEKVCVAVESGK.M R.DRTDDKITVEANAIAK.K K.VCVAVESGK.M K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.FADDLEK.V R.LAAEADFGQLPSLQPGSIVATAPLPLR.A R.PPSQADIDRETNIEIAFLK.E R.ISELVAEER.G K.ATAASVGAHHR.W R.VLITPTISAGNGAVLAALK.A R.IGLTGYELNDATPNAVLER.H R.DJAADVAVRVSADLAR.N K.QAGNSDWLVYGS DIPR.D K.ILTESFGALAPR.A R.SADVTAASIVPLSDWK.A R.IELNSGVTALVSNK.I R.IADATNAHLFAGQLLGDSPIGTTASLGK.A R.AVIVVGGDPATFAR.L R.SVAADAPNLLWTGDYALVAGSGIPWQNEIDQLTNGR.Q R.RIDTVENTR.R R.GEQQAAMTAWPTGGGR.T
YP_617011	Sala_1966	peptidase M16-like protein	46.22%	27	R.VVIFAAGVGAPYFTTDSGAALR.A R.VLAGEGVSTVVGDGAV. K.GTSDGVYVADPK.Q K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.DNHIPVVFNR.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.LSGEALMGSPFGIDPETVASMAAEVK.E R.AQADYMGMLATVMNALAMQNALEQLGVQTR.V K.GTSDGVYVADPKQDANVR.Y R.FQLGEGIEEESDFAAEVAAGV. K.TPVAEVAAAGK.D K.AAQSGKPAEIVAK.M R.VAAEGLVGFATDGT.R.G K.IGVLVALESSAGADVLEPLGK.Q K.ALAENNGDIEASIDWLR.T R.GALVEVNSETFVGNQFQAFVR.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.DVGAATLK.G K.ENALLSOLFVMDGK.T R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.GALVEVNSETFVGNK.N K.NEQFQAFVR.D K.KALAEENGDIEASIDWLR.T K.TPVAEVAAAGKDVGAATLK.G R.RVALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I R.KENALLSOLFVMDGK.T K.EESDFAAEVAAGV. R.VALLTVNSGAVTGYVHNAAPGMGK.I K.QLAMHVAANPLANGDDLDADLVAR.E K.ENALLSOLFVMDGK.T R.TKGLAAAK.K R.TGAGMDCCK.A R.KENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D K.ENALLSOLFVMDGKTPVAEVAAAGK.D R.ALDFIATAASGGK.V R.NGIIHILDLSQTVPLFAR.A K.TLEEQSGDTSGLTKK.E K.EANVLGIPVVAALDSNVSPDGIAPFPVANDDAAR.A R.ASQGHVNR.W K.TLEEQSGDTSGLTK.K R.QAQGPIADAAR.A R.WLGGMLTNWK.T R.LKTLLEEQSGDTSGLTK.K R.RDGEDLGAAPVPAEPALEAAAPVTEDEQVPAEAAETER.Q R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E K.RAQGPIADAAR.A R.DKLEMSLGGIR.D K.VLFPVTK.R K.LEMSLGGIR.D R.WLGGMLTNWK.T R.LYCDAVAQAATR.G R.LKTLLEEQSGDTSGLTKK.E R.ERDKLEMSLGGIR.D K.TISNSIKR.L R.MKPPIFGAR.N R.DMGGIPDVMFVIDANKEELAIAK.E R.DKLEMSLGGIR.D K.KEVLNK.T K.EVLNK.T R.IGFTQIAGLVAR.R K.FVNADLDKASEENER.Q R.VIFMSVDFVHNR.T R.RIMPFVMSGSELATQR.V K.TVESEAHTVT.R.H K.ATSTNPISAFVATGGLK.H R.FKDFEIVFAEFK.V R.GKLDNAALVK.F R.ASLNYGLAR.E R.NILGGVWFREPVMK.N K.VANPVVLDGDEMTR.I K.VQFDALGIVEHR.L R.HAFGDQYK.A R.IIWQWIR.E K.ATDFRVPQCK.L R.TDDKITVEANAIAK.K R.LVPGWTDPIVGR.H R.LIDDMVASALK.W R.NILGGVWFR.E R.EWPVYLSK.N K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.DIFEVFNK.V R.LIILPDLIDLHYDLGIEER.D R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.R.D K.LDDNAALVK.F R.LVFEGEDGTLIDEEVFQFPSSGVAMGNLDDSI.RDFAR.A R.ERLIPYLDIDLHYDLGIEER.D K.DALLIGDQNWLTGFFAIVENLDKK.M R.VEEFLK.M R.TDDKITVEANAIAK.K R.NILGGVWFREPVMK.N R.LIDDMVASALK.W K.VANPVVLDGDEMTR.I K.KYGVGVK.C K.FADDLEKVCVAVESGK.M R.DRTDDKITVEANAIAK.K K.VCVAVESGK.M K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.NYDGDVQSDTVAQGFGLSGLMTSVLMTDPDGK.T K.FADDLEK.V R.LAAEADFGQLPSLQPGSIVATAPLPLR.A R.PPSQADIDRETNIEIAFLK.E R.ISELVAEER.G K.ATAASVGAHHR.W R.VLITPTISAGNGAVLAALK.A R.IGLTGYELNDATPNAVLER.H R.DJAADVAVRVSADLAR.N K.QAGNSDWLVYGS DIPR.D K.ILTESFGALAPR.A R.SADVTAASIVPLSDWK.A R.IELNSGVTALVSNK.I R.IADATNAHLFAGQLLGDSPIGTTASLGK.A R.AVIVVGGDPATFAR.L R.SVAADAPNLLWTGDYALVAGSGIPWQNEIDQLTNGR.Q R.RIDTVENTR.R R.GEQQAAMTAWPTGGGR.T



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.ASTGNVYWMFLLEGATR.D R.ASATPQVMLDISR.A R.ALEVLAAFNDR.L R.AGASVLTATVEEQVYSR.S R.AEQGASYPVVDHWPFTGDTGGYLLVGSLLAPK.D R.VTAAALSQDDLAAVTADVQR.L R.VDFAPHVTPEIAHYR.G R.SPIGTTASLGK.A R.PADLADQLR.L R.IADATIAHLFAGQLLQDR.S R.DTAWQFGILPNGLR.Y R.TTYGHSVLPDWPWAILADAAR.S R.SHVIAADGR.I R.ALLGGTLLSDILAAR.D R.IALESVLPFAR.W R.HGAGIDPADGAAR.V R.GEVSVIFPTR.R R.ETLEETGLAVGWPGLAETEVAEVR.R R.RHGAGIDPADGAAR.V R.LESVQNANDQANVVAR.G R.ATAEQIADTGTPLK.A K.LQTAGLSTGHIDQVLR.G K.FAGSIAIIDEPLPYERPRLSK.E R.GIVGDEAPYHAIPWFWSNQDLK.L R.AVTMLLQQR.V K.LVWATGGSRR.M R.VMAVDPAHVSVTDDGQTVGYGK.L K.VVLEALDR.V R.LAVGAVIPADLVIGIGVPAVEPLIAAGAECCNGVLVDR.L K.EYFAGDKDFER.I K.KVLEALDR.V R.VAGEELSR.F R.VIAIDCVNATK.D R.TSLPDIYAGDCAAHANDFAGGAVIR.L R.TRADADAMK.A R.SFSVYVK.A R.MLPIPGDLPVQVGR.T R.SPAFVADEMAEEVIAGAKR.R R.AGGDPSPTAQVDFDAMTAAEFALGK.S R.AVEELGGVYTAEDVGTSVADMQEVATQTSR.H R.GIVYAPDYVVAAGIIVSAYELGEDVRDVELR.V R.LWSYDPDASHALADAVR.L K.NALAGLPGGAK.A R.SPAFVADEMAEEVIAGAKR.V R.HVAGLPSAAGR.A R.RPEGEWDR.V R.LYDLEAGLDGFIHSTALGPGAGGCR.L R.LVIADVSPVR.R R.ANLDDEFSAAIR.G R.DANQTTAEIAER.V K.LPGIQTAEINSTVASEIK.S R.DQILLAAHVADMAAAEAR.A R.NHVDVVAEEDSGAIGR.G K.IIAEADKYFAAK.W R.VNPEVAWVAEQNR.V R.VKDVATQDLPDEVR.W R.LTFNPADFSVEQR.F R.NDGLQPSVLYVR.E R.FDTETGNSSEIFAQR.L K.SSDPETVAFSSSFR.P R.NLLSYSPYHNR.S R.GDVTDPQFQVVDVADPYR.W R.YWVDDYGYPSK.E R.PGAKPIVLDVYANNWEYVNTAGTR.F K.GGVLAIANL.R R.MWALNGEPIANINLADIGAASFGGK.S R.LGTQSDVLIHATPKPK.L R.IILSYLGDAAK.S R.DGATALAEWEPSEDKG.Y K.LTELVAENPATLVGASR.V K.LWNSALVTDGQYLLVSSSEGTDER.Y R.VLIDPMLWAR.D R.SGVAVPAVLVTTATDDRVVPGHSFK.Y K.QNVDFDFAAGEYLIAEGITGK.G K.EGEAFQSLNENHAYVFR.L R.VTDAYLDTLPGR.D R.DGATALAEWEPSEDKGKYLIVAQDGGTDWR.I R.YGLTLHPLGR.P R.LAWVDKGGVLIANL.R K.YLLYAVQDGGTDWR.I K.GSPTLLYGGFNLSLTPGFSPTL.L K.DVATQDLPDEVR.W K.DGSGFYYSR.F R.LANKQWDFDFAAGEYLIAEGITGK.G K.YTAAALQHAQ.A R.MTELYDER.F K.SKDGTEVPMFLVMK.K R.AGHGSGKPTDK.I R.WLEDDVAVNPEVAWVAEQNR.V K.DGTEVPMFLVMK.K R.SGVAVPAVLVTTATDDRVVPGHSFK.Y K.PIVLDVYANNWEYVNTAGTR.F R.YWVDDYGYPSKADFR.N R.WLEDDVR.V R.MTELYDER.F R.EGKGEGR.V K.SSDPETVAFSSSFR.P K.LNNSALVTDGQYLLVSSSEGTDERYGLTLHPLGR.P K.GQLAIEGGSNGLLVAVTNQRDFAAALPAVGMMDMLR.F R.LVGLDLDLPLPAR.F R.FTAADQAGAEALVAR.I R.FDQQLVLPQKQK.A R.SELVVPVIANDRVLVLDLPLPAR.F R.SELVVPVIANDR.L R.WTGTWGTYETPDGR.R R.GGTGGAVVGGVGGIAGNR.I R.TYEDVPVR.K R.VDYLEIQSAGDSPR.W K.RRFQTIIFGFAAR.G R.QLFSIQDGHPIYAPGK.R R.LAEIGWTLGESDGGFGR.Y R.GGTLPAYGAVTVPVGTVDGWWTMHQR.Y R.TAVYGLSAGVTAHPLATQAGIDMLR.R R.GIEEIDNALR.T R.VPVEWLSK.D R.GTDVVALGANTQGIATLQMLNILEHFDLX.G R.DAFYEIEAR.T R.YEDLAHR.S R.VYAAASEMR.A R.LRAIEGWTGESDGGFGR.Y K.IEFEPYIAHEVGPVPMIAYMYR.R R.YYADPHFAR.V R.GMGSGLVADGLGFMQDR.G R.WHHEGSETMGEDAAGLGNLRL.L R.GLDLATVR.S R.VYAAASEMR.A R.PFQTIIFGFAAR.G R.LESGVPOASR.R K.KLAGLAGSGK.S K.HLVDGDESADTK.E K.TLTMGGPIDTR.K K.APTAVNEHATTRPYAWFQENVIATVPAYYPGAGR.C K.HLVDGDESADTK.T R.VTEAIEAR.R R.LLIVAPMSGHYATLLR.G R.GKPGFELYTTVDGETVR.V R.GELVDIAAIEDIALIEGERDDISGIGQTK.A
YP_617012	Sala_1967	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase	10.49%	2	
YP_617014	Sala_1969	NUDIX hydrolase	27.27%	6	
YP_617016	Sala_1971	FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase	67.08%	18	
YP_617018	Sala_1973	Glu/Leu/Phe/Val dehydrogenase, dimerisation region	55.14%	11	
YP_617019	Sala_1974	transcriptional regulator, AsnC family	25.64%	3	
YP_617020	Sala_1976	mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme	11.25%	2	
YP_617022	Sala_1978	Prolyl oligopeptidase	76.63%	46	
YP_617023	Sala_1979	putative GAF sensor protein	34.16%	5	
YP_617024	Sala_1980	17 kDa surface antigen	16.73%	3	
YP_617026	Sala_1982	Gamma-glutamyltransferase	52.39%	22	
YP_617028	Sala_1984	polyhydroxyalkanoate depolymerase, intracellular	40.39%	11	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617029	Sala_1985	ABC transporter related	19.43%	7	R.DDISGIGQTKAALTAR.A K.WREEIAPVVEQWIR.A K.APTAVNEHATR.P R.FYDPQAGQLLDGVLVDADPADIR.A R.LAPGFEEENRPEIASR.M R.YGNWAASDEDLWAAAR.A R.AANAEFLR.K R.MTADTAIEQVVGTTVSVALR.N R.APILLLDEATSDAASEK.L K.STFLQEAER.I R.AWGADNGVGEQQLLAAR.L K.ADYVGYMMAYLRPGTAPT.G R.LAPDMFPLAAQIR.F R.LGAAGAPGFAEDGADFAALQAQIADALAWLGGIDR.S R.GISDGSISAQAFGETRPAVATADGVR.N R.FFNADNVLDVDAQGR.D R.APLSSNWDVGLK.Y R.VSVEPVFAGPFLDSDTGFQAWQAIAGVR.A R.AGYDFEFTGYDFGGFR.A R.YNVGLSER.R R.RVEITYGPNNGM. R.FFNADNVLDVDAQGRDVSTR.F R.AEVEVGR.E R.GISDGSISAQAFGETR.P R.RNDAVR.S R.AEVEVGFREADIK.S R.PAVATADGVR.N R.APLSSNWDVGLK.YR.F R.YWVGLSERR.N R.VEITYGPNNGM. R.RVEITYGPNNGM. R.GCTGTQIMLAGHADR.S R.GCTGTQIMLAGHADR.S R.SIATVQVGTSGYRK.L R.QGAVVWNSDTLAKR.K K.QAFGYSWPNFPTLLAER.V R.AVAFFDQNLHSAK.Q K.VASAFPVSPTYR.V R.DQDLTEVADEIR.L R.LPDTGHEFLDGEK.G K.YPDQWALLSVLSADER.R K.SEPNVASAGPAVALAK.N R.ENALALTAVMDGLGR.I K.YPDQWALLSVLSADERR.D K.NTTADLIGDIEK.L R.ETPLAQDQGPAPSPR.W R.TVSESEQYITALLR.L R.QAEWTDPLEIEIHALDVASGAIATLDR.N R.LGSAPANKPEGAK.W R.AVSSIWLDITATGR.E R.SLVVQYDDHGETK.V R.LTGLTPSSSLTWAPDGR.S R.FTGADLFDLAAADPQISPDGR.H R.NGPDANPLVSPDGR.L R.GSTSYGEAFAQQIDK.A K.VPGASHGGIAAR.P R.IAANWYSDAVQWGDASR.S R.ADGGQYVEPFGEK.I R.SPLSVGNVETFLVVGEDYR.T R.NFTGADLFDLAAADPQISPDGR.H R.QLTFGPYHDGGPLSWR.D R.LIAYLGFDDALR.A R.AYEQTELVVMMNR.D K.IFLIPATGGAPR.Q K.AAALWFDKYR.K R.WFALGYLDTLNDPDR.L R.LIIDDVDSGR.S R.HKPEAAIILGEVEAPGA. R.LGMQVIDSQFKPHTLVGIWR.G K.IFISANELLADSLR.L R.LGMQVIDSQFKPHTLVGIWR.G R.CIDDQDAR.V R.GGAPVGIQVQELLDYHGQPCDHIAIR.T R.VAIPFASIDVR.A K.TVAHAGEEGPEVVR.E K.ATVNSDDPSYGGVYVNAVQAVADLSDRLDLTLAR.N R.GVAETVITGITR.A R.NFTGFSLSDAEK.A R.SLEDPALVAR.L R.HLSEAEAEATLDEALPFLGR.I R.AALEQTPPELSDIIDEGITLGGGALLR.R R.DLVTRGPAEVQTEAEIAEAEPVQIVSAVR.A R.DAASNAGAASVQLIEESLAAIAGLQVAEPR.G R.GIVLNPSVVALTR.D R.PAEVQVTEAEIAEAEPVQIVSAVR.A R.YGVRPAANGK.A R.VVSSPGFADPWYGGYGFYR.P R.FQSQLPAPQGSFVVEASNPALGGIEFGQYANIVAGELTR.Y R.DNDLQTLVPLNVEAMFTGPPGNSGER.V R.VVSSPGFADPWYGGYGFYRPIVVR.G R.MDYGVDKGR.E R.MDYGVDKGR.E K.FNLDTGTDFTLPEPTIPATAAR.I K.NLVSYAAMADESDVQLAR.F K.ANPAIDAALGAAR.A R.TLSGQPTGNLHGLNVLGAI.R K.LYFLADLHATVHNDPAELTANTR.E R.INLVDDPDTIMAK.I R.EGASVGLFAYPVLAQADVLLYQTHVPGDDQK.Q K.TDPEPLSEAGLEGRPEAK.N R.VPAHAELAWLFACTAR.I K.AKTDFEPLSEAGLEGRPEAK.N R.EMAAALMAAGIDPAK.A R.EGASVGLFAYPVLAQADVLLYQTHVPGDDQKQHLELAR.D K.AILFNQAR.V R.NVPDDQLQPFLLAEAPR.I K.TDKGTSVIELK.Y K.YAGLFGVR.N K.GTSVIELK.Y R.SAPARILDDGETSAIVTSATDTAGLVYEPSAEAGLR.Q R.QIGSNPNWLLDEAESA. R.LDDGETSAIVTSATDTAGLVYEPSAEAGLR.Q R.YHADISAITR.D R.TGHEQEPVLP.R K.RTGHEQEPVLP.R K.LIAGSMSDAAQTDDLWTFR.R R.MILEAFWK.G R.QLLANDRNFDAGR.F R.DLCCDDSYDAFVEAIDAR.E K.ITAEALNR.G R.RQIGSNPNWLLDEAESA. R.NFDAGR.F R.VGVAVQPITATPR.A R.GAAMNENPSWVFFR.E R.GSALLLPR.A R.GQASMQGILDYLR.A R.APLAIPAVPADATATASGVIAGPDFASLGISTEQAAAAAFAFR.I R.AEPNGLWIAQDTGAIK.G K.YVPLGAPVFLSLDR.A R.FIDGIEPDGPVENLLAVR.R K.HFGFAGHLVVPPGVGWTSDAFAPR.G R.VTPDMIVVPEPTSVNR.L K.LDEAVAIEDHR.L K.ALLAVPSVTRATGAVFDVLEAALPLGTFVR.F K.AEQEADKAAIAEK.E K.AEQEADKAAIAEK.A K.TVTLQGLAEGFSAVGPVAVDK.G
YP_617030	Sala_1986	hypothetical protein	47.19%	4	
YP_617032	Sala_1988	OmpA/MotB	42.90%	19	
YP_617043	Sala_1999	phage major capsid protein, HK97	8.16%	2	
YP_617047	Sala_2003	hypothetical protein	33.80%	5	
YP_617050	Sala_2006	proline iminopeptidase	16.76%	5	
YP_617051	Sala_2007	peptidase S9, prolyl oligopeptidase active site region	41.67%	20	
YP_617052	Sala_2008	phosphoribosyltransferase	59.16%	8	
YP_617053	Sala_2009	adenosine deaminase	35.48%	7	
YP_617054	Sala_2010	cell shape determining protein, MreB/Mrl family	31.50%	5	
YP_617056	Sala_2012	hypothetical protein	49.78%	7	
YP_617057	Sala_2013	tryptophanyl-tRNA synthetase	65.66%	13	
YP_617059	Sala_2015	protein-export protein SecB	21.51%	4	
YP_617060	Sala_2016	import inner membrane translocase, subunit Tim44	64.71%	13	
YP_617061	Sala_2017	MitA	28.41%	7	
YP_617063	Sala_2019	succinyl-diaminopimelate desuccinylase	27.85%	5	
YP_617066	Sala_2022	protein of unknown function DUF853, NPT hydrolase putative	29.08%	10	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617088	Sala_2046	Phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP)	56.15%	20	R.FFVEENSNPLEVASEVDRYCSWAGQACGYK.V K.VGHSEIVR.Q R.LSPFAEPEIFATTR.R R.TAOTLVQGFANFAQFESHVDEGVR.Q K.SVFGLNLVLPK.G R.GDTAVFFGLSGTGK.T R.FGTVLENVMDPVTR.E R.ALLNAALDGSNDAEFR.R R.SETVIAVNFTEK.L K.LLTPDQAMHYFLSGYTR.V K.DGPLVYATGK.H R.YFGFMVPAVPGVDAR.L R.ELDFDDATLAENSR.G R.ALLNAALDGSNDAEFR.R R.ALLNAALDGSNDAEFR.R K.VVIGGDTIETQAEVAENWGTAFLVEEAVR.H R.DRYFGFMVPAVPGVDAR.L R.TLLCRPTAEELAGFAAEYITVDLPSFR.A R.QQLFGGSSQPEHR.V R.GSYPIDIFPTSENMMGPVQNIIMLTADAYGLVLPPIAK.L K.TNVPMPDHFALK.A K.LLILGGTYAGEMK.K K.ADFLAHMAAR.P R.VYSDGEALPKLIDNPPDLAVDFDIK.M R.APPSEDEPVAEPITR.G R.EVDPGFDAIATLYGAYR.F R.VVELDTPQTVLMTLNAR.D R.AQLLAIADVDV.R R.TVIEGHGTTISAR.D R.LVSDISEASR.V R.HSGLGLAIAR.T R.GIDWIVGAPYDFREPVAIVAAWPEVIEAQR.S R.GIGIVERPWTAPVPLAVR.L R.MPAVQGVETVAGHPLPALLSAFEVSAPIK.I R.FGEADDGEPVLNLSFGFAR.G R.NPHWDPALKPTGLDPAVAVYIADPAYEETVSQIER.L R.LLIVTGLSGAGK.S R.WAEHVVDNTNYSNDLQVEVR.Q R.NLDSAPQDGLGKPPSAAR.A R.GEAERPLAVGIDSR.S R.LLITLPR.Y K.APLLEGMVTVHGR.L R.TEVIAGVNLPLIR.L R.RQEIAAIR.S R.LPETVTEVEK.G K.LVGLVKDSFGED. R.YAAPTIFILVGNESQGLPADYAAAADV.R.V K.LSGKDNPTQIVGIAEPAITLAIDR.N K.ADSLNAVAAVAAVAVELNQR.R R.TGDAVAGAGLLLDGSDTDPYGVAVR.A R.SGQELVATWLGDDSDYQAVR.Y R.WDAFLPWLR.S R.NAAPLWVAER.L R.WDAFLPWLRSGQELVATWLGDDSDYQAVR.Y R.AEGLFLAEGLR.I K.VLLATPTNLIAIR.T R.QLQDAQAALTAQFR.E K.VPGGQSLVIDAK.V K.RFEALDIETGR.E K.NLDQATGAYNAPVGSFESQVLTQAK.R R.DVELVATDLAQR.V K.LPMFVFTNNNER.I R.AAVPANGELVFK.Q K.HLMIWINGAAVR.A R.AGKLPMAFVFTNNNER.I K.LPMFVFTNNNER.I K.AGGEDYSPQISAFIQK.M K.SQVYSTADDNQSAVTIR.V R.QAVTNPENTIFAVK.R K.TAIEGGDAAAMTEK.A K.EQQAAASPAADAGEAK.A K.NNAESLVHITER.Q K.DAECFAEDKK.R K.VIENVEGTR.T K.STNGDTFLGGEDFDSK.L K.MKETAAYLGEK.V K.LVEFLADTFK.D K.LVFLADTFK.K K.LVFLADTFK.K K.LVFLADTFK.E K.IQASGGLSDADIEQMVK.D K.IELSSAATTEVNLFFITADANGPK.H K.DVLLLDVTPLSLGIETLGGIMTK.M K.ADEDVDAEFSEVEDDKK. R.IINEPTAALAYLDKSENK.T K.SIEIAIAETK.T K.LGQATYEKEQAAASPAADAGEAK.A K.DFFGKEPHTGVNPEVVAIGAIAQAGVLQGDVK.D K.AGALAQAMK.L K.KSQVYSTADDNQSAVTIR.V K.IAGLEVLR.I K.DMELVPYSIVK.G K.AKIELSSAATTEVNLFFITADANGPK.H R.QAVTNPENTIFAVK.R K.EPHTGVNPEVVAIGAIAQAGVLQGDVK.D K.DIDEVVLVGGMTR.M R.ADLEKLVEDLVK.R R.GVPQIEVTFDIDANGIVSVHAK.D K.LVEDLVK.R K.GPNGDWVK.A R.NDKLALQR.L K.VSALKSEIEAIAETK.T K.STNGDTFLGGEDFDSKLVFLADTFK.K K.AIKDAGVSAK.D K.IQASGGLSDADIEQMVKDAEQFAEEDK.K R.RFDDPMTK.D R.QLAHEGDKVDSALKSEIEAIAETK.T R.QLAHEGDKVDSALK.S K.TAIEGGDAAAMTEK.A K.MKETAAYLGEK.V K.LVEFLADTFKDEGIDLR.N K.LVEDLVK.R K.KDMELVPYSIVK.G K.KDEGIDLR.N K.IQASGGLSDADIEQMVK.D K.DVLLLDVTPLSLGIETLGGIMTK.M K.DKSTGKEQQIK.I K.DIDEVVLVGGMTR.M K.DAGKIAGLEVLR.I K.AGALAQAMK.L R.EVVKDFGK.E K.KDMELVPYSIVK.G K.IQASGGLSDADIEQMVKDAEQFAEEDK.R K.ETAAYLGEKVEQAVITVPAYFNDAQR.Q K.ETAAYLGEK.V K.DMELVPYSIVK.G K.DAGVSAKDIDEVVLVGGMTR.M R.LEDAFTGVTR.E K.AGVNMGAGGFGGHSDFDIDGIFESIFGSAFGGAR.Q R.KHEIAPAGIQSGK.Q R.AQQGFFMVER.T R.IVSGLLFLAHGVQK.F K.FLDYGEQAFALLR.I K.TYLAVAQVAQLITGSVQR.L K.QVDLPVATSGLADAVAR.L R.TQLGLGFEEDR.N R.IASGEIEIAPLAFMR.G R.DDVIFALGPAGTGK.T R.LILSRPAVEAGEK.L
YP_617089	Sala_2047	two component transcriptional regulator, winged helix family	25.00%	3	
YP_617090	Sala_2048	periplasmic sensor signal transduction histidine kinase	18.96%	6	
YP_617091	Sala_2049	HPr kinase	33.78%	2	
YP_617092	Sala_2050	Uncharacterized P-loop ATPase protein UPF0042	41.46%	7	
YP_617093	Sala_2051	PTS system fructose subfamily IIA component	26.06%	3	
YP_617094	Sala_2052	HPrNtr	25.00%	2	
YP_617095	Sala_2053	tRNA/rRNA methyltransferase (SpoU)	56.67%	9	
YP_617097	Sala_2055	protein of unknown function DUF195	17.07%	5	
YP_617099	Sala_2057	DUF461	31.64%	6	
YP_617100	Sala_2058	Chaperone DnaK	81.70%	60	
YP_617101	Sala_2059	Chaperone DnaJ	18.88%	4	
YP_617104	Sala_2062	DoxX	22.40%	2	
YP_617105	Sala_2063	PhoH-like protein	51.04%	12	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.RPLTAATPAEPGDR.V R.APSQVPMQALR.D R.LEGLEGINVSR.F R.TQLLGLFGEFDRNLVAENR.L R.TLADAFITLDEAQTITPQMK.M R.VQEGEAEAAA.A R.LQALLNEQQAFNEATVGR.T R.GAEISRPFADLAEAR.A
YP_617106	Sala_2064	tRNA-(6)A37 modification enzyme MiaB	7.88%	2	R.LQALLNEQQAFNEATVGR.T R.GAEISRPFADLAEAR.A
YP_617108	Sala_2066	ferric uptake regulator, Fur family	64.54%	7	K.IDSGISIAIVR.T K.VIEFVDFEALQK.V R.VISESDHPDVTLYDR.A R.SRYEAAPEAHHDHLDIVETGK.V R.MELYGVAIDR.K R.LFEEAGILDR.HDFDGR.S R.LFEEAGILDR.H
YP_617109	Sala_2067	transcriptional regulator, MucR family	13.19%	2	K.WGLAADVPMVAPNVAEK.R R.AKWGLAADVPMVAPNVAEK.R
YP_617111	Sala_2069	peptidase M22, glycoprotease	23.56%	3	R.LVPLIAELADGGR.A R.GALTNPPSPYGR.A R.ADACSLLPDAVALNDVLVGNR.A R.SNFISTLGYDPAITFDR.S K.DALAEITAFR.N R.NSSLQCAVYLAAR.A K.FGPTSANSLPAR.I R.ALGLDTPMGSFNDVADKAFADQPK.V R.ALGLDTPMGSFNDVADK.A R.TYNGYLDKPVSEALHAIWDLMK.F K.LAAHAMPANA.EK.I R.SWFAKDALAEITAFR.N R.IVWCMSDAK.E R.ALGLDTPMGSFNDVADKAFADQPK.V K.VKSNFISTLGYDPAITFDR.S K.LAAHAMPANA.EK.I K.AFFADQPK.V R.TYNGYLDKPVSEALHAIWDLMK.F R.ALGLDTPMGSFNDVADK.A R.VRPAVANDGGDIVR.G R.GFDKGNVYK.M R.DFASAEAEASPLASALFSLGDTVGVFFGR.D K.HYVPEVTAVHAW .MLIESTPNPATL.K.F R.PAVANDGGDIVR.G K.NGIESLLK.H R.AEDGTVTAPDVR.V K.ESDILGVIEQAEALKK.A K.QNKDAGDGTITATVLAQIVR.E K.LENVTVNMLGRK.K R.AAAVEEGLPGGGIALLR.A R.TALQDAASVAALLITTEALVAELPK.EE.K K.AANDDQSGDIVR.R R.QQIDITTSYDREK.L K.VGNEGIVTVEAK.S R.TALQDAASVAALLITTEALVAELPK.E R.QQIDITTSYDRE.E R.QIADNAGEDGAWIVGK.L R.GYLSPYFITNAEK.L K.VVIDKDNTTIVDVGVAR.T K.LLESSDYNWGFNAATGEYDLVK.A K.LENVTVNMLGR.A R.AIAEEQPHIY.L R.SPYSYLAVGR.Y R.VAQFHGIPGPRPDIVQDVR.T R.ALAASHDVTINLRPVYPLAIR.Q R.NHPNWLSTYMR.D R.AFTIQVEVHSR.E R.SPTPADLSITPR.D R.VLATELITGR.I R.THANLLHHFGSAAGLQK.A R.SAALEAAR.Q R.IDRTHANLLHHFGSAAGLQK.A K.LLDLLEGAPASGFLVGD.R.L R.LTLADLAVASPLNLR.H R.DGDIAAAAAAEELPK.L K.GVLGDPDPGFK.A K.MPAIDDDGLADSSAIHYLEAK.H K.IAAWSEILSR.P .MIVYGSIVSPFR.K K.MPAIDDDGLADSSAIHYLEAK.H R.DGFTAAAHGLTPIVAEPPATDR.H R.AGVSQSTVSR.A R.SAINPFYFALLGSIAAATSAR.G R.IAFVGPQQSPQR.Q R.AGTLADPALTLEPDLAAGEALVAMALEDDERTR.S R.RVPHDVALIGFDSGR.A R.AGTLADPALTLEPDLAAGEALVAMALEDDER.T K.SDGYVATNSVTATK.T R.NNTAVPVAGVPGSQFLTDR.T R.NGTLNGLDLANIVPTVSFGLVR.N R.LGQVPEHQFALWNR.Y K.TDPLFDVQPTISVTR.E R.YFSDAHNLLNITPGAPINAR.F R.SGDQFLTLAPASGSSPAQEDLTPER.M R.QONTADFFLDGVRDDVQYFR.S R.DTFFGVPVNR.T R.QNFIAQSNLLWVDLGGIDNR.I K.WDIRPDLNVAALFQLDR.N R.IFLGLEYDQDSTNQR.R R.ERLDDQASR.S R.RQNFIAQSNLLWVDLGGIDNR.I R.ENVSIVGSYSR.S R.TGLEAHIVK.A R.ITPNWQVSGGYTWQDAHR.K R.IGLLKP.RE R.VAFQVNVENLFDER.Y R.NVGMGLGVHQSSQFAAIR.T R.LNANYESLDNHRDFFEGER.Y K.LGLSYEYVNDRVRTDR.G R.YAINPYVAADLGR.W K.GPFAMIFGR.G R.YVPGTTIGQEGEGRDQITL.R.G R.GVELALTGR.I R.LNANYESLDNHR.D K.SDGYVATNSVTATKTDPLIDVPQTISVTR.E K.LGLSYEYVNDR.V R.VDAALFVR.A R.KNDDSR.L R.IDGLEAEALTWSTLLYGDYK.Y K.GTDLIGAPR.P K.YYTNVFNANGPATSPGTVALSSYDADR.R R.YVPGTTIGQEGEGR.D R.TREVELALTGR.I K.TPSADALAVGGTVSANSFGAWDVSADVAPNLGGGAFAFR.L R.TDEKLSPR.I R.IFLGLEYDQDSTNQR.N R.GSGGVINR.V R.TILVIGK.S R.FFSYAYQDQIFGSHVDLVGR.V R.ITPNWQVSGGYTWQDAHRK.N R.RNGTLNGLDLANIVPTVSFGLVR.N R.GVPSIATAGRPNR.P R.YDRFEIK.G R.VAFQVNVENLFDERYSDAHNLLNITPGAPINAR.F R.SLVNIEK.V R.SIADVLR.Y R.NVGMGLGVHQSSQFAAIR.T R.MINYEVGAK.W R.MINYEVGAK.W
YP_617112	Sala_2070	nitroreductase	68.02%	16	
YP_617113	Sala_2071	nitrogen-fixing NifU-like protein	47.37%	7	
YP_617120	Sala_2078	chaperonin Cpn10	26.92%	2	
YP_617121	Sala_2079	chaperonin GroEL	35.06%	14	
YP_617123	Sala_2081	DSBA oxidoreductase	34.88%	5	
YP_617126	Sala_2084	FF domain protein	7.77%	2	
YP_617127	Sala_2085	transcriptional regulator, TetR family	18.81%	4	
YP_617130	Sala_2088	glutathione S-transferase-like protein	51.85%	8	
YP_617132	Sala_2090	transcriptional regulator, LacI family	34.91%	7	
YP_617133	Sala_2091	TonB-dependent siderophore receptor	84.35%	60	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617138	Sala_2096	aconitate hydratase 1	61.05%	47	R.GQNTTADFFLDGVR.D K.YYTNVFANGPATSPGTVALSSYTDATRR.Q K.GPFAMIFGR.G R.VELK.G R.VDAALFVKANER.V R.GVPSIATAPGR.P R.DDVQYFR.S K.GTDLIGAPRPFAR.T R.FVEYYPGLASLADLR.A K.VLEWLL.F K.TSLAPGSQVVTYLVK.A R.AVIVESFER.I R.ANFLASPLVAYALK.G K.VVLTVEVDDVFNADLR.N R.SDENIALVEYAR.A K.LKEGVATDVLTLTATQMLR.A K.GTVTEFTTTPIGQDR.D R.YAHVYQDEHWQK.I K.AFEQVVEIYYR.N K.ADFNSYGAR.R R.SNVLGMLVPLQFTDGGQR.E R.HKADGTPLVIAAGK.E R.IDTANEVEYMMNGILHYVLR.K K.IEVESDYQWR.A K.EGVATDVLTLTATQMLR.A R.FEDGGFTVTDVQALVDWQK.D K.GTNLLGVR.A R.FEDGGFTVSTDDVQALVDWQKDPHSNR.E R.ETLGLTGGDQFTTGVADLKR.Q R.DGKDVFLADWPTNQEVAIAGAVDR.D K.ADGPLVVIAGK.E K.WLMEHQVSK.A K.SYAYSLDK.A R.YGSEVMPYDVAMR.H K.DVFLADWPTNQEVAIAGAVDR.D R.RGHHEVMMR.G K.GTVTEFTTTPIGQDRDGK.D R.YAHVYQDEHWQKIEVGSQYQWR.A R.VLLQDFTGVCVVDLAAMR.D R.VLLQDFTGVCVVDLAAMR.D R.SNVLGMLVPLQFTDGGQR.E R.QVTVWVTRPDGSTFAFDALCR.I R.AQGLWLAADMPDVFDTLELDMGSMVPSLAGPK.R K.LKEGVATDVLTLTATQMLR.A R.YGSEVMPYDVAMR.H R.STLDVGGK.S R.LTGRSDENIALVEYAR.A R.IKNEVPGIEGMSR.Y R.IDTANEVEYMMNGILHYVLR.L R.IDTANEVEYMMNGILHYVLR.K R.EHDIGDGVVIAAITSCTNSNPGMVAAGLVAK.K R.EHDIGDGVVIAAITSCTNSNPGMVAAGLVAK.K R.ATLANHMAPEVGRATGFFGDDK.T K.SYAYSLDKAAAK.L K.INPLVPHLIDHSVMVDFGHPK.A R.TATLDGEAIAGETALFLGR.H R.FGLHPLAVEDALK.A K.VVEYGDQLFVAR.T R.TATSKPTDHYGK.A R.AGNSAAWVELQPLTGR.T K.DRPLTEADVALAESMLHR.D R.VHMAAIGHPIVGDGK.Y K.TPLDDAVIGEEEDGIR.L K.ADVSDRIAVGQR.L R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D
YP_617140	Sala_2098	magnesium and cobalt transport protein CorA	14.24%	3	R.TATLDGEAIAGETALFLGR.H R.FGLHPLAVEDALK.A K.VVEYGDQLFVAR.T R.TATSKPTDHYGK.A R.AGNSAAWVELQPLTGR.T K.DRPLTEADVALAESMLHR.D R.VHMAAIGHPIVGDGK.Y K.TPLDDAVIGEEEDGIR.L K.ADVSDRIAVGQR.L R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D
YP_617144	Sala_2102	Pseudouridine synthase, RluD	22.22%	6	R.TATLDGEAIAGETALFLGR.H R.FGLHPLAVEDALK.A K.VVEYGDQLFVAR.T R.TATSKPTDHYGK.A R.AGNSAAWVELQPLTGR.T K.DRPLTEADVALAESMLHR.D R.VHMAAIGHPIVGDGK.Y K.TPLDDAVIGEEEDGIR.L K.ADVSDRIAVGQR.L R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D
YP_617146	Sala_2104	ATP12 ATPase	28.82%	4	R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D
YP_617149	Sala_2107	fructose-1,6-bisphosphatase, class II	60.68%	18	R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D
YP_617150	Sala_2108	DNA topoisomerase IV, A subunit	40.54%	25	R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D
YP_617151	Sala_2109	diguanylate cyclase/phosphodiesterase	27.02%	11	R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D
YP_617152	Sala_2110	Polynucleotide adenyltransferase region	46.23%	14	R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D
YP_617153	Sala_2111	NUDIX hydrolase	36.60%	6	R.DATLQAEQAANWLLAWAER.Y R.DAFAQDQWR.I R.YGVEFALTQGVIPDQPAATVAALR.D K.QRDWDNAAR.F K.LAVGPGYSPDIIGDK.S K.WGIEDLDRVYLDGLAR.G R.GDVIFAATGVTDGSLLR.G R.VTEAAIAAAK.L K.IDIADVPLEGTTITAK.A R.VYDLGLAR.G R.HEAIAELR.A K.WGIEDLDR.V K.VGNAPKGP.K.I R.GGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.AADAAMVAMR.G R.VLVLEMVR.V K.AGPNALAVLAIAEEGCLLNAPDVYMDK.L R.RGGGLTESVMMR.A R.GAFNTLYMDGTIVIGERDEAPMLYGEK.V K.SVRENVAAVAR.E K.AADAAMVAMR.G K.LSGGTWQLVISEIPYVAK.G R.FALNLNVLADTR.T K.LVFLVLAEPVMMR.G K.IJIEQVQLIADR.K R.YPLVDGQGNFGNIDGDNAAAYR.Y K.DADGKWEADGIEK.L R.EQDILTAREELAK.L K.GPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G R.GVYGLDLSGAR.R R.FFTVGADKLPGR.G R.RTTIAEAPTR.E R.FALNLNVLADTRTK.V K.AGLSLLDHYK.G R.TTIAEAPTR.E R.TRITDLPWR.V R.GHVAPDQWGEFK.F R.VLYALSTTAR.S R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.L R.PIAPGDDSVAVVGDNRK.K R.LMVDIDPDAR.I R.IVAMVPASAGGR.L R.EIPDAMIKEPVTILSK.R R.AALVVARPIAPGDDSVAVVGDNRK K.FKEGDELLFAHAQTTDK.L K.AGLSLLDHYKPDFPTGGVAENAEITIAQAYESGR.G K.TTAEVETTDQAR.L R.GHIGPLPTEDDGLFLLTLIDR.T K.LSPVGDADPELLR.A R.TIGSLAEVGMK.T R.NAIEDRLHLAFQPLIEMASGR.V R.LHASNAAFDR.L R.ELVSDSLTGLPNNR.A R.DAPGADHALLLDLAR.F R.AGFEELVEQR.A R.TGGDEFAISTR.I K.AAAVLADWR.Q R.GDLLPASHAAVVAAR.Q R.TGAIDWFGGLADLR.G R.DTLGLDVTVDLATPLVPEVTR.R R.DVHLLAGDPAALR.T R.VAFIGDAASR.I R.LAALLPADVAIAEQVASR.L R.IVAAALDDGGAVK.V R.QLAYAGIEAAR.D R.LFANEAVAGVPAALR.R R.GIAAGPEVAR.I K.AVEAAWVAEDFPAAR.V R.VAELVDK.I R.TLSDWQVPLPVK.G R.TLSDWQVPLPVK.G K.LRDALANLLPEGEDEAYLGTPTLR.D

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617154	Sala_2112	protein of unknown function DUF1285	45.88%	6	R.SHAGQVAFPGGK.I R.EAEEIEGLSR.H R.DAAVLIAFDTR.A R.HDVMAGATEPFR.S R.DALANLLPEGDEAYLGTPTLR.D R.EADGSHLVTPAEK.L R.FAAQTLPPVSWHPER.S R.GTIGNGLEAR.I K.LAIVAEEDTPFR.A R.LDIDDVLVLAGPDLHFLSGSDPDRPDR.L R.ADGSWYHEGGR.I R.SPGEADPVAEALAEAGVSHR.F R.FAADLSDPAEVALVPAVIER.F R.VNAVAPGLTATGDYSAQVER.L R.VAHPVPDQJAYSLSK.A R.AEAVTGGQITFDGGAHLAPLGR.D R.ALVAASEGR.R
YP_617157	Sala_2115	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	43.87%	6	R.GEVLAAAFTEENGR.R R.LPYGLAAFAFTENGR.R K.ESGFGESESGPEGLDGYLVTK.A R.RIPALCALVADAK.A R.GEVLAAAFDYFAEQGK.R R.DERPVPNATAGTIAALPVATSADLDEALAAAER.G R.KVSFTGSTAVGK.H K.VSFTGSTAVGK.H K.IGSGLDADTQMPLANAR.R R.VDHIATLLLEQKPIAEAR.G R.IVDSIESGMVGNVFNVISALDTPFGGK.E K.HPVGPVAGFSWNPVNLVVK.K R.NAGQVCISPTR.F R.HLLASPVIR.K R.ERVDHIATLLLEQKPIAEAR.G K.APEETPGCTSAVMR.C K.IAPALAAQCVIAK.A R.VFLIWESWLR.H R.TDDAPEYLRPFVYAEPAAGR.V R.IDIATGAVEVLYQSGDHGVVLR.G K.QVIATPGGGPNGLAIGPDGK.L R.QDAVITLSGTR.L R.LPVWFAVITVESAVEGVAAGER.F K.AGPGGTDVTPR.R R.LVEEAREPLAQQR.V K.SHWDAQADVEGLPGQR.Q R.IADWGGAAFGAK.I K.IAEAWTAFMDVAPR.L R.IEALLEGYR.A R.WAIDIDRDDITQAR.L R.FGYYPMASDAVLTGK.A R.VISYDQIMLNAAAPALVDMAGNAVTR.V R.KGGEAALAYR.E K.TAIGLGLTK.Q K.KGGEAALAYR.E R.AEIDAAAFDLSFASEAR.A R.VNAADPDGNAWAR.F R.SEELAAEVAIMAR.F R.AMGHELEGEAVLAVLAGAVRPMVAALDTLK.A
YP_617159	Sala_2117	hypothetical protein	14.57%	2	K.DLTASNAGIDGELGK.L R.TGVTLVAEQK.E K.SFDGQDYLGR.G K.ADESGNLIIFR.K R.DAGVKDLTASNAGIDGELGK.L R.GIFADLAIK.G R.ICVAEVEIEVPTGSLDPDCHLPGIYVK.R K.MISSYVGENKEFER.Q R.NFNQPMATAAR.I R.AGGAGIPGFYR.T K.GWKADESGNLIIFR.K R.LLIELAPGVTAEVAAK.T K.QTISELPQSAFSSADSFAMIR.G K.VVVDHIITDLAVFR.R R.RDDHDSFRL.L K.IIVVMEHNAK.D R.SNFGSLAALR.D R.VLLSGSSGWLGR.H R.NGHEVIGLDVVPVHVVHVTGADR.A R.FGGPWLAGADFTAVDAFFAPVAFR.I R.AFSPTGQVPLLEHGR.T R.QALAEQWREESHEALAAAGVITADYR.V R.IRELFEEGLAR.F R.TIHDSLGIALYLADR.H R.TYGLDVGAGQAWVDHMLAHFAMLEWER.Q R.IEPFTKPSNYEER.A R.HAGVWPTDPRAR.A R.MYELITANR.N R.VEGDVGRVSAK.D R.HLHVETSPQAFAGLR.A K.WAIVVPGSGLVK.A R.AGLIAPDETTFAV.LK.G R.RPDLTAVDPHNVPTFR.K K.GADWDAVAVWK.S K.IWDAHVVER.R K.DAAGNRLPIADPESAAQLAALEK.N K.AQAEAEGLDR.I R.LTISNMAIEGAR.A K.VVVIDAADIAPSVTWTGSPEDVVPITGTPDPAFSPDPSKR.A K.SLTDPGATYK.V K.DIILHTIGTGAAGGTGHVIEYTSAIR.A R.LNAFSDTEAPYQSR.D R.LAGMGPVLLSGDQAHFQENYDSEGVPEFNTDR.A K.NLGTAVIIQHEPR.D R.HGQQLMVDLGLPTALK.G K.GAAFTDSDMSATVR.T R.DKDFDGR.V R.PAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDRPAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDR.P R.AQTLASFR.F R.EHAAWALSDLGR.V K.NIDTVIPAHWLK.T K.NGLIPVLLPQAADR.L R.VVIAPSYSDIFSGNAV.N R.LLEVAATDPVRIDLEHQTVTTPFQDR.F K.SDAAGAYEDR.L R.LLEVAATDPVR.I R.FTFEIDPFR.K R.QAPILIAGDNFGCGSSR.E R.IDLEHQTVTTPFQDR.F K.EAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.DAGADEIVVYGR.Q R.FLVVGFAPGPR.L R.LPLNLLK.S R.FKEAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.LFQLEWQGGK.I R.VTGSVALEDGK.A K.EGDTLLVLGASGGVGAIVELGK.A K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P R.VVAVGSSSEK.A R.VVAVGSSSEKAAIAR.D K.GQIVIDVK.A K.YQFKPERPAPGGEVAGLVAEVGEGVTGFK.A K.SCDVAGVWGFVAFVAR.E K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P K.FQPVYGVADAVVAALADATGR.L R.AVQADGAGHVATK.A R.ALHVSIAIGADRSDPSAYGR.S R.AATFLKPLGGGQTFVHADVR.D
YP_617160	Sala_2118	putative gluconolactonase precursor	17.65%	3	R.QDAVITLSGTR.L R.LPVWFAVITVESAVEGVAAGER.F K.AGPGGTDVTPR.R R.LVEEAREPLAQQR.V K.SHWDAQADVEGLPGQR.Q R.IADWGGAAFGAK.I K.IAEAWTAFMDVAPR.L R.IEALLEGYR.A R.WAIDIDRDDITQAR.L R.FGYYPMASDAVLTGK.A R.VISYDQIMLNAAAPALVDMAGNAVTR.V R.KGGEAALAYR.E K.TAIGLGLTK.Q K.KGGEAALAYR.E R.AEIDAAAFDLSFASEAR.A R.VNAADPDGNAWAR.F R.SEELAAEVAIMAR.F R.AMGHELEGEAVLAVLAGAVRPMVAALDTLK.A
YP_617162	Sala_2120	hypothetical protein	49.18%	13	R.QDAVITLSGTR.L R.LPVWFAVITVESAVEGVAAGER.F K.AGPGGTDVTPR.R R.LVEEAREPLAQQR.V K.SHWDAQADVEGLPGQR.Q R.IADWGGAAFGAK.I K.IAEAWTAFMDVAPR.L R.IEALLEGYR.A R.WAIDIDRDDITQAR.L R.FGYYPMASDAVLTGK.A R.VISYDQIMLNAAAPALVDMAGNAVTR.V R.KGGEAALAYR.E K.TAIGLGLTK.Q K.KGGEAALAYR.E R.AEIDAAAFDLSFASEAR.A R.VNAADPDGNAWAR.F R.SEELAAEVAIMAR.F R.AMGHELEGEAVLAVLAGAVRPMVAALDTLK.A
YP_617163	Sala_2121	epoxide hydrolase domain-like phosphatase	34.88%	4	R.AEIDAAAFDLSFASEAR.A R.VNAADPDGNAWAR.F R.SEELAAEVAIMAR.F R.AMGHELEGEAVLAVLAGAVRPMVAALDTLK.A
YP_617165	Sala_2123	3-oxoacid CoA-transferase, subunit A	56.36%	11	K.DLTASNAGIDGELGK.L R.TGVTLVAEQK.E K.SFDGQDYLGR.G K.ADESGNLIIFR.K R.DAGVKDLTASNAGIDGELGK.L R.GIFADLAIK.G R.ICVAEVEIEVPTGSLDPDCHLPGIYVK.R K.MISSYVGENKEFER.Q R.NFNQPMATAAR.I R.AGGAGIPGFYR.T K.GWKADESGNLIIFR.K R.LLIELAPGVTAEVAAK.T K.QTISELPQSAFSSADSFAMIR.G K.VVVDHIITDLAVFR.R R.RDDHDSFRL.L K.IIVVMEHNAK.D R.SNFGSLAALR.D R.VLLSGSSGWLGR.H R.NGHEVIGLDVVPVHVVHVTGADR.A R.FGGPWLAGADFTAVDAFFAPVAFR.I R.AFSPTGQVPLLEHGR.T R.QALAEQWREESHEALAAAGVITADYR.V R.IRELFEEGLAR.F R.TIHDSLGIALYLADR.H R.TYGLDVGAGQAWVDHMLAHFAMLEWER.Q R.IEPFTKPSNYEER.A R.HAGVWPTDPRAR.A R.MYELITANR.N R.VEGDVGRVSAK.D R.HLHVETSPQAFAGLR.A K.WAIVVPGSGLVK.A R.AGLIAPDETTFAV.LK.G R.RPDLTAVDPHNVPTFR.K K.GADWDAVAVWK.S K.IWDAHVVER.R K.DAAGNRLPIADPESAAQLAALEK.N K.AQAEAEGLDR.I R.LTISNMAIEGAR.A K.VVVIDAADIAPSVTWTGSPEDVVPITGTPDPAFSPDPSKR.A K.SLTDPGATYK.V K.DIILHTIGTGAAGGTGHVIEYTSAIR.A R.LNAFSDTEAPYQSR.D R.LAGMGPVLLSGDQAHFQENYDSEGVPEFNTDR.A K.NLGTAVIIQHEPR.D R.HGQQLMVDLGLPTALK.G K.GAAFTDSDMSATVR.T R.DKDFDGR.V R.PAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDRPAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDR.P R.AQTLASFR.F R.EHAAWALSDLGR.V K.NIDTVIPAHWLK.T K.NGLIPVLLPQAADR.L R.VVIAPSYSDIFSGNAV.N R.LLEVAATDPVRIDLEHQTVTTPFQDR.F K.SDAAGAYEDR.L R.LLEVAATDPVR.I R.FTFEIDPFR.K R.QAPILIAGDNFGCGSSR.E R.IDLEHQTVTTPFQDR.F K.EAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.DAGADEIVVYGR.Q R.FLVVGFAPGPR.L R.LPLNLLK.S R.FKEAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.LFQLEWQGGK.I R.VTGSVALEDGK.A K.EGDTLLVLGASGGVGAIVELGK.A K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P R.VVAVGSSSEK.A R.VVAVGSSSEKAAIAR.D K.GQIVIDVK.A K.YQFKPERPAPGGEVAGLVAEVGEGVTGFK.A K.SCDVAGVWGFVAFVAR.E K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P K.FQPVYGVADAVVAALADATGR.L R.AVQADGAGHVATK.A R.ALHVSIAIGADRSDPSAYGR.S R.AATFLKPLGGGQTFVHADVR.D
YP_617166	Sala_2124	3-oxoacid CoA-transferase, subunit B	33.65%	5	R.AEIDAAAFDLSFASEAR.A R.VNAADPDGNAWAR.F R.SEELAAEVAIMAR.F R.AMGHELEGEAVLAVLAGAVRPMVAALDTLK.A
YP_617168	Sala_2126	NAD-dependent epimerase/dehydratase	14.77%	3	R.SNFGSLAALR.D R.VLLSGSSGWLGR.H R.NGHEVIGLDVVPVHVVHVTGADR.A R.FGGPWLAGADFTAVDAFFAPVAFR.I R.AFSPTGQVPLLEHGR.T R.QALAEQWREESHEALAAAGVITADYR.V R.IRELFEEGLAR.F R.TIHDSLGIALYLADR.H R.TYGLDVGAGQAWVDHMLAHFAMLEWER.Q R.IEPFTKPSNYEER.A R.HAGVWPTDPRAR.A R.MYELITANR.N R.VEGDVGRVSAK.D R.HLHVETSPQAFAGLR.A K.WAIVVPGSGLVK.A R.AGLIAPDETTFAV.LK.G R.RPDLTAVDPHNVPTFR.K K.GADWDAVAVWK.S K.IWDAHVVER.R K.DAAGNRLPIADPESAAQLAALEK.N K.AQAEAEGLDR.I R.LTISNMAIEGAR.A K.VVVIDAADIAPSVTWTGSPEDVVPITGTPDPAFSPDPSKR.A K.SLTDPGATYK.V K.DIILHTIGTGAAGGTGHVIEYTSAIR.A R.LNAFSDTEAPYQSR.D R.LAGMGPVLLSGDQAHFQENYDSEGVPEFNTDR.A K.NLGTAVIIQHEPR.D R.HGQQLMVDLGLPTALK.G K.GAAFTDSDMSATVR.T R.DKDFDGR.V R.PAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDRPAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDR.P R.AQTLASFR.F R.EHAAWALSDLGR.V K.NIDTVIPAHWLK.T K.NGLIPVLLPQAADR.L R.VVIAPSYSDIFSGNAV.N R.LLEVAATDPVRIDLEHQTVTTPFQDR.F K.SDAAGAYEDR.L R.LLEVAATDPVR.I R.FTFEIDPFR.K R.QAPILIAGDNFGCGSSR.E R.IDLEHQTVTTPFQDR.F K.EAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.DAGADEIVVYGR.Q R.FLVVGFAPGPR.L R.LPLNLLK.S R.FKEAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.LFQLEWQGGK.I R.VTGSVALEDGK.A K.EGDTLLVLGASGGVGAIVELGK.A K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P R.VVAVGSSSEK.A R.VVAVGSSSEKAAIAR.D K.GQIVIDVK.A K.YQFKPERPAPGGEVAGLVAEVGEGVTGFK.A K.SCDVAGVWGFVAFVAR.E K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P K.FQPVYGVADAVVAALADATGR.L R.AVQADGAGHVATK.A R.ALHVSIAIGADRSDPSAYGR.S R.AATFLKPLGGGQTFVHADVR.D
YP_617172	Sala_2130	beta-lactamase-like protein	51.06%	10	R.LNAFSDTEAPYQSR.D R.LAGMGPVLLSGDQAHFQENYDSEGVPEFNTDR.A K.NLGTAVIIQHEPR.D R.HGQQLMVDLGLPTALK.G K.GAAFTDSDMSATVR.T R.DKDFDGR.V R.PAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDRPAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDR.P R.AQTLASFR.F R.EHAAWALSDLGR.V K.NIDTVIPAHWLK.T K.NGLIPVLLPQAADR.L R.VVIAPSYSDIFSGNAV.N R.LLEVAATDPVRIDLEHQTVTTPFQDR.F K.SDAAGAYEDR.L R.LLEVAATDPVR.I R.FTFEIDPFR.K R.QAPILIAGDNFGCGSSR.E R.IDLEHQTVTTPFQDR.F K.EAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.DAGADEIVVYGR.Q R.FLVVGFAPGPR.L R.LPLNLLK.S R.FKEAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.LFQLEWQGGK.I R.VTGSVALEDGK.A K.EGDTLLVLGASGGVGAIVELGK.A K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P R.VVAVGSSSEK.A R.VVAVGSSSEKAAIAR.D K.GQIVIDVK.A K.YQFKPERPAPGGEVAGLVAEVGEGVTGFK.A K.SCDVAGVWGFVAFVAR.E K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P K.FQPVYGVADAVVAALADATGR.L R.AVQADGAGHVATK.A R.ALHVSIAIGADRSDPSAYGR.S R.AATFLKPLGGGQTFVHADVR.D
YP_617173	Sala_2131	3-isopropylmalate dehydratase, small subunit	61.93%	10	R.LNAFSDTEAPYQSR.D R.LAGMGPVLLSGDQAHFQENYDSEGVPEFNTDR.A K.NLGTAVIIQHEPR.D R.HGQQLMVDLGLPTALK.G K.GAAFTDSDMSATVR.T R.DKDFDGR.V R.PAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDRPAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDR.P R.AQTLASFR.F R.EHAAWALSDLGR.V K.NIDTVIPAHWLK.T K.NGLIPVLLPQAADR.L R.VVIAPSYSDIFSGNAV.N R.LLEVAATDPVRIDLEHQTVTTPFQDR.F K.SDAAGAYEDR.L R.LLEVAATDPVR.I R.FTFEIDPFR.K R.QAPILIAGDNFGCGSSR.E R.IDLEHQTVTTPFQDR.F K.EAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.DAGADEIVVYGR.Q R.FLVVGFAPGPR.L R.LPLNLLK.S R.FKEAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.LFQLEWQGGK.I R.VTGSVALEDGK.A K.EGDTLLVLGASGGVGAIVELGK.A K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P R.VVAVGSSSEK.A R.VVAVGSSSEKAAIAR.D K.GQIVIDVK.A K.YQFKPERPAPGGEVAGLVAEVGEGVTGFK.A K.SCDVAGVWGFVAFVAR.E K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P K.FQPVYGVADAVVAALADATGR.L R.AVQADGAGHVATK.A R.ALHVSIAIGADRSDPSAYGR.S R.AATFLKPLGGGQTFVHADVR.D
YP_617174	Sala_2132	Alcohol dehydrogenase, zinc-binding	59.52%	15	R.LNAFSDTEAPYQSR.D R.LAGMGPVLLSGDQAHFQENYDSEGVPEFNTDR.A K.NLGTAVIIQHEPR.D R.HGQQLMVDLGLPTALK.G K.GAAFTDSDMSATVR.T R.DKDFDGR.V R.PAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDRPAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDR.P R.AQTLASFR.F R.EHAAWALSDLGR.V K.NIDTVIPAHWLK.T K.NGLIPVLLPQAADR.L R.VVIAPSYSDIFSGNAV.N R.LLEVAATDPVRIDLEHQTVTTPFQDR.F K.SDAAGAYEDR.L R.LLEVAATDPVR.I R.FTFEIDPFR.K R.QAPILIAGDNFGCGSSR.E R.IDLEHQTVTTPFQDR.F K.EAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.DAGADEIVVYGR.Q R.FLVVGFAPGPR.L R.LPLNLLK.S R.FKEAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.LFQLEWQGGK.I R.VTGSVALEDGK.A K.EGDTLLVLGASGGVGAIVELGK.A K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P R.VVAVGSSSEK.A R.VVAVGSSSEKAAIAR.D K.GQIVIDVK.A K.YQFKPERPAPGGEVAGLVAEVGEGVTGFK.A K.SCDVAGVWGFVAFVAR.E K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P K.FQPVYGVADAVVAALADATGR.L R.AVQADGAGHVATK.A R.ALHVSIAIGADRSDPSAYGR.S R.AATFLKPLGGGQTFVHADVR.D
YP_617178	Sala_2136	3-beta hydroxysteroid dehydrogenase/isomerase	55.45%	11	R.LNAFSDTEAPYQSR.D R.LAGMGPVLLSGDQAHFQENYDSEGVPEFNTDR.A K.NLGTAVIIQHEPR.D R.HGQQLMVDLGLPTALK.G K.GAAFTDSDMSATVR.T R.DKDFDGR.V R.PAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDRPAWVNPQFTHWIGGGGAVEPVER.D R.DWDWLDSDR.P R.AQTLASFR.F R.EHAAWALSDLGR.V K.NIDTVIPAHWLK.T K.NGLIPVLLPQAADR.L R.VVIAPSYSDIFSGNAV.N R.LLEVAATDPVRIDLEHQTVTTPFQDR.F K.SDAAGAYEDR.L R.LLEVAATDPVR.I R.FTFEIDPFR.K R.QAPILIAGDNFGCGSSR.E R.IDLEHQTVTTPFQDR.F K.EAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.DAGADEIVVYGR.Q R.FLVVGFAPGPR.L R.LPLNLLK.S R.FKEAVGPGGANLIYDAVGGDYAEALR.S R.LFQLEWQGGK.I R.VTGSVALEDGK.A K.EGDTLLVLGASGGVGAIVELGK.A K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P R.VVAVGSSSEK.A R.VVAVGSSSEKAAIAR.D K.GQIVIDVK.A K.YQFKPERPAPGGEVAGLVAEVGEGVTGFK.A K.SCDVAGVWGFVAFVAR.E K.ALLSTATGGPETLVGLGELPR.P K.FQPVYGVADAVVAALADATGR.L R.AVQADGAGHVATK.A R.ALHVSIAIGADRSDPSAYGR.S R.AATFLKPLGGGQTFVHADVR.D

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617180	Sala_2138	glutamate synthase, small subunit	68.96%	32	R.AAFTGAAILRPSIIFGR.E R.SKGDGEAAVR.A R.AVQGSDAVHNLVGFADDMR.A R.LFELGSPVLTMR.E R.MQTFDQQLTIVLGGGGFLGR.Y R.LAPVMPVIAPQAK.F R.MQTFDQQLTIVLGGGGFLGR.Y R.VGPTGQSGVIGVAGPAGLTAAYLR.A K.ALGFDPPEELPHLFGAPDLSVTR.W R.EINVPNGEAEVIAALDYLVASNR.K K.YITDTAWAEGWVEPLR.V R.YSAPDADAQAAR.C R.QKHDAILIATGVYK.A R.EVANAEEGVFVWLSAPESFTADR.H R.AGGLTYGIPGFK.L R.GASLWVWGR.D R.VDHTMTMTSLPGVFAAGDIVR.G R.KGFGDAVPAFDDGR.L R.DRENMPGSQR.E R.AGGLTYGIPGFKLEK.D R.AAGHDVHVYDR.H K.AREINVPNGEAEVIAALDYLVASNR.K R.RFDVADMVIAK.A K.HDAILIATGVYK.A R.LGAPDASGR.R R.FDVADMVIAK.A R.DGRDVSQMAK.W R.AAGHDVHVYDRHDR.A K.GFGDAVPAFDDGR.LNAGK.H K.GFGDAVPAFDDGR.L R.RFDVADMVIAK.A R.LREAYELSNATSTMPICGR.I R.LAAGGIQFHLGFEVGDATLDGLR.Q K.HVVVIGGGDTAMDCVR.T K.EVAVAGRL R.VDHTMTMTSLPGVFAAGDIVR.G R.KGFGDAVPAFDDGR.LNAGK.H R.EAYELSNATSTMPICGR.I K.HVVVIGGGDTAMDCVR.T R.QRVELEAAYR.K R.KAEAAVEK.A K.TGVESDKIAALDDATK.G R.LAIAEQTTAALPTGSIEK.M R.VEELAAAYR.K R.QLADLSDGELAK.L K.EMDEVITLVEK.M K.GIADLFDPHRK.E K.EREDQTR.L K.MQKEMDEVITLVEK.M R.QNFSQVTNPPIDSLR.E R.GGYNFEAVLSR.A K.VAQGAKPGEQGQLPGFK.V R.GAEHLDDLDLNPILAK.V K.LVSSAGITVAAGVAK.A K.GFLAELADFPDLANL.L K.AHADVILVAGTGTGASQTSVK.Y R.YKPYANGDNANSNIK.Q R.FFDIAAASGHK.V R.SELFLSDQNIQEDR.V R.LASSHWEGVIAK.A R.FANLANLDEK.G K.AVSGEGGEASER.Y R.YSTNTFPQWVLAQPRR.C R.NPVPDSDAQILNDAKPLFER.G K.LLIVFEAWASDPDVEAHR.A K.GLADPHVQRL K.IAGAADYAR.V R.ALVNDLFPMPAK.I K.ISGEGYQSLFINATEKHEAAFDGR.V R.LAVGMIFLPR.T R.VTTLPIGGFYR.Q R.TRPEIEQIMIAGPLPEEQSIDFEK.Q R.VVEAAIEALR.A R.GVADLPPIYLR.D K.VINLMTFIAEEVR.E K.GQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.A R.ANGESIVWQR.L K.MGIAVSSYR.G R.ANGESIVWQR.L K.PGEGGQLPGFK.V K.ISGEGYQSLFINATEK.H R.RVVEAAIEALR.A R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K K.YAGTPWEMGLSEVNVQTLNLGLR.H R.LRPGQMIAVDLDEGKVEYDR.A R.IIVRPTVSSPLVQHSIVGNTVLYGATAGTLAAGQAGER.F R.SAEVLDTHAFVAVLVGGATTVHAYLAETIADR.H K.GQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.L K.DKIAGAADYAR.V R.VTTLADNLLVGSSEGMVLLPEASVR.K R.KAIDDELGLK.I K.WSAEILADWDR.W R.PTVSSPLVQHSIVGNTVLYGATAGTLAAGQAGER.F R.ASLPAWDRSELLR.R K.HEAADFGR.V R.GAVDADGHTGDGAGIHVDLPER.F R.VAIFHQYR.Y R.TRPEIEQIMIAGPLPEEQSIDFEK.Q R.TDLGAQEER.T R.REAEDAVR.A R.QVAAGLTMEDMELLAPMVEDAK.E R.MQLTYNVR.N R.MQLTYNVR.N R.LTHSLNEAEVVAEE R.LGPGQMIAVDLDEGK.V R.LAVGMIFLPR.T R.HATPGVTLISPPPHDIYSIEDLAQLYDLK.Q R.GLFGSELTLDCCR.Q R.GAVDADGHTGDGAGIHVDLPER.F R.FVTPGMSLGLSPEAHETLAJAMNR.I R.FANLANLDEKQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.L R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K R.CLAHNGEINTIR.G R.AYFGDAVADICTFFVGGDASTLR.D R.AMYAYLASVHEFWDPALAMTDGR.W R.ALVNDLFPMPAK.I R.AGRDAPTAK.L K.VTEFIAR.L K.VIAAQIADFYICLSAR.S K.MGIAVSSYR.G R.TDGLKTKGR.D R.SVASINVR.S R.SQGNFRNPVPDSDAQILNDAKPLFER.G R.QVPPDVSIVGDK.A R.QNFSQVTNPPIDSLRER.H R.NPVPDSDAQILNDAK.P R.LGPGQMIAVDLDEGKVEYDR.A R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K K.YAGTPWEMGLSEVNVQTLNLGLR.H K.GFLAELADFPDLANLKFESR.V K.EAVGSMGDDTPLAVISDKPR.H K.ALVEDHAK.A K.AIDDELKILAK.M R.DEFIDLNPAGR.T K.AANNHLDYIDYIDHR.T K.GVGYELVR.E R.GQVLDSMAIAEYFEETVEGK.A
YP_617181	Sala_2139	hypothetical protein	26.79%	10	R.QRVELEAAYR.K R.KAEAAVEK.A K.TGVESDKIAALDDATK.G R.LAIAEQTTAALPTGSIEK.M R.VEELAAAYR.K R.QLADLSDGELAK.L K.EMDEVITLVEK.M K.GIADLFDPHRK.E K.EREDQTR.L K.MQKEMDEVITLVEK.M R.QNFSQVTNPPIDSLR.E R.GGYNFEAVLSR.A K.VAQGAKPGEQGQLPGFK.V R.GAEHLDDLDLNPILAK.V K.LVSSAGITVAAGVAK.A K.GFLAELADFPDLANL.L K.AHADVILVAGTGTGASQTSVK.Y R.YKPYANGDNANSNIK.Q R.FFDIAAASGHK.V R.SELFLSDQNIQEDR.V R.LASSHWEGVIAK.A R.FANLANLDEK.G K.AVSGEGGEASER.Y R.YSTNTFPQWVLAQPRR.C R.NPVPDSDAQILNDAKPLFER.G K.LLIVFEAWASDPDVEAHR.A K.GLADPHVQRL K.IAGAADYAR.V R.ALVNDLFPMPAK.I K.ISGEGYQSLFINATEKHEAAFDGR.V R.LAVGMIFLPR.T R.VTTLPIGGFYR.Q R.TRPEIEQIMIAGPLPEEQSIDFEK.Q R.VVEAAIEALR.A R.GVADLPPIYLR.D K.VINLMTFIAEEVR.E K.GQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.A R.ANGESIVWQR.L K.MGIAVSSYR.G R.ANGESIVWQR.L K.PGEGGQLPGFK.V K.ISGEGYQSLFINATEK.H R.RVVEAAIEALR.A R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K K.YAGTPWEMGLSEVNVQTLNLGLR.H R.LRPGQMIAVDLDEGKVEYDR.A R.IIVRPTVSSPLVQHSIVGNTVLYGATAGTLAAGQAGER.F R.SAEVLDTHAFVAVLVGGATTVHAYLAETIADR.H K.GQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.L K.DKIAGAADYAR.V R.VTTLADNLLVGSSEGMVLLPEASVR.K R.KAIDDELGLK.I K.WSAEILADWDR.W R.PTVSSPLVQHSIVGNTVLYGATAGTLAAGQAGER.F R.ASLPAWDRSELLR.R K.HEAADFGR.V R.GAVDADGHTGDGAGIHVDLPER.F R.VAIFHQYR.Y R.TRPEIEQIMIAGPLPEEQSIDFEK.Q R.TDLGAQEER.T R.REAEDAVR.A R.QVAAGLTMEDMELLAPMVEDAK.E R.MQLTYNVR.N R.MQLTYNVR.N R.LTHSLNEAEVVAEE R.LGPGQMIAVDLDEGK.V R.LAVGMIFLPR.T R.HATPGVTLISPPPHDIYSIEDLAQLYDLK.Q R.GLFGSELTLDCCR.Q R.GAVDADGHTGDGAGIHVDLPER.F R.FVTPGMSLGLSPEAHETLAJAMNR.I R.FANLANLDEKQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.L R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K R.CLAHNGEINTIR.G R.AYFGDAVADICTFFVGGDASTLR.D R.AMYAYLASVHEFWDPALAMTDGR.W R.ALVNDLFPMPAK.I R.AGRDAPTAK.L K.VTEFIAR.L K.VIAAQIADFYICLSAR.S K.MGIAVSSYR.G R.TDGLKTKGR.D R.SVASINVR.S R.SQGNFRNPVPDSDAQILNDAKPLFER.G R.QVPPDVSIVGDK.A R.QNFSQVTNPPIDSLRER.H R.NPVPDSDAQILNDAK.P R.LGPGQMIAVDLDEGKVEYDR.A R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K K.YAGTPWEMGLSEVNVQTLNLGLR.H K.GFLAELADFPDLANLKFESR.V K.EAVGSMGDDTPLAVISDKPR.H K.ALVEDHAK.A K.AIDDELKILAK.M R.DEFIDLNPAGR.T K.AANNHLDYIDYIDHR.T K.GVGYELVR.E R.GQVLDSMAIAEYFEETVEGK.A
YP_617182	Sala_2140	Glutamate synthase (ferredoxin)	65.89%	84	R.QRVELEAAYR.K R.KAEAAVEK.A K.TGVESDKIAALDDATK.G R.LAIAEQTTAALPTGSIEK.M R.VEELAAAYR.K R.QLADLSDGELAK.L K.EMDEVITLVEK.M K.GIADLFDPHRK.E K.EREDQTR.L K.MQKEMDEVITLVEK.M R.QNFSQVTNPPIDSLR.E R.GGYNFEAVLSR.A K.VAQGAKPGEQGQLPGFK.V R.GAEHLDDLDLNPILAK.V K.LVSSAGITVAAGVAK.A K.GFLAELADFPDLANL.L K.AHADVILVAGTGTGASQTSVK.Y R.YKPYANGDNANSNIK.Q R.FFDIAAASGHK.V R.SELFLSDQNIQEDR.V R.LASSHWEGVIAK.A R.FANLANLDEK.G K.AVSGEGGEASER.Y R.YSTNTFPQWVLAQPRR.C R.NPVPDSDAQILNDAKPLFER.G K.LLIVFEAWASDPDVEAHR.A K.GLADPHVQRL K.IAGAADYAR.V R.ALVNDLFPMPAK.I K.ISGEGYQSLFINATEKHEAAFDGR.V R.LAVGMIFLPR.T R.VTTLPIGGFYR.Q R.TRPEIEQIMIAGPLPEEQSIDFEK.Q R.VVEAAIEALR.A R.GVADLPPIYLR.D K.VINLMTFIAEEVR.E K.GQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.A R.ANGESIVWQR.L K.MGIAVSSYR.G R.ANGESIVWQR.L K.PGEGGQLPGFK.V K.ISGEGYQSLFINATEK.H R.RVVEAAIEALR.A R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K K.YAGTPWEMGLSEVNVQTLNLGLR.H R.LRPGQMIAVDLDEGKVEYDR.A R.IIVRPTVSSPLVQHSIVGNTVLYGATAGTLAAGQAGER.F R.SAEVLDTHAFVAVLVGGATTVHAYLAETIADR.H K.GQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.L K.DKIAGAADYAR.V R.VTTLADNLLVGSSEGMVLLPEASVR.K R.KAIDDELGLK.I K.WSAEILADWDR.W R.PTVSSPLVQHSIVGNTVLYGATAGTLAAGQAGER.F R.ASLPAWDRSELLR.R K.HEAADFGR.V R.GAVDADGHTGDGAGIHVDLPER.F R.VAIFHQYR.Y R.TRPEIEQIMIAGPLPEEQSIDFEK.Q R.TDLGAQEER.T R.REAEDAVR.A R.QVAAGLTMEDMELLAPMVEDAK.E R.MQLTYNVR.N R.MQLTYNVR.N R.LTHSLNEAEVVAEE R.LGPGQMIAVDLDEGK.V R.LAVGMIFLPR.T R.HATPGVTLISPPPHDIYSIEDLAQLYDLK.Q R.GLFGSELTLDCCR.Q R.GAVDADGHTGDGAGIHVDLPER.F R.FVTPGMSLGLSPEAHETLAJAMNR.I R.FANLANLDEKQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.L R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K R.CLAHNGEINTIR.G R.AYFGDAVADICTFFVGGDASTLR.D R.AMYAYLASVHEFWDPALAMTDGR.W R.ALVNDLFPMPAK.I R.AGRDAPTAK.L K.VTEFIAR.L K.VIAAQIADFYICLSAR.S K.MGIAVSSYR.G R.TDGLKTKGR.D R.SVASINVR.S R.SQGNFRNPVPDSDAQILNDAKPLFER.G R.QVPPDVSIVGDK.A R.QNFSQVTNPPIDSLRER.H R.NPVPDSDAQILNDAK.P R.LGPGQMIAVDLDEGKVEYDR.A R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K K.YAGTPWEMGLSEVNVQTLNLGLR.H K.GFLAELADFPDLANLKFESR.V K.EAVGSMGDDTPLAVISDKPR.H K.ALVEDHAK.A K.AIDDELKILAK.M R.DEFIDLNPAGR.T K.AANNHLDYIDYIDHR.T K.GVGYELVR.E R.GQVLDSMAIAEYFEETVEGK.A
YP_617184	Sala_2142	glutathione S-transferase-like protein	35.43%	6	R.QRVELEAAYR.K R.KAEAAVEK.A K.TGVESDKIAALDDATK.G R.LAIAEQTTAALPTGSIEK.M R.VEELAAAYR.K R.QLADLSDGELAK.L K.EMDEVITLVEK.M K.GIADLFDPHRK.E K.EREDQTR.L K.MQKEMDEVITLVEK.M R.QNFSQVTNPPIDSLR.E R.GGYNFEAVLSR.A K.VAQGAKPGEQGQLPGFK.V R.GAEHLDDLDLNPILAK.V K.LVSSAGITVAAGVAK.A K.GFLAELADFPDLANL.L K.AHADVILVAGTGTGASQTSVK.Y R.YKPYANGDNANSNIK.Q R.FFDIAAASGHK.V R.SELFLSDQNIQEDR.V R.LASSHWEGVIAK.A R.FANLANLDEK.G K.AVSGEGGEASER.Y R.YSTNTFPQWVLAQPRR.C R.NPVPDSDAQILNDAKPLFER.G K.LLIVFEAWASDPDVEAHR.A K.GLADPHVQRL K.IAGAADYAR.V R.ALVNDLFPMPAK.I K.ISGEGYQSLFINATEKHEAAFDGR.V R.LAVGMIFLPR.T R.VTTLPIGGFYR.Q R.TRPEIEQIMIAGPLPEEQSIDFEK.Q R.VVEAAIEALR.A R.GVADLPPIYLR.D K.VINLMTFIAEEVR.E K.GQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.A R.ANGESIVWQR.L K.MGIAVSSYR.G R.ANGESIVWQR.L K.PGEGGQLPGFK.V K.ISGEGYQSLFINATEK.H R.RVVEAAIEALR.A R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K K.YAGTPWEMGLSEVNVQTLNLGLR.H R.LRPGQMIAVDLDEGKVEYDR.A R.IIVRPTVSSPLVQHSIVGNTVLYGATAGTLAAGQAGER.F R.SAEVLDTHAFVAVLVGGATTVHAYLAETIADR.H K.GQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.L K.DKIAGAADYAR.V R.VTTLADNLLVGSSEGMVLLPEASVR.K R.KAIDDELGLK.I K.WSAEILADWDR.W R.PTVSSPLVQHSIVGNTVLYGATAGTLAAGQAGER.F R.ASLPAWDRSELLR.R K.HEAADFGR.V R.GAVDADGHTGDGAGIHVDLPER.F R.VAIFHQYR.Y R.TRPEIEQIMIAGPLPEEQSIDFEK.Q R.TDLGAQEER.T R.REAEDAVR.A R.QVAAGLTMEDMELLAPMVEDAK.E R.MQLTYNVR.N R.MQLTYNVR.N R.LTHSLNEAEVVAEE R.LGPGQMIAVDLDEGK.V R.LAVGMIFLPR.T R.HATPGVTLISPPPHDIYSIEDLAQLYDLK.Q R.GLFGSELTLDCCR.Q R.GAVDADGHTGDGAGIHVDLPER.F R.FVTPGMSLGLSPEAHETLAJAMNR.I R.FANLANLDEKQSDHVLVIDSPVLVGGDWDRLR.L R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K R.CLAHNGEINTIR.G R.AYFGDAVADICTFFVGGDASTLR.D R.AMYAYLASVHEFWDPALAMTDGR.W R.ALVNDLFPMPAK.I R.AGRDAPTAK.L K.VTEFIAR.L K.VIAAQIADFYICLSAR.S K.MGIAVSSYR.G R.TDGLKTKGR.D R.SVASINVR.S R.SQGNFRNPVPDSDAQILNDAKPLFER.G R.QVPPDVSIVGDK.A R.QNFSQVTNPPIDSLRER.H R.NPVPDSDAQILNDAK.P R.LGPGQMIAVDLDEGKVEYDR.A R.DLMFENYPAQGVPLDSVEATEIR.K K.YAGTPWEMGLSEVNVQTLNLGLR.H K.GFLAELADFPDLANLKFESR.V K.EAVGSMGDDTPLAVISDKPR.H K.ALVEDHAK.A K.AIDDELKILAK.M R.DEFIDLNPAGR.T K.AANNHLDYIDYIDHR.T K.GVGYELVR.E R.GQVLDSMAIAEYFEETVEGK.A



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617185	Sala_2143	ubiquinone biosynthesis O-methyltransferase	23.16%	5	R.TPVWVDQVR.G R.IVHRQPPDSGALR.E R.GVSTSLDINGEGK.G R.LAPGGLMLSTPNR.T K.ILEGAGLEVIDR.T K.VIGIDAAPENIAAAK.D K.LLLVEAER.I R.GGSDTSAVAVAAIK.A R.VQVLSFVEGDEAPK.K R.QLTGIAHDKNEAK.I R.KLDVYTYEEMLELASVGAK.V R.SWLGWQLPIR.T K.VSVLIDETEELAVR.V R.VPDRPGAVANIFGLAAAGINVDMIQNVGR.E R.GINIQAIISTEIK.V R.EKGETDVTFTVPGADLLR.S R.SIDLLESADK.I R.VLHTAYGLDAE R.IADIDTALGAAMAK.G R.EVADGNEVAVVSAMAGETDR.L K.FGGTSMAGTER.I R.YDPAEDYVVASGEQVTSGLLALTLQAMGVPAR.S K.GEVAIVPFGQHMDDGR.I R.VISDDKVAK.V K.SHAGVASTMFR.A K.GETDVTFTVPGADLLR.S K.KGTMIIVSDEEIEHQMER.Q R.SIDLLESADK.D K.LLDVYTYEEMLELASVGAK.V K.FGGTSMAGTER.I R.YLGPVEPDELDLWQDPIAGTKKPSDAEVQAVK.D R.FAPLDSWPDNGLDK.A R.DAGFNVAVFTGGR.G R.AVAEYVAENGHEEK.F K.AVEGSSNDQEVATDR.T R.LLFDYDVELV.S K.IAASGLTVSOLIK.T R.SGQLTNDFVLLDMTNVVK.A K.SLDYYALKDDLK.A R.VLGMHGER.G R.CSLSMADAVLGGVVGLEK.A R.GDATQEQDVESEFVMEPEADAFR.N R.VLDTLDGLR.G R.ADLIFGNSSEL.R.A K.VMNADRFDLA R.LAPQKDWVNEPAMLAR.V K.ASLGLSVPEMTVLIGGLR.V K.TAWASASTFR.K K.DKIAASGLTVSOLIK.T K.SPAGAWQWQPINQKEEDMAPAAWDGKIK.V K.SPAGAWQWQPINQK.E K.ALMTDSQPWWPADYGHYGFPR.M R.FRNDHEAFKDFAR.A R.FRNDHEAFK.D R.DIYWGSEDKVWVQGVQTR.I K.ALMTDSQPWWPADYGHYGFPR.M R.VLDTLDGLRGLSMDAVLGGVVGLEK.A R.VDVEPERDIYWGSEDKVWVQGVQTR.I R.TWQDWVFDHLATELTPNGSPNPMGEDFDYAK.A K.GMETEGPLAIAQMGGLYVNEPQGNPHDDEGMAR.D K.DWVEPAMLAR.V R.DAVASQIDPR.L R.GEAIAYLEMGASVQLGTR.F K.NAGTEAFTAK.Q K.LDKGVDMAAAQLEIEHYWAGALR.R K.HDVGRVFLAGGLPPK.G K.VICFAPTLALAK.K R.NFGVNLTMHPQLFELIDVCAK.H R.LDEPFTDFYEAAY.Y K.FVTANSQVGTGER.A R.GLEESTLVAAYNDIHK.H R.ANEIAQLVATPSAQLEQAPVHLGR.L R.GLEESTLVAAYNDIHK.H R.DRLSTQLFNFAQPPAQR.S R.LSTQLFNFAQPPAQR.S K.YQADVAADWAR.Y R.YAPRPATMTPAATAATPAGPETAATPIVPPSSGR. K.IGLVVAAGSR.G R.TDAAAADQSAQR.L R.EGDLDDASAGTVHVRTPAVQEAFFNAK.L R.DGALELYATR.G R.ITIEHTVADDVEAER.H R.TLNVMPFVSEFWEYEAAR.A R.MHLEDLSNR.L R.DGVPIELMINGLREDVAALDLTGAR.G R.NLGPALLEYDR.R R.LSITPAGVGPVK.A R.GQYEQWALAHQVDLGT. R.GLKQEAHVTR.L R.EDVAALDLTGAR.G R.YDWLSPTVMR.Y R.TEFQFLVSATLPAE.E R.RINEAIDSLTAAEAIER.V R.IVSGQMGTAAQMLGR.Q K.LVDGMGAGVAVFHQPR.I R.GTRPVFIDHLSIIPYEGSTAWAGQR.Q R.SGAPVLPWLIDATNPSAQGWAAAEK.K R.AIFPAGSAQFGAAK.D R.QFGMQLNPLYLWAK.K R.SVVGDFDFGALER.A R.HRPDIFPDYTEEAFLR.Q K.HQFVADAVGK.A R.YANNDTLAVQSLK.A R.GVTFEPVAMDIADFGGR.T K.TGAPLDPAAFFDR.I R.TDAVYMGASGR.I R.AALVASADGDGR.F R.QDAATGAAPLAER.L R.SLAEVVGQEHLTGDAIGR.M R.GSDPQAALYWLAR.M K.GLDVFADAVLTR.R R.ESGAYQWDAINQAVADTYLR.L K.HGQTYLVAPGSSISGFADHLER.Y R.SLGIADDTPIAFLGR.L R.VRQDIATFAPNIVHSSPDR.V R.LVGLYLAQGAAR.V R.VYSPTVAHPDFEPTGDLVSVSPMAIPGR.S R.IALFSGNYNMTTDGANK.A R.GVPHQVVVIGEGPAGDFEGR.L R.AELDDLGEAVDPR.L K.RPPRLDLR.Q R.IEVTDADERR.V R.GSNIVGDLSPIER.K R.NLHFGEQTVDDAVPR.G R.LHPPIDLPEAPSEQR.E R.LGVEVEDVTLGGLAALVAGHVPEVGEILVHPSGWR.I R.GEIIAIPETASFDLAIAPADAGHSR.L R.ESLDEVGMHVK.D R.LTDDAEVHTLNR.D K.ALASLGIANPYADQD. R.AQAAPGEFTLTDIVGR.V R.DLPALLEEQVNAAGHAFVR.S K.YDTSTATVER.I R.VGETIKYDSTATVER.I K.VGQHLGTSWVLDQEMINK.F K.LLELEEK.R K.FADATGDHQFHIDEKAK.Q
YP_617186	Sala_2144	aspartate kinase	73.98%	23	
YP_617188	Sala_2146	catalase/peroxidase HPI	59.64%	31	
YP_617189	Sala_2147	2-nitropropane dioxygenase, NPD	34.13%	7	
YP_617190	Sala_2148	hypothetical protein	58.70%	10	
YP_617191	Sala_2149	PTSINtr with GAF domain, PtsP	32.03%	17	
YP_617194	Sala_2152	NoeA host specific nodulation protein	26.03%	7	
YP_617197	Sala_2155	beta-lactamase	12.42%	4	
YP_617198	Sala_2156	AAA ATPase, central region	13.21%	4	
YP_617199	Sala_2157	glycosyl transferase, group 1	44.42%	9	
YP_617200	Sala_2158	CBS domain protein	49.36%	9	
YP_617201	Sala_2159	protein of unknown function UPF0054	16.07%	2	
YP_617202	Sala_2160	MscS Mechanosensitive ion channel	12.75%	4	
YP_617203	Sala_2161	MaoC-like dehydratase	30.26%	4	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617235	Sala_2193	Coenzyme A biosynthesis protein	20.83%	4	R.VIDGMAQTGDPTATGQGGSLPDLK.A R.VVSGMQYVDIAIQK.G K.EIAIFGGEIHK.F R.LVIGVTTNTRK.S K.SPIFFDDDER.I K.LVDRLVIGVTTNTRK.S R.ATQAEVAEGIDALFDQLLAVPADPR.G R.AAGDLFHVDR.A R.DQATLVEQIAHLGGFGDEAALLR.A R.ARDQATLVEQIAHLGGFGDEAALLR.A K.ALHKDEAAGK.A R.YAALAGGK.R R.DIGLAFQIADDIMDVEGDEALAGK.A K.ATFVTLMGLDR.A R.AAGPAGMAGGQMMDLAAETSDFDLPTVTR.L R.IFYSAASGVGNPVVGSK.T K.ATGGSSALPTPAIGVGVIEDLKG.A R.TGDIVLAVGER.M R.IVFELPDSHQVTLAELR.E R.PVANLNALR.F R.ALDYPIVSGNVSLYNESK.A R.WVIEQYDSQVGSADTVQGGDAALVR.I R.DVFTMGARVIAHLNLR.F R.ADVVPDLGR.T R.ETGMTAYEMMLESQER.M K.MESHNPSPYIEPYQGAATVGGGLR.D K.DVAADLK.A K.RPTVQVGDPTFEK.L R.RWISWQDSQVGSADTVQGGDAALVR.I R.EEGPPPVLDK.A R.ALAMSTDCPTR.Y K.QPELSDVPETKDVAAADLK.A K.LPTEAPWVICGPGENAGVIDIGEGPDGKK.L R.YCVDVPEGCK.Q R.MGHLQSIWLR.E K.RTGDIVLAVGER.M K.KLPTEAPWVICGPGENAGVIDIGEGPDGK.K K.GGVGHLR.M K.ALMTGPIADSR.R K.FLQGLTQLGDR.L R.HESFRDPAFIDLLR.A R.SREEVETGYDAAALDQWAK.R K.QFDRDDFAGFLDLLPDSQDGLPLR.H R.DWAAGDRDVFLLFIAGAK.V R.NPAAAQALIAI.R R.LGPHWQFMATK.Q K.VRNAAAQALIAI.R R.TAQIAHQDIGALLAEPLDAAR.Q R.LGIAEPTVYK.Q R.DTHDLLHILTYGR.D R.VVALRPLFEQTLAALER.E R.TLQGAFAVR.I R.ILGYFREDGK.S R.EADAALFLIDAR.A R.IVDTAGFEDQDAATLPR.M K.GVPLSISGATGK.G R.AGVTPLDEEIAI.W K.WVIAEDPSSLFTNGVR.A R.LALVDLQPVYTR.D R.AALDDGLSQVK.G K.LSVADALHAVFAEVVLLLDATK.G R.LASSPVVADNR.L R.LFVVDTEAVSFAAADTGAK.L R.VSLSNDNSIKVPATAIAIIVLPDPVNAWAQSGGNASK.S K.LWSAAGSSTGK.D R.WTGPILAGGR.L R.VSLSNDNSIK.V R.MASVELVTGQR.S R.TSMALSVTLTDVADPVIDR.G R.DSLFSGGASVDGNVWYATSGVGDVAALNAADGSLWK.V R.GEQAEELIAALDKLEANQR.A R.QTAFEYDYLPEAVIAR.M R.DPASSWFASAELSASAYR.L R.AAATMQLANVK.A K.VAADTQVDR.S K.GAAPAQKTEETK. R.AAESAAEQK.G R.AAATMQLANVK.A K.IAAGTPAYR.A K.VLAPTEIFLQGR.G R.GSYHAAIVDMPFGSYEGSQQAFDNaAR.L R.DMAGVVSQAVQDYADEVR.S R.GIPVMGHVGLTPQAVNLGGYVGR.G K.ETGAAAVKVEGK.V K.GGEPVIMLTAYTR.M R.YRDMAGVVSQAVQDYADEVR.S R.KGGEPIVIMLTAYTR.M R.GIPVMGHVGLTPQAVNLGGYVGR.G K.TLTDSTISR.A R.SFPTEDQYAG. R.GSYHAAIVDMPFGSYEGSQQAFDNaAR.L R.GASGERPEHTLESYALAEQADFIEDPLVLT.K R.AVTGWTFEDFTLAEIK.T K.GGVNPGHGDVGEIEAFLK.T R.HENEISETDVAADR.A K.TGIDGLFSQVNR.E R.RVPVGYPETK.H R.DAHAAGLK.V K.HPSYFASIGLPHAAPMLLELDL.F R.WIDALGWELK.L R.KDGLDPAALQR.W K.AYNSAATLNLLR.A R.ELANYPLVFAEAR.E R.LLDTLNPVHVR.M R.GDIINDIAFEAEGREPPAR.M R.QDSLTTGGWYDTSGHFLWVGDR.T R.DADALAAER.E K.GTSPYTSIEALLPYEQALTR.Q R.SADMEEDGVALPSYR.G K.KYQETAGR.I R.FEGSAHIEYR.G R.AFAGGGYANLHQVNAWTHDFMDR.S R.YGHDKIEAHLPR.L R.DADALAAERELANYPLVFAEAR.E R.LNAGQSLLEFLAEMLNQEMSER.A R.TRFEGSAHIEYR.G R.MAGQFAKPR.S R.LNAGQSLLEFLAEMLNQEMSER.A R.ISEALAFMEACGVTPETVPQIK.G R.ELTNELAR.V K.NWQPHSWR.T K.CGSPLEPDVLLR.L R.SADMEEDGVALPSYR.G R.MAGQFAKPR.S R.AFLQGGDCAESFAEHPNINR.D K.AGAPVSGFSGNAADALFK.A K.AGLEAVPSSATPWLPVPIETQALGGTATFNWGR.N R.NFLDDSDIVLGR.D R.TLDEDEGEADAFIQR.Q K.ILAGDAFEGR.A K.AAGQDGAALR.E R.AFASHNIAK.L R.AADNFSKIFLGGAAEDADLHVALGR.A R.GKPAYDALVR.E R.DIYFLATAEEK.G K.LAIMLFDNAPFGDR.L
YP_617236	Sala_2194	Polyprenyl synthetase	47.06%	9	
YP_617239	Sala_2197	phosphoribosylformylglycinamide synthase II	41.63%	25	
YP_617240	Sala_2198	protein of unknown function DUF72	45.16%	8	
YP_617241	Sala_2199	Uncharacterized protein involved in ubiquinone biosynthesis-like protein	16.91%	3	
YP_617244	Sala_2202	hypothetical protein	27.61%	3	
YP_617245	Sala_2203	Small GTP-binding protein domain	25.66%	8	
YP_617246	Sala_2204	Pyrrolo-quinoline quinone	36.49%	9	
YP_617247	Sala_2205	hypothetical protein	43.48%	9	
YP_617248	Sala_2206	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase	46.69%	12	
YP_617251	Sala_2209	glycerophosphoryl diester phosphodiesterase	38.31%	8	
YP_617252	Sala_2210	hypothetical protein	17.24%	2	
YP_617254	Sala_2212	phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase	63.46%	24	
YP_617255	Sala_2213	peptidase M28	54.74%	18	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.AAMFADKDDGEVDFWATAESLAFGLTLLSEGYQVR.L K.YIPLTIVPHGR.F R.WSGLYAPDTPENARR.N R.SSPYPSDVAK.G R.QQFKR.D R.NNGAWFFVGELEEALAEAGK.K R.LNMLANMAKPYQVIFHEFAGGSANPDDIGGSDVK.Y R.GYNTGGCIHFVNNQIGFTTSPQFAR.S R.GKQALSK.V R.FLQLGAGDNIVQCNISTPSNYFVHLR.R R.FGHNEGDEPSTFQRLMYER.I R.EFDGISVHMSLVPNPSHLEAVDPVVLGK.V R.ASAASPATGLMSR.H K.VGYDLMEAR.D K.GVQAPILHWNGDDPEAVTFACK.L K.VSASPSELGTTLAELK.E K.SIIMIIGEIGDAEEQAAQFLIDEAKR.G R.MGHAGAIVSGKGDAESK.I K.VITQMTGATGTFHTEQALAYGTK.M K.GGTHIIGLPMFNTVEEAK.H K.SIIMIIGEIGDAEEQAAQFLIDEAK.R K.IAAMEAAGIK.V K.IGIMPENIFK.K R.MGHAGAIVSGGK.G K.VSASPSELGTTLAELKER.V K.KPMAGFIAGR.T K.MVGGVTPGK.G K.KGSGVVSRS.S R.MGHAGAIVSGKGDAESK.I R.MGHAGAIVSGGK.G R.LIGPNCVGLTPEECK.I K.VITQMTGATGTFHTEQALAYGTK.M K.SIIMIIGEIGDAEEQAAQFLIDEAK.R K.IAAMEAAGIK.V K.GGTHIIGLPMFNTVEEAK.H K.MVGGVTPGKGTHIIGLPMFNTVEEAK.H K.IGIMPENIFK.K K.IGIMPENIFK.K R.YSTVNGIPVPLVK.M K.ELGDVLFVVEGVPQK.A K.ALDLSQVPIAGFDKAI K.IKSGNDYADJAGADVIVTAGVAR.K R.DDILLINK.V K.IALIGAGNIGGTLALLAAQK.E K.VVGMAGVLSAR.F R.FSHFADEDFVSVK.D K.MGLSSQDKIDAVK.R K.DVNTFVGGHDTMVPVYR.Y R.GGGGEIVALLGTGSAFYAPAASGIAMAEAYLGDQK.R K.IVEIIDDADKAGLQVSDAVK.E R.EFSLPHSK.V K.IVEIIDDADK.A R.FSHFADEDFVSVKDVNTFVGGHDTMVPVYR.Y K.KIALIGAGNIGGTLALLAAQK.E K.AGLQVSDAVK.E R.GGGGEIVALLGTGSAFYAPAASGIAMAEAYLGDQK.R R.TRGGGEIVALLGTGSAFYAPAASGIAMAEAYLGDQK.R R.KPGMSRDLINLK.V R.IILPCAYVDGQVGVGLYVGPVMIAGAGVEK.I R.GGGGEIVALLGTGSAFYAPAASGIAMAEAYLGDQK.R K.VVGMAGVLSAR.F K.MGLSSQDKIDAVK.R K.MGLSSQDKIDAVKR.T K.MGLSSQDKIDAVKR.T K.IALIGAGNIGGTLALLAAQKELGDVLFVVEGVPQK.A K.DVNTFVGGHDTMVPVYR.Y K.ANAPDAFVICTITNPLDAMVWALR.E K.ANAPDAFVICTITNPLDAMVWALR.E R.IILPCAYVDGQVGVGLYVGPVMIAGAGVEK.I R.GGGGEIVALLGTGSAFYAPAASGIAMAEAYLGDQK.R K.MGLSSQDKIDAVK.R R.LNQLQEEIQAVPK.R R.GASDYLAVAR.H R.EHFLPFIALVEER.L R.FVTLIDALYEVK.V R.WFVPADEEASAASAFFR.L R.GVTMVAATSNRPPK.D K.FLGPALLQAVR.W K.AEGATHVRR.F R.YDPKQGNPHFDTFEIDTEK.C R.LDELEDFFR.L K.SEQDSTLTFR.R K.DLVPDFTHFYAQYASIEPWK.T K.MKSEQDSTLTFR.R K.VHKABGATHVK.R R.AYSDHVSADPTALAR.E R.VAEVLAANGAGNAHIR.A R.LAAQHWQVADFEDAAGASTEVR. R.RVAEVLAAANGAGNAHIR.A R.LPILLDALPFR.R R.LAESIGDPPAGAAAR.G R.GAEALLHFLAK.D R.APIFDNDRPTLYAPHFR.R R.AEGLPDTPGASGAR.L R.STLSIIDYQGNPQVYR.Q R.SGAGITVADAGVPGQDILGQAVK.L K.TVFAIEAALQ.Q K.SDATAFGDLPAAHAELK.T K.LDESQJAAITGWLPYFA. R.VGTVSIEGLEWQVDFPQDVEAAEALTK.W R.LLPPDTNAESIGMLAFTGDGSPSIFR.N R.VEDHALQLYR.D R.LIDGVKEPTIVYDVK.A K.AILLSAQGSR.L R.EEMDRDFIILNGDTIVSDEIVAR.L K.ADYDDDDMKVNR.D R.SLSWQVAALVANGIR.D R.TLNFNPFQVADNLGTCWIAR.E R.LLPPDTNAESIGMLAFTGDGSPSIFR.N R.TERVEDHALQLYR.D R.EEMDRDFIILNGDTIVSDEIVAR.L R.DIVVVTGFR.T R.EQGAPLAATFALPDDAIPDAELAR.Q R.ADGVAEGSADVLR.H R.HGLAWLGGDFR.D K.ALHNSDRDAPDILADVLR.G R.VAGQQRDWPAILITPTPHGIR.A R.GLYGIGVPTVEDIAAALGLPK.D R.YIQDTAINR.G R.VGDWVAIGNPLGLGSTVTAGIISAVQR.N K.IDATGLPFVK.F R.AGAPDSFADLVEQLQPAVVNISTK.Q R.GEAVNEVTVLTNQR.E R.RGDAILSANR.T R.DAVILLELR.R K.GLVIAAVAGSSDAGR.K R.DVASDLALK.I R.TPVTSAEALAK.V R.GGSAFAIR.L R.DVTPQQLSYIVANTKPTR.I R.EPITQEQGGSGFLISSDGYIVTNHVISGGPR.G R.NIGQGGAYDR.Y K.GLVIAAVAGSSDAGR.K R.AVGIDPDSKGLVIAAVAGSSDAGR.K R.RGGSAFAIR.L R.LNPFAGTREPITQEQGGSGFLISSDGYIVTNHVISGGPR.G R.DVASDLALKIDATGLPFVK.F R.AGAPDSFADLVEQLQPAVVNISTKQEVTLGVR.L
YP_617271	Sala_2229	succinyl-CoA synthetase, alpha subunit	57.43%	23	
YP_617272	Sala_2230	malate dehydrogenase, NAD-dependent	100.00%	32	
YP_617274	Sala_2232	AFG1-like ATPase	21.11%	6	
YP_617276	Sala_2234	succinate dehydrogenase and fumarate reductase iron-sulfur protein	36.15%	8	
YP_617278	Sala_2236	HAD-superfamily hydrolase subfamily 1B, PSase-like protein	24.15%	4	
YP_617279	Sala_2237	hypothetical protein	14.78%	4	
YP_617280	Sala_2238	hypothetical protein	8.45%	2	
YP_617281	Sala_2239	histidine triad (HIT) protein	49.30%	4	
YP_617282	Sala_2240	Nucleotidyl transferase	68.50%	13	
YP_617285	Sala_2243	sphingosine kinase	31.88%	5	
YP_617289	Sala_2247	Peptidase S1C, Do	66.80%	30	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617290	Sala_2248	band 7 protein	66.78%	20	R.NIGQGGAYDRYIQTDAINR.G R.GYLGIGIVPTEDIAAALGLPKDR.G R.DAVLLEILRR.G K.IVGRDVASDLALLK.I K.DRGEFVQR.V R.AVGIDPDSK.G K.RGDVVLK.V K.FAQGSPAR.V K.AGRDAVLEILR.R R.LQQQLATILGSSLR.N R.ADLPEGATLEAAYNR.M R.IYAASFGKPEFYDFYR.A R.TFATLLSAER.G R.SGAGLLTFMPFADSVQLDKR.I K.RADLPEGATLEAAYNR.M R.QTFLGENNEGTSIILSPDNEYLKR.F K.YGAAIIDVR.I R.QTFLGENNEGTSIILSPDNEYLKR.R R.VGEVYGT.N R.GAVMDNIQVALNR.E R.GAVMDNIQVALNR.E R.IJGINMER.Q R.GSADGEAAR.I R.TEERLQQQLATILGSSLR.N R.QQVLTSDQQR.L R.LQVDAFAR.F R.QQEASISRAEGQK.E R.GAVMDNIQVALNR.E R.EAQKYGAAIIDVR.I K.DPEFYDFYR.A R.APELFFFQIANPEDITR.E R.DQSIVDLAYER.W R.AYQQQLER.A R.ARGDTSAFDQIYEYR.L K.AIDENFVLR.D R.GGTGGGSGGGGDFADSGR.I R.ATVANFDLVQAIQPGR.V R.AGVTIQIAIR.Q R.GDTSAFDQIYEYR.L R.NPWVTPDPADQR.R R.LYETHEAVLSNVDK.T R.GPSALDELR.K R.NPWVTPDPADQRR.G R.MQALLDEYR.A R.GVTPYLPNEVQR.R R.VEIEAQVSR.M R.LYETHEAVLSNVDKTIVEAR.G R.QADPPSQVDEAFK.E R.QADPPSQVDEAFKVTAR.Q R.GPSALDELR.K R.APELFFFQIANPEDITREVAESAMR.A K.GEDDDGKGGDGK.R R.QEREAANLAR.A R.MQALLDEYR.A K.VGLVDADIVGPSQPR.L R.LMASEDKPEAR.G R.AGLLEQGV.R.E K.HKPGAVIVSTPQDLALMDATR.A R.LASDGGVPPAAGTDPAGEPHAIAAK.V K.VMCLDFLGR.V K.TMTIIAVGSGKGVGK.S K.TMTIIAVGSGK.G K.TIHGAPVATLADVEPPAEIVDIR.N R.NSDAAGAADDVAIHGAK.A R.VAAEVGPIDIVVNNAGITR.D K.LQEQQGATVANYAGNDEK.A R.IVWINGSINGAQGVQVNYAAK.S R.LGQHEIAR.G K.LQEQQGATVANYAGNDEKAR.A R.GIGEASLKL.L R.MSYEDWDDVMR.V K.GVTVNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.KGYVTNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.SGHGFTK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. K.WDVGDHQAQLDGCAR.V K.TYKWDVGDHQAQLDGCAR.V K.ALAQEGAK.K R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.IAPGAIPADALCQR.R R.LGDEGLPVVNPVPLR.W R.LGTEEVVIPAISGGDGTHR.I R.VWTDPGDLAGHDVLP.LFAWGYQR.N R.NVAAYWGLLDR.L R.KAALTAAGLIVEQR.V K.LALQDAIEASLDPPDPALAR.D R.TNAFAPAAEALAK.I R.LLDAIEAALR.D R.AENDANQLVLTNQTDPGAIWLR.A K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F K.AVGEGANLGVTAAR.I R.SLSITDNLVGGK.V R.DAEGHLQEAQTDI.R.E R.AEALDAEIQAGFAGIK.S R.GFWLGDFAFASGSK.G K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F R.SPGGEGDDRRPIVHDFTLR.L R.LEGEGAEILR.W R.GLTRPELAVLSTAK.L K.AASQNAEVDGPANDVLR.V R.LNASVDGLLSPVLR.R R.KVEGLAANDELLR.C K.TLSDTPETDTPPTPVK.I R.LAFGLGPK.G K.AASQNAEVDGPANDVLRVDAEDLR.V R.LSQDDRDRALLR.M R.LRDLDAANPR.S R.LPVNDEMALTPTTATIEK.A R.HIFLDPDPDAK.S K.TDGAIGVDLAER.R R.LFHAVIGATLR.T R.HAPTTAALIER.F R.LLGMPIWSELDAK.I R.GWQPEVEAALAR.R K.FGFPAGHAGK.A K.AIAAVLDGR.A K.AGVIGWTHMLEDGGALLR.Y R.VLLDLIVPEIK.G R.SSWDDYDKK.L R.SGGVVDTPGALNAQLEQMVR.G R.LSLFSQAAAAAMASQADLLR.V R.DFAGAIADHQLR.R K.VVHPAEVLR.D K.IDSAQIPGLPKPLWR.E R.VTQSLSRPGPVAR.L R.QGGSAYGMDTVSALR.H R.DGADPYFVVAADK.G R.AAGRPSLLEPIAAEGPDR.R K.GGSAAPVSLVR.I R.RLLDAIEAALR.D R.QWEMLTQQLDAGAPEALTAAVVR.L R.NLYNPEEAAR.D R.LQALALSIAEK.G
YP_617291	Sala_2249	HflK protein	61.66%	24	R.APELFFFQIANPEDITR.E R.DQSIVDLAYER.W R.AYQQQLER.A R.ARGDTSAFDQIYEYR.L K.AIDENFVLR.D R.GGTGGGSGGGGDFADSGR.I R.ATVANFDLVQAIQPGR.V R.AGVTIQIAIR.Q R.GDTSAFDQIYEYR.L R.NPWVTPDPADQR.R R.LYETHEAVLSNVDK.T R.GPSALDELR.K R.NPWVTPDPADQRR.G R.MQALLDEYR.A R.GVTPYLPNEVQR.R R.VEIEAQVSR.M R.LYETHEAVLSNVDKTIVEAR.G R.QADPPSQVDEAFK.E R.QADPPSQVDEAFKVTAR.Q R.GPSALDELR.K R.APELFFFQIANPEDITREVAESAMR.A K.GEDDDGKGGDGK.R R.QEREAANLAR.A R.MQALLDEYR.A K.VGLVDADIVGPSQPR.L R.LMASEDKPEAR.G R.AGLLEQGV.R.E K.HKPGAVIVSTPQDLALMDATR.A R.LASDGGVPPAAGTDPAGEPHAIAAK.V K.VMCLDFLGR.V K.TMTIIAVGSGKGVGK.S K.TMTIIAVGSGK.G K.TIHGAPVATLADVEPPAEIVDIR.N R.NSDAAGAADDVAIHGAK.A R.VAAEVGPIDIVVNNAGITR.D K.LQEQQGATVANYAGNDEK.A R.IVWINGSINGAQGVQVNYAAK.S R.LGQHEIAR.G K.LQEQQGATVANYAGNDEKAR.A R.GIGEASLKL.L R.MSYEDWDDVMR.V K.GVTVNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.KGYVTNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.SGHGFTK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. K.WDVGDHQAQLDGCAR.V K.TYKWDVGDHQAQLDGCAR.V K.ALAQEGAK.K R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.IAPGAIPADALCQR.R R.LGDEGLPVVNPVPLR.W R.LGTEEVVIPAISGGDGTHR.I R.VWTDPGDLAGHDVLP.LFAWGYQR.N R.NVAAYWGLLDR.L R.KAALTAAGLIVEQR.V K.LALQDAIEASLDPPDPALAR.D R.TNAFAPAAEALAK.I R.LLDAIEAALR.D R.AENDANQLVLTNQTDPGAIWLR.A K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F K.AVGEGANLGVTAAR.I R.SLSITDNLVGGK.V R.DAEGHLQEAQTDI.R.E R.AEALDAEIQAGFAGIK.S R.GFWLGDFAFASGSK.G K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F R.SPGGEGDDRRPIVHDFTLR.L R.LEGEGAEILR.W R.GLTRPELAVLSTAK.L K.AASQNAEVDGPANDVLR.V R.LNASVDGLLSPVLR.R R.KVEGLAANDELLR.C K.TLSDTPETDTPPTPVK.I R.LAFGLGPK.G K.AASQNAEVDGPANDVLRVDAEDLR.V R.LSQDDRDRALLR.M R.LRDLDAANPR.S R.LPVNDEMALTPTTATIEK.A R.HIFLDPDPDAK.S K.TDGAIGVDLAER.R R.LFHAVIGATLR.T R.HAPTTAALIER.F R.LLGMPIWSELDAK.I R.GWQPEVEAALAR.R K.FGFPAGHAGK.A K.AIAAVLDGR.A K.AGVIGWTHMLEDGGALLR.Y R.VLLDLIVPEIK.G R.SSWDDYDKK.L R.SGGVVDTPGALNAQLEQMVR.G R.LSLFSQAAAAAMASQADLLR.V R.DFAGAIADHQLR.R K.VVHPAEVLR.D K.IDSAQIPGLPKPLWR.E R.VTQSLSRPGPVAR.L R.QGGSAYGMDTVSALR.H R.DGADPYFVVAADK.G R.AAGRPSLLEPIAAEGPDR.R K.GGSAAPVSLVR.I R.RLLDAIEAALR.D R.QWEMLTQQLDAGAPEALTAAVVR.L R.NLYNPEEAAR.D R.LQALALSIAEK.G
YP_617292	Sala_2250	ATPase involved in chromosome partitioning	32.45%	8	K.VGLVDADIVGPSQPR.L R.LMASEDKPEAR.G R.AGLLEQGV.R.E K.HKPGAVIVSTPQDLALMDATR.A R.LASDGGVPPAAGTDPAGEPHAIAAK.V K.VMCLDFLGR.V K.TMTIIAVGSGKGVGK.S K.TMTIIAVGSGK.G K.TIHGAPVATLADVEPPAEIVDIR.N R.NSDAAGAADDVAIHGAK.A R.VAAEVGPIDIVVNNAGITR.D K.LQEQQGATVANYAGNDEK.A R.IVWINGSINGAQGVQVNYAAK.S R.LGQHEIAR.G K.LQEQQGATVANYAGNDEKAR.A R.GIGEASLKL.L R.MSYEDWDDVMR.V K.GVTVNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.KGYVTNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.SGHGFTK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. K.WDVGDHQAQLDGCAR.V K.TYKWDVGDHQAQLDGCAR.V K.ALAQEGAK.K R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.IAPGAIPADALCQR.R R.LGDEGLPVVNPVPLR.W R.LGTEEVVIPAISGGDGTHR.I R.VWTDPGDLAGHDVLP.LFAWGYQR.N R.NVAAYWGLLDR.L R.KAALTAAGLIVEQR.V K.LALQDAIEASLDPPDPALAR.D R.TNAFAPAAEALAK.I R.LLDAIEAALR.D R.AENDANQLVLTNQTDPGAIWLR.A K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F K.AVGEGANLGVTAAR.I R.SLSITDNLVGGK.V R.DAEGHLQEAQTDI.R.E R.AEALDAEIQAGFAGIK.S R.GFWLGDFAFASGSK.G K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F R.SPGGEGDDRRPIVHDFTLR.L R.LEGEGAEILR.W R.GLTRPELAVLSTAK.L K.AASQNAEVDGPANDVLR.V R.LNASVDGLLSPVLR.R R.KVEGLAANDELLR.C K.TLSDTPETDTPPTPVK.I R.LAFGLGPK.G K.AASQNAEVDGPANDVLRVDAEDLR.V R.LSQDDRDRALLR.M R.LRDLDAANPR.S R.LPVNDEMALTPTTATIEK.A R.HIFLDPDPDAK.S K.TDGAIGVDLAER.R R.LFHAVIGATLR.T R.HAPTTAALIER.F R.LLGMPIWSELDAK.I R.GWQPEVEAALAR.R K.FGFPAGHAGK.A K.AIAAVLDGR.A K.AGVIGWTHMLEDGGALLR.Y R.VLLDLIVPEIK.G R.SSWDDYDKK.L R.SGGVVDTPGALNAQLEQMVR.G R.LSLFSQAAAAAMASQADLLR.V R.DFAGAIADHQLR.R K.VVHPAEVLR.D K.IDSAQIPGLPKPLWR.E R.VTQSLSRPGPVAR.L R.QGGSAYGMDTVSALR.H R.DGADPYFVVAADK.G R.AAGRPSLLEPIAAEGPDR.R K.GGSAAPVSLVR.I R.RLLDAIEAALR.D R.QWEMLTQQLDAGAPEALTAAVVR.L R.NLYNPEEAAR.D R.LQALALSIAEK.G
YP_617293	Sala_2251	CoA-binding	30.71%	2	K.TIHGAPVATLADVEPPAEIVDIR.N R.NSDAAGAADDVAIHGAK.A R.VAAEVGPIDIVVNNAGITR.D K.LQEQQGATVANYAGNDEK.A R.IVWINGSINGAQGVQVNYAAK.S R.LGQHEIAR.G K.LQEQQGATVANYAGNDEKAR.A R.GIGEASLKL.L R.MSYEDWDDVMR.V K.GVTVNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.KGYVTNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.SGHGFTK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. K.WDVGDHQAQLDGCAR.V K.TYKWDVGDHQAQLDGCAR.V K.ALAQEGAK.K R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.IAPGAIPADALCQR.R R.LGDEGLPVVNPVPLR.W R.LGTEEVVIPAISGGDGTHR.I R.VWTDPGDLAGHDVLP.LFAWGYQR.N R.NVAAYWGLLDR.L R.KAALTAAGLIVEQR.V K.LALQDAIEASLDPPDPALAR.D R.TNAFAPAAEALAK.I R.LLDAIEAALR.D R.AENDANQLVLTNQTDPGAIWLR.A K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F K.AVGEGANLGVTAAR.I R.SLSITDNLVGGK.V R.DAEGHLQEAQTDI.R.E R.AEALDAEIQAGFAGIK.S R.GFWLGDFAFASGSK.G K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F R.SPGGEGDDRRPIVHDFTLR.L R.LEGEGAEILR.W R.GLTRPELAVLSTAK.L K.AASQNAEVDGPANDVLR.V R.LNASVDGLLSPVLR.R R.KVEGLAANDELLR.C K.TLSDTPETDTPPTPVK.I R.LAFGLGPK.G K.AASQNAEVDGPANDVLRVDAEDLR.V R.LSQDDRDRALLR.M R.LRDLDAANPR.S R.LPVNDEMALTPTTATIEK.A R.HIFLDPDPDAK.S K.TDGAIGVDLAER.R R.LFHAVIGATLR.T R.HAPTTAALIER.F R.LLGMPIWSELDAK.I R.GWQPEVEAALAR.R K.FGFPAGHAGK.A K.AIAAVLDGR.A K.AGVIGWTHMLEDGGALLR.Y R.VLLDLIVPEIK.G R.SSWDDYDKK.L R.SGGVVDTPGALNAQLEQMVR.G R.LSLFSQAAAAAMASQADLLR.V R.DFAGAIADHQLR.R K.VVHPAEVLR.D K.IDSAQIPGLPKPLWR.E R.VTQSLSRPGPVAR.L R.QGGSAYGMDTVSALR.H R.DGADPYFVVAADK.G R.AAGRPSLLEPIAAEGPDR.R K.GGSAAPVSLVR.I R.RLLDAIEAALR.D R.QWEMLTQQLDAGAPEALTAAVVR.L R.NLYNPEEAAR.D R.LQALALSIAEK.G
YP_617297	Sala_2255	Acetoacetyl-CoA reductase	79.58%	20	K.LQEQQGATVANYAGNDEKAR.A R.GIGEASLKL.L R.MSYEDWDDVMR.V K.GVTVNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.KGYVTNIAIAPGYIDTDMVAAPPQVLEK.I K.SGHGFTK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.VNLGGCFNMAK.A R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. K.WDVGDHQAQLDGCAR.V K.TYKWDVGDHQAQLDGCAR.V K.ALAQEGAK.K R.MSYEDWDDVMR.V R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.GVAFLCSEDAAGITGSTMINGGQHMY. R.IAPGAIPADALCQR.R R.LGDEGLPVVNPVPLR.W R.LGTEEVVIPAISGGDGTHR.I R.VWTDPGDLAGHDVLP.LFAWGYQR.N R.NVAAYWGLLDR.L R.KAALTAAGLIVEQR.V K.LALQDAIEASLDPPDPALAR.D R.TNAFAPAAEALAK.I R.LLDAIEAALR.D R.AENDANQLVLTNQTDPGAIWLR.A K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F K.AVGEGANLGVTAAR.I R.SLSITDNLVGGK.V R.DAEGHLQEAQTDI.R.E R.AEALDAEIQAGFAGIK.S R.GFWLGDFAFASGSK.G K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F R.SPGGEGDDRRPIVHDFTLR.L R.LEGEGAEILR.W R.GLTRPELAVLSTAK.L K.AASQNAEVDGPANDVLR.V R.LNASVDGLLSPVLR.R R.KVEGLAANDELLR.C K.TLSDTPETDTPPTPVK.I R.LAFGLGPK.G K.AASQNAEVDGPANDVLRVDAEDLR.V R.LSQDDRDRALLR.M R.LRDLDAANPR.S R.LPVNDEMALTPTTATIEK.A R.HIFLDPDPDAK.S K.TDGAIGVDLAER.R R.LFHAVIGATLR.T R.HAPTTAALIER.F R.LLGMPIWSELDAK.I R.GWQPEVEAALAR.R K.FGFPAGHAGK.A K.AIAAVLDGR.A K.AGVIGWTHMLEDGGALLR.Y R.VLLDLIVPEIK.G R.SSWDDYDKK.L R.SGGVVDTPGALNAQLEQMVR.G R.LSLFSQAAAAAMASQADLLR.V R.DFAGAIADHQLR.R K.VVHPAEVLR.D K.IDSAQIPGLPKPLWR.E R.VTQSLSRPGPVAR.L R.QGGSAYGMDTVSALR.H R.DGADPYFVVAADK.G R.AAGRPSLLEPIAAEGPDR.R K.GGSAAPVSLVR.I R.RLLDAIEAALR.D R.QWEMLTQQLDAGAPEALTAAVVR.L R.NLYNPEEAAR.D R.LQALALSIAEK.G
YP_617299	Sala_2257	hypothetical protein	35.79%	6	R.LGTEEVVIPAISGGDGTHR.I R.VWTDPGDLAGHDVLP.LFAWGYQR.N R.NVAAYWGLLDR.L R.KAALTAAGLIVEQR.V K.LALQDAIEASLDPPDPALAR.D R.TNAFAPAAEALAK.I R.LLDAIEAALR.D R.AENDANQLVLTNQTDPGAIWLR.A K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F K.AVGEGANLGVTAAR.I R.SLSITDNLVGGK.V R.DAEGHLQEAQTDI.R.E R.AEALDAEIQAGFAGIK.S R.GFWLGDFAFASGSK.G K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F R.SPGGEGDDRRPIVHDFTLR.L R.LEGEGAEILR.W R.GLTRPELAVLSTAK.L K.AASQNAEVDGPANDVLR.V R.LNASVDGLLSPVLR.R R.KVEGLAANDELLR.C K.TLSDTPETDTPPTPVK.I R.LAFGLGPK.G K.AASQNAEVDGPANDVLRVDAEDLR.V R.LSQDDRDRALLR.M R.LRDLDAANPR.S R.LPVNDEMALTPTTATIEK.A R.HIFLDPDPDAK.S K.TDGAIGVDLAER.R R.LFHAVIGATLR.T R.HAPTTAALIER.F R.LLGMPIWSELDAK.I R.GWQPEVEAALAR.R K.FGFPAGHAGK.A K.AIAAVLDGR.A K.AGVIGWTHMLEDGGALLR.Y R.VLLDLIVPEIK.G R.SSWDDYDKK.L R.SGGVVDTPGALNAQLEQMVR.G R.LSLFSQAAAAAMASQADLLR.V R.DFAGAIADHQLR.R K.VVHPAEVLR.D K.IDSAQIPGLPKPLWR.E R.VTQSLSRPGPVAR.L R.QGGSAYGMDTVSALR.H R.DGADPYFVVAADK.G R.AAGRPSLLEPIAAEGPDR.R K.GGSAAPVSLVR.I R.RLLDAIEAALR.D R.QWEMLTQQLDAGAPEALTAAVVR.L R.NLYNPEEAAR.D R.LQALALSIAEK.G
YP_617300	Sala_2258	NAD-glutamate dehydrogenase	50.45%	62	R.LGTEEVVIPAISGGDGTHR.I R.VWTDPGDLAGHDVLP.LFAWGYQR.N R.NVAAYWGLLDR.L R.KAALTAAGLIVEQR.V K.LALQDAIEASLDPPDPALAR.D R.TNAFAPAAEALAK.I R.LLDAIEAALR.D R.AENDANQLVLTNQTDPGAIWLR.A K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F K.AVGEGANLGVTAAR.I R.SLSITDNLVGGK.V R.DAEGHLQEAQTDI.R.E R.AEALDAEIQAGFAGIK.S R.GFWLGDFAFASGSK.G K.IAAAYLSALEGSALPGEGLDRAALAEASR.F R.SPGGEGDDRRPIVHDFTLR.L R.LEGEGAEILR.W R.GLTRPELAVLSTAK.L K.AASQNAEVDGPANDVLR.V R.LNASVDGLLSPVLR.R R.KVEGLAANDELLR.C K.TLSDTPETDTPPTPVK.I R.LAFGLGPK.G K.AASQNAEVDGPANDVLRVDAEDLR.V R.LSQDDRDRALLR.M R.LRDLDAANPR.S R.LPVNDEMALTPTTATIEK.A R.HIFLDPDPDAK.S K.TDGAIGVDLAER.R R.LFHAVIGATLR.T R.HAPTTAALIER.F R.LLGMPIWSELDAK.I R.GWQPEVEAALAR.R K.FGFPAGHAGK.A K.AIAAVLDGR.A K.AGVIGWTHMLEDGGALLR.Y R.VLLDLIVPEIK.G R.SSWDDYDKK.L R.SGGVVDTPGALNAQLEQMVR.G R.LSLFSQAAAAAMASQADLLR.V R.DFAGAIADHQLR.R K.VVHPAEVLR.D K.IDSAQIPGLPKPLWR.E R.VTQSLSRPGPVAR.L R.QGGSAYGMDTVSALR.H R.DGADPYFVVAADK.G R.AAGRPSLLEPIAAEGPDR.R K.GGSAAPVSLVR.I R.RLLDAIEAALR.D R.QWEMLTQQLDAGAPEALTAAVVR.L R.NLYNPEEAAR.D R.LQALALSIAEK.G

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.DGADPYFVVAADKGTATFSDVANGLAMER.G R.DGADPYFVVAADKGTATFSDVANGLAMER.G R.AAGRPSLLEPAEAGPDRR.M K.AALDVSLEDDAWFAEETCYR.I R.RQWEMLTQQLLDAGAPEALTAAVR.L R.RQWEMLTQQLLDAGAPEALTAAVR.L R.QWEMLTQQLLDAGAPEALTAAVR.L R.MTDDVSALVEDNRLQALALSIAEK.G R.LVINDDMPFLVDSTSQVVAAGLVVHR.I R.LIMTFEGSGR.L R.IAIEAMLVR.E R.HFAEMGIDVQSDTR.V R.AAMLADAAMR.L R.AALAEASR.F
YP_617302	Sala_2260	transcriptional regulator, TetR family	20.56%	2	R.EKLDYIQAALLAAPTAR.G K.GYEGSMADLTFEANGITKPSLYAAGFNK.E R.WIEGPLAAGAPDAAPYDR.I R.IIIDGAEIVLPAALAAQLAEGGR.I R.SFADMDVAPLPGFAAPTGRF.F R.TNDVTPAVVAAMGAVPR.E R.EAHVPAALAGVAYMDR.A R.VLLVGATGYTAAALAAQGVHAAVEEPALLAAR.S R.FSEYTAEMR.A R.SFADMDVAPLPGFAAPTGRF.F R.SFADMDVAPLPGFAAPTGRF.F R.EAHVPAALAGVAYMDR.A R.AAMIDSQLR.T R.QAVGANALSLGVR.A R.TNLQATSDRFEIGDLTR.T R.SSQALEQYVEVER.G R.AADENVPIEK.S K.AYENPTLTGAR.A R.LALAEGLDR.T R.SILDILNAEQEYLNQVQLVSAQR.N R.GLPEVGTQASYEENLIIPGNFNSPAR.S R.GAYAAWQANER.I R.ATEASIFSQVVGAYMDVIR.D R.DQAIQLNQN.K R.VKGQLWDWADDPAPQVATDTR.A R.TAEANLIASR.E R.NSVYAFSLAAMG.A R.DLGIIEGALYDPEVNYR.R R.ATEASIFSQVVGAYMDVIRDAIVQLNQN.K K.YRVEAGQANLR.A K.GQLWDWADDPAPQVATDTR.A R.VEAGQANLR.A R.LIVPIMQGGAVR.N R.DLGIIEGALYDPEVNYR.V R.AVPPADAALIEGPPAPTQ. R.VIARDEAPGAAR.E K.EWLDANLPALEAMVAK.E R.LPILLSIEEALYGGAR.S R.TNEAFAAALADPRR.A R.APILLGIDEAGAPR.F R.VDPVIMLAEGDR.V R.ATCLALDGFVPGEGGLR.W R.TVTTSPIGAYVGNPAK.L R.VGGPSAFDNDHQIFAAPFTFIAR.V K.SSWIFGSSVAQR.A R.NLVRDPIQDITALLAR.V R.VTGTSPFFINGQR.A R.TQYIDPGLVR.F R.IAADTGLAALMR.A R.ADVVAWPALK.S R.AADRVRTGTPSFFINGQR.A K.TWIDQFYQQR.G K.LTFPMLHPIDAIAGAIK.C K.YQTGTPTFVINGQVAEGIAAWGPLR.D K.VENVEAVEK.G K.YQTGTPTFVINGQVAEGIAAWGPLRDR.L R.FFPADATFLEHDAFIAGASKPQPGIEAAMQLPPAQR.F K.VENVEAVEKTMAGIEK.Y R.FFPADATFLEHDAFIAGASK.P R.VDGDVGMGNPEAPIK.L K.DSHEELKR.D R.GVPATTIQCLGK.V K.LTFPMLHPIDAIAGAIK.C R.GVPATTIQCLGKVENVEAVEK.G K.EQEVIAK.V R.AALAAEQAADR.A R.AADQAQALDR.H R.AALALDGEATTLER.A K.AAALTEAAAAAR.K R.AQPYEAALAAALGDDLDAGTDPAAAR.S K.AALADANFAAQR.L R.LRDAEVALAQR.L R.LGPNLVAADLAELDAER.E R.AAAEAQASLR.E K.VAAEAQER.A K.AAQDELETKA.A R.RLAQVAEAETDGGQPLAVGQR.L R.RDALAEATATQLR.L R.LAEQRAAAEAQASLR.E R.KALADADAAR.R R.FCDLDRMARETNR.Y R.EAHAALTALDAETK.S R.DAALLARR.L R.AKQVALIFADAATGAHSPALVSQK.I R.FGVVPSSTANVQILLAK.N R.LILPEIAFPR.A R.VTTYDTVQTYTFR.T R.NITSDTSSNGR.W K.NPAWLADTVLFSR.T R.LLSPTGLFADENATAPDRPISR.H K.DATMDFDITLADVGDGR.L R.VGGTSDSLR.D R.ATFNTYVQSLQPLGGTYHDAGMWWGAR.L K.TDVFBNKYTYEDR.V R.HPYAPSSSDPMTVNFVNSDGR.N K.YGATILFSSR.A R.ATTPFDADDTAPSDALDMDIDLVPDADADTQWR.I R.ARHPQYAPSSDPMVNFVNSDGR.N R.AMGGASYDEAAQAEANK.M R.LFIDQPLGAGSAPVIDGAAHYLLGVMR.L R.TALPAEAEPVLRQLK.A R.SGEWLAVVADAAR.R R.LAAPAPAALITPEGGFTDR.E K.AGDPVLLFDRN.S K.TSSIVSDPVGGATNPK.A K.AIPGATMRYCILVYNGSGTATAINIADALPAR.T R.DGYIDRAGQGRF.D R.VLDIAAAGLAAR.G R.TGMLPFVFDGFGYDR.Y K.GWSIAEQALR.D R.LSDWTDHLSTAFPEVR.L R.TASDRHDPVIEHR.D R.SPANDLDRYEDAWGHDLRS.I R.VSUALQPLATLAFSSPTEGRPNGLYSR.S R.SHIWTDTPAR.T R.GYFGLPVLASATPALESIAQVEAGR.Y R.VPQSEAPLGSVVIAPLGR.R R.VLLLTALGLDLYR.V R.ELAKLADVSEAVIR.G R.ADTMFIYSESSER.S K.VVAFDPHDDQGER.I R.QPIILANNTDPPDPVLYAYDSFLR.Q R.AFALGPESADAR.I
YP_617303	Sala_2261	protein-L-isoaspartate(D-aspartate) O-methyltransferase	68.64%	11	
YP_617304	Sala_2262	Type I secretion outer membrane protein, TolC	54.93%	22	
YP_617305	Sala_2263	hypothetical protein	20.57%	2	
YP_617306	Sala_2264	NUDIX hydrolase	27.34%	5	
YP_617310	Sala_2268	protein-disulfide isomerase	49.79%	9	
YP_617311	Sala_2269	protein-disulfide isomerase	66.94%	14	
YP_617312	Sala_2270	Chromosome segregation protein SMC	23.02%	19	
YP_617316	Sala_2274	hypothetical protein	36.79%	15	
YP_617317	Sala_2275	protein of unknown function DUF558	35.74%	5	
YP_617318	Sala_2276	Protein convertase, P	7.61%	2	
YP_617319	Sala_2277	glutamate--cysteine ligase	30.87%	9	
YP_617321	Sala_2279	primosomal protein N'	10.39%	4	
YP_617322	Sala_2280	hypothetical protein	20.82%	7	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617323	Sala_2281	hypothetical protein	81.82%	12	K.GAAAPVAPADADQ. R.IAYALALAHDDGLDR.A R.DTVSNADWWAAR.Q R.ADGEDFLEDFENLDR.I K.AIATGSFVAGVQGR.A R.ALHVPGDPLLVNIWDAGSAK.A R.AYADAGAGSLFVFFLLDPK.C R.AAADTGIFVNR.C R.SDLLPVAEAVR.Y K.DGDALVAATLEK.A R.GQDVAKGDALVAATLER.A R.ILSVTDLPVTIDMESGYGADPAAVGASVGR.A R.HAGAAGINMEDRLPGR.S R.ISHGHQPWAAAMAWLGAQAQVLLGGGEPDY. K.CIGAIACDASPLPVNLLR.G R.ADDGDSPPAFALAGR.E R.YPCNVALGVVPSGQK.S R.VVTVAMVEGEVWFGHSGIAISPTR.I R.IVTNAHVESAAR.Y R.ILVNEEATVTVASIDAAGR.E R.SANDYITPR.T R.ITVSSITDVPTR.I R.DLALVEITTEGRLPAAAIYTGPLDAGADVVALGYPCNVDLATAR.S R.ASGAAVEGALAGE. R.ADEADAANKNAAK.L K.KSSAADAPQLAEGSLCTIR.P K.IAGGVGAALLLAAAILFATR.P R.EHPGFESYSGPQFER.A R.GGLLVQEIFGVTDHIR.E R.RGGLLVQEIFGVTDHIR.E R.FDGGIPMEGVEALAK.N K.NHPTAQFVVEAGHFNDSR.R K.VIKDQIANFGTDATVTEIGSVLSVGDGIAR.V K.ALVAALDAFAK.I R.EATPGDVLYHSR.L K.TAVADITFINQK.A R.YEAAMLAYLR.S R.VVDGLGNPIDGKGPVK.A R.SDHPQVLAAR.D K.ALDAALVPR.G R.TGTVDVPGVK.G R.VVDGLGNPIDGK.G R.EMEAFQFSGDLASTQK.L R.VHGLDNVQAGEMVEFANGVK.G R.TSVHEPVQTKL.A R.DNMGHAIIVYDLSK.Q K.DQIANFGTDATVTEIGSVLSVGDGIAR.V K.AANAGDDESKK.L K.QPQFQMPFEEQTSIFAGTNGYLDVATDVS.R.Y K.KALVAALDAFAK.I K.GMALNLEADNVGIVFGSDAAIK.E K.RSTVAQIVR.Q K.DLGGDTK.K R.STVAQIVR.Q K.LELAQYR.E K.AANAGDDESK.K R.DSKDLGGDTK.K K.RTGTVDVPGVK.G R.YEAAMLAYLR.S R.VHGLDNVQAGEMVEFANGVK.G R.SDHPQVLAAR.D R.EMEAFQFSGDLASTQK.L R.ELIIGDRQTKG.T R.DSKDLGGDTK.K R.DNMGHAIIVYDLSK.Q K.LYCYVAVGQK.R K.GMALNLEADNVGIVFGSDAAIK.E R.VEVKAPGIIPR.T R.PAINVGLSVSR.V R.LTQLK.Q K.KVSGSIK.L K.DLGGDTK.K K.APGIIPR.T R.LFPGQIIIEQYDTTIR.D K.VLFYLVGR.K R.DIGFDQASEISAR.V K.SDTHLLVLSNDR.G R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.LEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.K K.AQAAAAEAPYAEAR.L R.QAAITTELEIIAGAEAL. R.GLAGAFNSIVK.A R.LFPGQIIIEQYDTTIR.DIGFDQASEISAR.V R.NAGELINK.L K.VGASDSAPK.L R.NVTIQIFK.G K.GLENAASEQASMTAMDNATR.N K.ALELQSQGK.K R.NAGELINKLTIYNR.T K.VLFYLVGR.K R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.TRQAITTELEIIAGAEAL. R.PYAELEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.V K.TVLQELINNIK.G R.FTQAGSEVSALLGR.I R.FLSQPHEVFTGIPGK.F R.LVLEVAQHLGENTVR.T R.DTGAQISVPVGPQLGR.I K.DADGNPTPDGSK.V R.TREGNDLYHEFLDAGVIAK.D R.AISELGIYPAVDRLDSTR.V R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDER.G R.DQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.T K.APEFVQDQSTASLVTGK.V R.EGNDLYHEFLDAGVIAK.D K.VIDLIAPIYAK.G K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A R.VALSGLTMAEYFR.D K.VALVFGMNEPPGAR.A K.GHGSVVFAGVGR.T R.TIAMDATDGLTR.G K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.AAAPVGAATGR.I R.RVQETLQK.Y R.GPVNSDMTAPIHAK.A R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A R.GQPVRTGQISVVPQTLGR.I K.GSITSVQAIYVADDLTPAPATSFHLDATTLR.S.A R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IAQVIGAVVDVQFTGELPAILETONNGNR.L R.VALSGLTMAEYFRDQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.TVLQELINNIK.G R.VALSGLTMAEYFR.D R.TIAMDATDGLTR.G R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A K.VALVFGMNEPPGAR.A K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.APEFVQDQSTASLVTGKVIDLIAPIYAK.G R.GPVNSDMTAPIHAK.A K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A K.FVPIETVK.S
YP_617326	Sala_2284	peptidase S1 and S6, chymotrypsin/Hap	43.00%	12	K.CIGAIACDASPLPVNLLR.G R.ADDGDSPPAFALAGR.E R.YPCNVALGVVPSGQK.S R.VVTVAMVEGEVWFGHSGIAISPTR.I R.IVTNAHVESAAR.Y R.ILVNEEATVTVASIDAAGR.E R.SANDYITPR.T R.ITVSSITDVPTR.I R.DLALVEITTEGRLPAAAIYTGPLDAGADVVALGYPCNVDLATAR.S R.ASGAAVEGALAGE. R.ADEADAANKNAAK.L K.KSSAADAPQLAEGSLCTIR.P K.IAGGVGAALLLAAAILFATR.P R.EHPGFESYSGPQFER.A R.GGLLVQEIFGVTDHIR.E R.RGGLLVQEIFGVTDHIR.E R.FDGGIPMEGVEALAK.N K.NHPTAQFVVEAGHFNDSR.R K.VIKDQIANFGTDATVTEIGSVLSVGDGIAR.V K.ALVAALDAFAK.I R.EATPGDVLYHSR.L K.TAVADITFINQK.A R.YEAAMLAYLR.S R.VVDGLGNPIDGKGPVK.A R.SDHPQVLAAR.D K.ALDAALVPR.G R.TGTVDVPGVK.G R.VVDGLGNPIDGK.G R.EMEAFQFSGDLASTQK.L R.VHGLDNVQAGEMVEFANGVK.G R.TSVHEPVQTKL.A R.DNMGHAIIVYDLSK.Q K.DQIANFGTDATVTEIGSVLSVGDGIAR.V K.AANAGDDESKK.L K.QPQFQMPFEEQTSIFAGTNGYLDVATDVS.R.Y K.KALVAALDAFAK.I K.GMALNLEADNVGIVFGSDAAIK.E K.RSTVAQIVR.Q K.DLGGDTK.K R.STVAQIVR.Q K.LELAQYR.E K.AANAGDDESK.K R.DSKDLGGDTK.K K.RTGTVDVPGVK.G R.YEAAMLAYLR.S R.VHGLDNVQAGEMVEFANGVK.G R.SDHPQVLAAR.D R.EMEAFQFSGDLASTQK.L R.ELIIGDRQTKG.T R.DSKDLGGDTK.K R.DNMGHAIIVYDLSK.Q K.LYCYVAVGQK.R K.GMALNLEADNVGIVFGSDAAIK.E R.VEVKAPGIIPR.T R.PAINVGLSVSR.V R.LTQLK.Q K.KVSGSIK.L K.DLGGDTK.K K.APGIIPR.T R.LFPGQIIIEQYDTTIR.D K.VLFYLVGR.K R.DIGFDQASEISAR.V K.SDTHLLVLSNDR.G R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.LEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.K K.AQAAAAEAPYAEAR.L R.QAAITTELEIIAGAEAL. R.GLAGAFNSIVK.A R.LFPGQIIIEQYDTTIR.DIGFDQASEISAR.V R.NAGELINK.L K.VGASDSAPK.L R.NVTIQIFK.G K.GLENAASEQASMTAMDNATR.N K.ALELQSQGK.K R.NAGELINKLTIYNR.T K.VLFYLVGR.K R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.TRQAITTELEIIAGAEAL. R.PYAELEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.V K.TVLQELINNIK.G R.FTQAGSEVSALLGR.I R.FLSQPHEVFTGIPGK.F R.LVLEVAQHLGENTVR.T R.DTGAQISVPVGPQLGR.I K.DADGNPTPDGSK.V R.TREGNDLYHEFLDAGVIAK.D R.AISELGIYPAVDRLDSTR.V R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDER.G R.DQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.T K.APEFVQDQSTASLVTGK.V R.EGNDLYHEFLDAGVIAK.D K.VIDLIAPIYAK.G K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A R.VALSGLTMAEYFR.D K.VALVFGMNEPPGAR.A K.GHGSVVFAGVGR.T R.TIAMDATDGLTR.G K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.AAAPVGAATGR.I R.RVQETLQK.Y R.GPVNSDMTAPIHAK.A R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A R.GQPVRTGQISVVPQTLGR.I K.GSITSVQAIYVADDLTPAPATSFHLDATTLR.S.A R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IAQVIGAVVDVQFTGELPAILETONNGNR.L R.VALSGLTMAEYFRDQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.TVLQELINNIK.G R.VALSGLTMAEYFR.D R.TIAMDATDGLTR.G R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A K.VALVFGMNEPPGAR.A K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.APEFVQDQSTASLVTGKVIDLIAPIYAK.G R.GPVNSDMTAPIHAK.A K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A K.FVPIETVK.S
YP_617327	Sala_2285	Carboxymethylenebutenolidase	30.43%	5	K.IAGGVGAALLLAAAILFATR.P R.EHPGFESYSGPQFER.A R.GGLLVQEIFGVTDHIR.E R.RGGLLVQEIFGVTDHIR.E R.FDGGIPMEGVEALAK.N K.NHPTAQFVVEAGHFNDSR.R K.VIKDQIANFGTDATVTEIGSVLSVGDGIAR.V K.ALVAALDAFAK.I R.EATPGDVLYHSR.L K.TAVADITFINQK.A R.YEAAMLAYLR.S R.VVDGLGNPIDGKGPVK.A R.SDHPQVLAAR.D K.ALDAALVPR.G R.TGTVDVPGVK.G R.VVDGLGNPIDGK.G R.EMEAFQFSGDLASTQK.L R.VHGLDNVQAGEMVEFANGVK.G R.TSVHEPVQTKL.A R.DNMGHAIIVYDLSK.Q K.DQIANFGTDATVTEIGSVLSVGDGIAR.V K.AANAGDDESKK.L K.QPQFQMPFEEQTSIFAGTNGYLDVATDVS.R.Y K.KALVAALDAFAK.I K.GMALNLEADNVGIVFGSDAAIK.E K.RSTVAQIVR.Q K.DLGGDTK.K R.STVAQIVR.Q K.LELAQYR.E K.AANAGDDESK.K R.DSKDLGGDTK.K K.RTGTVDVPGVK.G R.YEAAMLAYLR.S R.VHGLDNVQAGEMVEFANGVK.G R.SDHPQVLAAR.D R.EMEAFQFSGDLASTQK.L R.ELIIGDRQTKG.T R.DSKDLGGDTK.K R.DNMGHAIIVYDLSK.Q K.LYCYVAVGQK.R K.GMALNLEADNVGIVFGSDAAIK.E R.VEVKAPGIIPR.T R.PAINVGLSVSR.V R.LTQLK.Q K.KVSGSIK.L K.DLGGDTK.K K.APGIIPR.T R.LFPGQIIIEQYDTTIR.D K.VLFYLVGR.K R.DIGFDQASEISAR.V K.SDTHLLVLSNDR.G R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.LEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.K K.AQAAAAEAPYAEAR.L R.QAAITTELEIIAGAEAL. R.GLAGAFNSIVK.A R.LFPGQIIIEQYDTTIR.DIGFDQASEISAR.V R.NAGELINK.L K.VGASDSAPK.L R.NVTIQIFK.G K.GLENAASEQASMTAMDNATR.N K.ALELQSQGK.K R.NAGELINKLTIYNR.T K.VLFYLVGR.K R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.TRQAITTELEIIAGAEAL. R.PYAELEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.V K.TVLQELINNIK.G R.FTQAGSEVSALLGR.I R.FLSQPHEVFTGIPGK.F R.LVLEVAQHLGENTVR.T R.DTGAQISVPVGPQLGR.I K.DADGNPTPDGSK.V R.TREGNDLYHEFLDAGVIAK.D R.AISELGIYPAVDRLDSTR.V R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDER.G R.DQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.T K.APEFVQDQSTASLVTGK.V R.EGNDLYHEFLDAGVIAK.D K.VIDLIAPIYAK.G K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A R.VALSGLTMAEYFR.D K.VALVFGMNEPPGAR.A K.GHGSVVFAGVGR.T R.TIAMDATDGLTR.G K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.AAAPVGAATGR.I R.RVQETLQK.Y R.GPVNSDMTAPIHAK.A R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A R.GQPVRTGQISVVPQTLGR.I K.GSITSVQAIYVADDLTPAPATSFHLDATTLR.S.A R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IAQVIGAVVDVQFTGELPAILETONNGNR.L R.VALSGLTMAEYFRDQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.TVLQELINNIK.G R.VALSGLTMAEYFR.D R.TIAMDATDGLTR.G R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A K.VALVFGMNEPPGAR.A K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.APEFVQDQSTASLVTGKVIDLIAPIYAK.G R.GPVNSDMTAPIHAK.A K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A K.FVPIETVK.S
YP_617328	Sala_2286	ATP synthase F1, alpha subunit	67.98%	41	K.VIKDQIANFGTDATVTEIGSVLSVGDGIAR.V K.ALVAALDAFAK.I R.EATPGDVLYHSR.L K.TAVADITFINQK.A R.YEAAMLAYLR.S R.VVDGLGNPIDGKGPVK.A R.SDHPQVLAAR.D K.ALDAALVPR.G R.TGTVDVPGVK.G R.VVDGLGNPIDGK.G R.EMEAFQFSGDLASTQK.L R.VHGLDNVQAGEMVEFANGVK.G R.TSVHEPVQTKL.A R.DNMGHAIIVYDLSK.Q K.DQIANFGTDATVTEIGSVLSVGDGIAR.V K.AANAGDDESKK.L K.QPQFQMPFEEQTSIFAGTNGYLDVATDVS.R.Y K.KALVAALDAFAK.I K.GMALNLEADNVGIVFGSDAAIK.E K.RSTVAQIVR.Q K.DLGGDTK.K R.STVAQIVR.Q K.LELAQYR.E K.AANAGDDESK.K R.DSKDLGGDTK.K K.RTGTVDVPGVK.G R.YEAAMLAYLR.S R.VHGLDNVQAGEMVEFANGVK.G R.SDHPQVLAAR.D R.EMEAFQFSGDLASTQK.L R.ELIIGDRQTKG.T R.DSKDLGGDTK.K R.DNMGHAIIVYDLSK.Q K.LYCYVAVGQK.R K.GMALNLEADNVGIVFGSDAAIK.E R.VEVKAPGIIPR.T R.PAINVGLSVSR.V R.LTQLK.Q K.KVSGSIK.L K.DLGGDTK.K K.APGIIPR.T R.LFPGQIIIEQYDTTIR.D K.VLFYLVGR.K R.DIGFDQASEISAR.V K.SDTHLLVLSNDR.G R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.LEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.K K.AQAAAAEAPYAEAR.L R.QAAITTELEIIAGAEAL. R.GLAGAFNSIVK.A R.LFPGQIIIEQYDTTIR.DIGFDQASEISAR.V R.NAGELINK.L K.VGASDSAPK.L R.NVTIQIFK.G K.GLENAASEQASMTAMDNATR.N K.ALELQSQGK.K R.NAGELINKLTIYNR.T K.VLFYLVGR.K R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.TRQAITTELEIIAGAEAL. R.PYAELEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.V K.TVLQELINNIK.G R.FTQAGSEVSALLGR.I R.FLSQPHEVFTGIPGK.F R.LVLEVAQHLGENTVR.T R.DTGAQISVPVGPQLGR.I K.DADGNPTPDGSK.V R.TREGNDLYHEFLDAGVIAK.D R.AISELGIYPAVDRLDSTR.V R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDER.G R.DQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.T K.APEFVQDQSTASLVTGK.V R.EGNDLYHEFLDAGVIAK.D K.VIDLIAPIYAK.G K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A R.VALSGLTMAEYFR.D K.VALVFGMNEPPGAR.A K.GHGSVVFAGVGR.T R.TIAMDATDGLTR.G K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.AAAPVGAATGR.I R.RVQETLQK.Y R.GPVNSDMTAPIHAK.A R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A R.GQPVRTGQISVVPQTLGR.I K.GSITSVQAIYVADDLTPAPATSFHLDATTLR.S.A R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IAQVIGAVVDVQFTGELPAILETONNGNR.L R.VALSGLTMAEYFRDQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.TVLQELINNIK.G R.VALSGLTMAEYFR.D R.TIAMDATDGLTR.G R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A K.VALVFGMNEPPGAR.A K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.APEFVQDQSTASLVTGKVIDLIAPIYAK.G R.GPVNSDMTAPIHAK.A K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A K.FVPIETVK.S
YP_617329	Sala_2287	ATP synthase F1, gamma subunit	68.04%	22	R.LFPGQIIIEQYDTTIR.D K.VLFYLVGR.K R.DIGFDQASEISAR.V K.SDTHLLVLSNDR.G R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.LEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.K K.AQAAAAEAPYAEAR.L R.QAAITTELEIIAGAEAL. R.GLAGAFNSIVK.A R.LFPGQIIIEQYDTTIR.DIGFDQASEISAR.V R.NAGELINK.L K.VGASDSAPK.L R.NVTIQIFK.G K.GLENAASEQASMTAMDNATR.N K.ALELQSQGK.K R.NAGELINKLTIYNR.T K.VLFYLVGR.K R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.TRQAITTELEIIAGAEAL. R.PYAELEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.V K.TVLQELINNIK.G R.FTQAGSEVSALLGR.I R.FLSQPHEVFTGIPGK.F R.LVLEVAQHLGENTVR.T R.DTGAQISVPVGPQLGR.I K.DADGNPTPDGSK.V R.TREGNDLYHEFLDAGVIAK.D R.AISELGIYPAVDRLDSTR.V R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDER.G R.DQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.T K.APEFVQDQSTASLVTGK.V R.EGNDLYHEFLDAGVIAK.D K.VIDLIAPIYAK.G K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A R.VALSGLTMAEYFR.D K.VALVFGMNEPPGAR.A K.GHGSVVFAGVGR.T R.TIAMDATDGLTR.G K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.AAAPVGAATGR.I R.RVQETLQK.Y R.GPVNSDMTAPIHAK.A R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A R.GQPVRTGQISVVPQTLGR.I K.GSITSVQAIYVADDLTPAPATSFHLDATTLR.S.A R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IAQVIGAVVDVQFTGELPAILETONNGNR.L R.VALSGLTMAEYFRDQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.TVLQELINNIK.G R.VALSGLTMAEYFR.D R.TIAMDATDGLTR.G R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A K.VALVFGMNEPPGAR.A K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.APEFVQDQSTASLVTGKVIDLIAPIYAK.G R.GPVNSDMTAPIHAK.A K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A K.FVPIETVK.S
YP_617330	Sala_2288	ATP synthase F1, beta subunit	88.30%	42	R.LFPGQIIIEQYDTTIR.D K.VLFYLVGR.K R.DIGFDQASEISAR.V K.SDTHLLVLSNDR.G R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.LEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.K K.AQAAAAEAPYAEAR.L R.QAAITTELEIIAGAEAL. R.GLAGAFNSIVK.A R.LFPGQIIIEQYDTTIR.DIGFDQASEISAR.V R.NAGELINK.L K.VGASDSAPK.L R.NVTIQIFK.G K.GLENAASEQASMTAMDNATR.N K.ALELQSQGK.K R.NAGELINKLTIYNR.T K.VLFYLVGR.K R.VMELYEAGAFVAHLFYSK.F R.TRQAITTELEIIAGAEAL. R.PYAELEGVVASLASK.V R.DKALELQSQGK.V K.TVLQELINNIK.G R.FTQAGSEVSALLGR.I R.FLSQPHEVFTGIPGK.F R.LVLEVAQHLGENTVR.T R.DTGAQISVPVGPQLGR.I K.DADGNPTPDGSK.V R.TREGNDLYHEFLDAGVIAK.D R.AISELGIYPAVDRLDSTR.V R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDER.G R.DQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.T K.APEFVQDQSTASLVTGK.V R.EGNDLYHEFLDAGVIAK.D K.VIDLIAPIYAK.G K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A R.VALSGLTMAEYFR.D K.VALVFGMNEPPGAR.A K.GHGSVVFAGVGR.T R.TIAMDATDGLTR.G K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.AAAPVGAATGR.I R.RVQETLQK.Y R.GPVNSDMTAPIHAK.A R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A R.GQPVRTGQISVVPQTLGR.I K.GSITSVQAIYVADDLTPAPATSFHLDATTLR.S.A R.VLTPAIVGQEHYETAR.R R.IAQVIGAVVDVQFTGELPAILETONNGNR.L R.VALSGLTMAEYFRDQEQDVLFFVDNIFR.F K.IGLFSGAGVVK.TVLQELINNIK.G R.VALSGLTMAEYFR.D R.TIAMDATDGLTR.G R.IPSAVGYQTLSTDMGALQER.I R.ILNVIGEPIDERGPVNSDMTAPIHAK.A K.VALVFGMNEPPGAR.A K.AVVDGEYDHLPEAFYVGGIDEAVAK.A K.APEFVQDQSTASLVTGKVIDLIAPIYAK.G R.GPVNSDMTAPIHAK.A K.SLQDIIAILGMDELSEEDKLVAR.A K.FVPIETVK.S



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617332	Sala_2290	type II secretion system protein E	6.22%	2	R.VNVVPPLSLR.G R.STAEAVEPEKAQGFASVHK.I R.LNEDDDAAKEEK.S K.ESSIAFAEAAGFELAGK.S K.VPDGSADVLLTR.N K.AGGGTLVAAPWER.G R.FGGADNTANAFK.Q K.QAADTATYGALR.L R.LAEFPATGAGPK.V K.QIFAMKPGGTLGVWEHR.L R.EKQAADTATYGALR.L K.YVAIGESDR.M K.GVWTLPPVLR.E K.DTKDYEK.G R.NPAETLAFFGVK.P K.SEINANPKDTK.D R.NPAETLAFFGVKPGDVTVELWPGGWYTEILAPLTK.A R.AKYVAIGESDR.M K.PGDTVVELWPGGWYTEILAPLTK.A R.ATGSPPGYVIVQLLNTS. K.VALAHVAR.L R.VPPEWHGWLHSTFDELADVLPAAPR.A R.AAATGDEYEAWRPGAD. K.IFTWWDGATVGTLLNSWAR.G R.RPLAWLDLISR.N R.MLFFPPEIAAMAVEAEQR.G R.LIAAGVKPQDR.I R.GVEPLDWTAFAR.A R.DEAGNPLDQTVGK.V R.FSDFATVGEALDYAASGTR.G R.AQYLAGEIQPFAIAA. R.RFSDFATVGEALDYAASGTR.G R.VAGNGADMIRPDVMQAFVDAFADAGFK.A R.ISSQSIVADR.F K.NHWQDIEWAVEQLPGFK.S K.DMVEVDEAGNPLDQTVGK.V R.ADALAAAYR.L K.LAGEVEAWFEDVAGEEGAPAAD. R.SPHFDLEVLQR.G
YP_617333	Sala_2291	Methyltransferase type 11	56.63%	17	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M R.TEIVLEAQRPALPAPAR.Q R.QLIDGIGVQLDLLAPQLQLDTPATAANIR.K R.KLVGEDLPELVAGYQR.I R.SLAAGELDKLATR.E K.LVGEDLPELVAGYQR.I R.VDIVINDFDVDTTATGDR.I K.VAGMLGIEGGHSGSSLAVALR.E R.ARVNVDINDFDVDTTATGDR.I K.APVFDGHNDVPWALR.A K.AMYPGDPAVAALTAWDAANPAPK.T R.GHVGARQVSVVYVSTTNEAK.A R.NVPWADSATDAPEHGLDFGR.Q K.AVEFAASQK.G R.YPADLMADNSAELEK.A K.APVFMSHSGVR.A R.VADHIDHLK.H R.IGMIVDLSHVSEATHKDALAASK.A K.AVQQTIEQIDVMKR.L K.ANGGIVMVVFLRGLDADVR.A R.RGYSQAELEK.I K.KAPVFDGHNDVPWALR.A K.AVQQTIEQIDVMKR.R R.DRLPGTVLFMFPQEGEEHGGAR.F R.IHIREPELGLQNR.P R.VVENWFGEEAWLITMNDPVMGAEDFAYVLEK.V R.GAALHAALAE.F R.AGPLASSDVLSTIVK.G K.IKDLAGLPLEFR.E R.ISVFDPAVVTIAK.I R.FLNEGFGQE. K.ITAGTNNIIPETAEMLTIR.T R.ATILASGGAGR.V R.NLLETADLIVR.S R.VTDSDEEVVVK.Q R.VYQFSTAPR.G R.HEVHEYSQFR.V R.WDQLEPPAIR.A R.VTTDLIELR.N K.NFLTEAVR.G R.LASNSLLECFVGEAAAK.D
YP_617334	Sala_2292	Leucyltransferase	11.39%	2	R.LIAAGVKPQDR.I R.GVEPLDWTAFAR.A R.DEAGNPLDQTVGK.V R.FSDFATVGEALDYAASGTR.G R.AQYLAGEIQPFAIAA. R.RFSDFATVGEALDYAASGTR.G R.VAGNGADMIRPDVMQAFVDAFADAGFK.A R.ISSQSIVADR.F K.NHWQDIEWAVEQLPGFK.S K.DMVEVDEAGNPLDQTVGK.V R.ADALAAAYR.L K.LAGEVEAWFEDVAGEEGAPAAD. R.SPHFDLEVLQR.G
YP_617335	Sala_2293	NADH:ubiquinone oxidoreductase 17.2 kD subunit	46.09%	3	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M R.TEIVLEAQRPALPAPAR.Q R.QLIDGIGVQLDLLAPQLQLDTPATAANIR.K R.KLVGEDLPELVAGYQR.I R.SLAAGELDKLATR.E K.LVGEDLPELVAGYQR.I R.VDIVINDFDVDTTATGDR.I K.VAGMLGIEGGHSGSSLAVALR.E R.ARVNVDINDFDVDTTATGDR.I K.APVFDGHNDVPWALR.A K.AMYPGDPAVAALTAWDAANPAPK.T R.GHVGARQVSVVYVSTTNEAK.A R.NVPWADSATDAPEHGLDFGR.Q K.AVEFAASQK.G R.YPADLMADNSAELEK.A K.APVFMSHSGVR.A R.VADHIDHLK.H R.IGMIVDLSHVSEATHKDALAASK.A K.AVQQTIEQIDVMKR.L K.ANGGIVMVVFLRGLDADVR.A R.RGYSQAELEK.I K.KAPVFDGHNDVPWALR.A K.AVQQTIEQIDVMKR.R R.DRLPGTVLFMFPQEGEEHGGAR.F R.IHIREPELGLQNR.P R.VVENWFGEEAWLITMNDPVMGAEDFAYVLEK.V R.GAALHAALAE.F R.AGPLASSDVLSTIVK.G K.IKDLAGLPLEFR.E R.ISVFDPAVVTIAK.I R.FLNEGFGQE. K.ITAGTNNIIPETAEMLTIR.T R.ATILASGGAGR.V R.NLLETADLIVR.S R.VTDSDEEVVVK.Q R.VYQFSTAPR.G R.HEVHEYSQFR.V R.WDQLEPPAIR.A R.VTTDLIELR.N K.NFLTEAVR.G R.LASNSLLECFVGEAAAK.D
YP_617337	Sala_2295	AMP-dependent synthetase and ligase	20.74%	13	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M R.TEIVLEAQRPALPAPAR.Q R.QLIDGIGVQLDLLAPQLQLDTPATAANIR.K R.KLVGEDLPELVAGYQR.I R.SLAAGELDKLATR.E K.LVGEDLPELVAGYQR.I R.VDIVINDFDVDTTATGDR.I K.VAGMLGIEGGHSGSSLAVALR.E R.ARVNVDINDFDVDTTATGDR.I K.APVFDGHNDVPWALR.A K.AMYPGDPAVAALTAWDAANPAPK.T R.GHVGARQVSVVYVSTTNEAK.A R.NVPWADSATDAPEHGLDFGR.Q K.AVEFAASQK.G R.YPADLMADNSAELEK.A K.APVFMSHSGVR.A R.VADHIDHLK.H R.IGMIVDLSHVSEATHKDALAASK.A K.AVQQTIEQIDVMKR.L K.ANGGIVMVVFLRGLDADVR.A R.RGYSQAELEK.I K.KAPVFDGHNDVPWALR.A K.AVQQTIEQIDVMKR.R R.DRLPGTVLFMFPQEGEEHGGAR.F R.IHIREPELGLQNR.P R.VVENWFGEEAWLITMNDPVMGAEDFAYVLEK.V R.GAALHAALAE.F R.AGPLASSDVLSTIVK.G K.IKDLAGLPLEFR.E R.ISVFDPAVVTIAK.I R.FLNEGFGQE. K.ITAGTNNIIPETAEMLTIR.T R.ATILASGGAGR.V R.NLLETADLIVR.S R.VTDSDEEVVVK.Q R.VYQFSTAPR.G R.HEVHEYSQFR.V R.WDQLEPPAIR.A R.VTTDLIELR.N K.NFLTEAVR.G R.LASNSLLECFVGEAAAK.D
YP_617340	Sala_2298	hypothetical protein	37.08%	2	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M R.TEIVLEAQRPALPAPAR.Q R.QLIDGIGVQLDLLAPQLQLDTPATAANIR.K R.KLVGEDLPELVAGYQR.I R.SLAAGELDKLATR.E K.LVGEDLPELVAGYQR.I R.VDIVINDFDVDTTATGDR.I K.VAGMLGIEGGHSGSSLAVALR.E R.ARVNVDINDFDVDTTATGDR.I K.APVFDGHNDVPWALR.A K.AMYPGDPAVAALTAWDAANPAPK.T R.GHVGARQVSVVYVSTTNEAK.A R.NVPWADSATDAPEHGLDFGR.Q K.AVEFAASQK.G R.YPADLMADNSAELEK.A K.APVFMSHSGVR.A R.VADHIDHLK.H R.IGMIVDLSHVSEATHKDALAASK.A K.AVQQTIEQIDVMKR.L K.ANGGIVMVVFLRGLDADVR.A R.RGYSQAELEK.I K.KAPVFDGHNDVPWALR.A K.AVQQTIEQIDVMKR.R R.DRLPGTVLFMFPQEGEEHGGAR.F R.IHIREPELGLQNR.P R.VVENWFGEEAWLITMNDPVMGAEDFAYVLEK.V R.GAALHAALAE.F R.AGPLASSDVLSTIVK.G K.IKDLAGLPLEFR.E R.ISVFDPAVVTIAK.I R.FLNEGFGQE. K.ITAGTNNIIPETAEMLTIR.T R.ATILASGGAGR.V R.NLLETADLIVR.S R.VTDSDEEVVVK.Q R.VYQFSTAPR.G R.HEVHEYSQFR.V R.WDQLEPPAIR.A R.VTTDLIELR.N K.NFLTEAVR.G R.LASNSLLECFVGEAAAK.D
YP_617343	Sala_2301	hypothetical protein	52.22%	10	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M R.TEIVLEAQRPALPAPAR.Q R.QLIDGIGVQLDLLAPQLQLDTPATAANIR.K R.KLVGEDLPELVAGYQR.I R.SLAAGELDKLATR.E K.LVGEDLPELVAGYQR.I R.VDIVINDFDVDTTATGDR.I K.VAGMLGIEGGHSGSSLAVALR.E R.ARVNVDINDFDVDTTATGDR.I K.APVFDGHNDVPWALR.A K.AMYPGDPAVAALTAWDAANPAPK.T R.GHVGARQVSVVYVSTTNEAK.A R.NVPWADSATDAPEHGLDFGR.Q K.AVEFAASQK.G R.YPADLMADNSAELEK.A K.APVFMSHSGVR.A R.VADHIDHLK.H R.IGMIVDLSHVSEATHKDALAASK.A K.AVQQTIEQIDVMKR.L K.ANGGIVMVVFLRGLDADVR.A R.RGYSQAELEK.I K.KAPVFDGHNDVPWALR.A K.AVQQTIEQIDVMKR.R R.DRLPGTVLFMFPQEGEEHGGAR.F R.IHIREPELGLQNR.P R.VVENWFGEEAWLITMNDPVMGAEDFAYVLEK.V R.GAALHAALAE.F R.AGPLASSDVLSTIVK.G K.IKDLAGLPLEFR.E R.ISVFDPAVVTIAK.I R.FLNEGFGQE. K.ITAGTNNIIPETAEMLTIR.T R.ATILASGGAGR.V R.NLLETADLIVR.S R.VTDSDEEVVVK.Q R.VYQFSTAPR.G R.HEVHEYSQFR.V R.WDQLEPPAIR.A R.VTTDLIELR.N K.NFLTEAVR.G R.LASNSLLECFVGEAAAK.D
YP_617344	Sala_2302	Pseudouridine synthase, Rsu	14.59%	2	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M R.TEIVLEAQRPALPAPAR.Q R.QLIDGIGVQLDLLAPQLQLDTPATAANIR.K R.KLVGEDLPELVAGYQR.I R.SLAAGELDKLATR.E K.LVGEDLPELVAGYQR.I R.VDIVINDFDVDTTATGDR.I K.VAGMLGIEGGHSGSSLAVALR.E R.ARVNVDINDFDVDTTATGDR.I K.APVFDGHNDVPWALR.A K.AMYPGDPAVAALTAWDAANPAPK.T R.GHVGARQVSVVYVSTTNEAK.A R.NVPWADSATDAPEHGLDFGR.Q K.AVEFAASQK.G R.YPADLMADNSAELEK.A K.APVFMSHSGVR.A R.VADHIDHLK.H R.IGMIVDLSHVSEATHKDALAASK.A K.AVQQTIEQIDVMKR.L K.ANGGIVMVVFLRGLDADVR.A R.RGYSQAELEK.I K.KAPVFDGHNDVPWALR.A K.AVQQTIEQIDVMKR.R R.DRLPGTVLFMFPQEGEEHGGAR.F R.IHIREPELGLQNR.P R.VVENWFGEEAWLITMNDPVMGAEDFAYVLEK.V R.GAALHAALAE.F R.AGPLASSDVLSTIVK.G K.IKDLAGLPLEFR.E R.ISVFDPAVVTIAK.I R.FLNEGFGQE. K.ITAGTNNIIPETAEMLTIR.T R.ATILASGGAGR.V R.NLLETADLIVR.S R.VTDSDEEVVVK.Q R.VYQFSTAPR.G R.HEVHEYSQFR.V R.WDQLEPPAIR.A R.VTTDLIELR.N K.NFLTEAVR.G R.LASNSLLECFVGEAAAK.D
YP_617345	Sala_2303	GTP-binding protein TypA	52.46%	21	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M R.TEIVLEAQRPALPAPAR.Q R.QLIDGIGVQLDLLAPQLQLDTPATAANIR.K R.KLVGEDLPELVAGYQR.I R.SLAAGELDKLATR.E K.LVGEDLPELVAGYQR.I R.VDIVINDFDVDTTATGDR.I K.VAGMLGIEGGHSGSSLAVALR.E R.ARVNVDINDFDVDTTATGDR.I K.APVFDGHNDVPWALR.A K.AMYPGDPAVAALTAWDAANPAPK.T R.GHVGARQVSVVYVSTTNEAK.A R.NVPWADSATDAPEHGLDFGR.Q K.AVEFAASQK.G R.YPADLMADNSAELEK.A K.APVFMSHSGVR.A R.VADHIDHLK.H R.IGMIVDLSHVSEATHKDALAASK.A K.AVQQTIEQIDVMKR.L K.ANGGIVMVVFLRGLDADVR.A R.RGYSQAELEK.I K.KAPVFDGHNDVPWALR.A K.AVQQTIEQIDVMKR.R R.DRLPGTVLFMFPQEGEEHGGAR.F R.IHIREPELGLQNR.P R.VVENWFGEEAWLITMNDPVMGAEDFAYVLEK.V R.GAALHAALAE.F R.AGPLASSDVLSTIVK.G K.IKDLAGLPLEFR.E R.ISVFDPAVVTIAK.I R.FLNEGFGQE. K.ITAGTNNIIPETAEMLTIR.T R.ATILASGGAGR.V R.NLLETADLIVR.S R.VTDSDEEVVVK.Q R.VYQFSTAPR.G R.HEVHEYSQFR.V R.WDQLEPPAIR.A R.VTTDLIELR.N K.NFLTEAVR.G R.LASNSLLECFVGEAAAK.D
YP_617350	Sala_2308	toxic anion resistance	71.46%	22	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M R.TEIVLEAQRPALPAPAR.Q R.QLIDGIGVQLDLLAPQLQLDTPATAANIR.K R.KLVGEDLPELVAGYQR.I R.SLAAGELDKLATR.E K.LVGEDLPELVAGYQR.I R.VDIVINDFDVDTTATGDR.I K.VAGMLGIEGGHSGSSLAVALR.E R.ARVNVDINDFDVDTTATGDR.I K.APVFDGHNDVPWALR.A K.AMYPGDPAVAALTAWDAANPAPK.T R.GHVGARQVSVVYVSTTNEAK.A R.NVPWADSATDAPEHGLDFGR.Q K.AVEFAASQK.G R.YPADLMADNSAELEK.A K.APVFMSHSGVR.A R.VADHIDHLK.H R.IGMIVDLSHVSEATHKDALAASK.A K.AVQQTIEQIDVMKR.L K.ANGGIVMVVFLRGLDADVR.A R.RGYSQAELEK.I K.KAPVFDGHNDVPWALR.A K.AVQQTIEQIDVMKR.R R.DRLPGTVLFMFPQEGEEHGGAR.F R.IHIREPELGLQNR.P R.VVENWFGEEAWLITMNDPVMGAEDFAYVLEK.V R.GAALHAALAE.F R.AGPLASSDVLSTIVK.G K.IKDLAGLPLEFR.E R.ISVFDPAVVTIAK.I R.FLNEGFGQE. K.ITAGTNNIIPETAEMLTIR.T R.ATILASGGAGR.V R.NLLETADLIVR.S R.VTDSDEEVVVK.Q R.VYQFSTAPR.G R.HEVHEYSQFR.V R.WDQLEPPAIR.A R.VTTDLIELR.N K.NFLTEAVR.G R.LASNSLLECFVGEAAAK.D
YP_617351	Sala_2309	hypothetical protein	45.49%	8	R.VTNWLNSEDTSLLR.D R.GIPAVPILVAVP. K.YAFVAHDLVFK.H R.RVTNWLSEDTSLLR.D R.IVQYSHLNGFEFLK.Y R.GLEPIMTYNQDFVK.D R.LLSPDMNKEFAR.L R.LFADHWTER.R R.GLEPIMTYNQDFVKDR.V R.DIMSLEPQAQK.E R.GVTLNDGPTR.P R.ATLSDYIDVPGVYPAGR.L R.VLYQTDESQR.T K.AALGLKRPVWVK.I R.DGTLEPLFETIVR.H R.ITESADKDSFEVAGR.G R.INIVDTPGHADFGGEVER.I R.HVPAPGLDENAPFTLALLDR.D K.TTLVDQLFR.Q R.GLIGYHGFELSDTR.G R.GGYASDPPEAR.D R.FAVNDSPMAGR.E R.GLDRVPVDEAK.A R.ILSMVDGVILLVDAEAGPMPQTK.F R.GILFVSPGEALYEGMIIIGENAKPEDLEVNPMK.S K.AGGIVAIAGLAQATVANTADTSVTEPIAAQPIDPPTLSMR.F K.VNQPHALDMDGK.V R.MTLEQAIYIDDEMVEVTPK.N K.NGVLSISNGEAVAYALGLEER.G R.AMDSNLEKER.G K.VNQPHALDMDGKVIETGR.A R.KNVGLSISNGEAVAYALGLEER.G R.FAVNDSPMAGR.E K.LVLEQITALNTTANIIDGTSK.M R.VDGFIDDLVAQDVNSPAGQK.V K.AAELDGVDPK.A R.AFQNIYDMDAIDTFK.L R.AEGAAQAQASVGGAESPLTAIEG. K.TVTTLLEGEVAK.S K.LFGSSVTNYFAK.Y K.TAITVAQAMTNQK.L K.LEQMVHIAQTLDR.K R.IHEQAASSTIPMETLQR.A R.SAQSHISSILITLANGKDELMDNAIDVER.R R.KEMLEAANQSNR.F K.EMLEAANQSNR.F K.AMDRDTDIGQNLIELR.N K.AAGLPLSTEQK.S K.VDQITNMRG.K K.KNNIELVK.G K.AAELDGVDPKAK.V R.TQDLTQMAYTVQGYLALDLVK.K R.GLLDKLFGSSVTNYFAK.Y R.DTDIGQNLIELR.N K.VLRENALFYAR.Q K.VQGLDGDGTGRQD. R.LSASEAIER.S R.TPDETLLVGLK.M 

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617358	Sala_2316	ABC transporter related	65.15%	13	R.IVHVDATGWAVQAALLK.T R.GATGDGIAMAWR.A K.TAEAHNTLLPQACIDLITGR.H R.EADLEDFNLTRA K.STLNLGLAVLNK.T R.QQLWDYVQSLNDR.G R.GEIFGLLNGGAGK.S K.QALDNVDFVPR.G R.MNAGVLAAVNAMGHGIVDVSTR.E R.ISDELLAAVHLSKRR.D K.IVVVTLHDHITDLPHPAFKIER.E K.YSIGIVQEVDFPFFPYETLENQAGLYGVPK.A K.TSGHAIWGFIDADPR.N K.QALDNVDFVPRGEIFGLLGNPAGK.S K.IVVVTLHDHITDLPHPAFK.I K.AMWHSPPIVLDPTAGVDIELR.Q R.TSGVTLVGGGAPAR.F R.QVDISLGSNAIWTGPGTR.M R.HLYDEANPLDLPFAK.K R.AIDDEALSQUALVNL.R.A K.GATLIGDGPVLT.K.V R.GSLSIDDEGTPTGETVLIEDGILK.G R.RGSLSIDDEGTPTGETVLIEDGILK.G K.SFGGGQVDIVSGK.F R.GGRDDPAELLSR.V K.AGQSVPAVGQPTLLVSLTVGGTA. R.ADALDPLAQK.L K.ADDGELYLQYR.A K.TADYSTDAGFLR.A R.YMYDHLFEEAQWNR.A R.VAAGVTVDDGAMESPVGGGR.R R.RAAETLALLDPAK.Q R.KGTSAFSGR.I R.AVDAPAGEFTVLLGPGWPGVLLHEAVHGLEGDFNR.K R.ATESFGFDDGR.L R.AVSGEMTGFHAASDISADAIR.R R.ATESFGFDDGR.LK.T R.AAETLALLDPAK.Q R.YMYDHLFEEAQWNR.A R.LMGVEPTGNRR.R R.ADGFLATDIRPLVR.L K.FVFSCTEAYK.I R.AGPGQPVVIDFAK.V K.VAAGQVPPNFTSTVPR.I R.SQPADAFITDPDTALAAALFDQVPR.N R.ATRPEEEAIEEGR.N R.GHADAFAFDLSLAR.A R.LLAFWFDR.H R.DLAEHWHQALR.S K.HFDIVDR.F R.VVETLQQSAGTSGIGDGK.I K.IFVLDVGGAVR.I R.VVETLQQSAGTSGIGDGKIFVLDVGGQAVR.I R.EALITGLIAGMTVTEVK.G K.LILAIIKPKF.L R.YTQPADQENNR.T R.LPTPGDAVTDATLGAAGSAGAR.N R.VASDNDGPPQWLGGFYSK.I R.EAFEDETLADIK.I R.GPGTLFGSGSVGTR.Y R.NVAGLSVQNLGPGQSQSVVR.G R.IALTPEPDSLSITPR.I R.NGFGPDSPNADLPYDIK.Q R.DANLQDIPFSINAQTAEDIQK.S R.YGGFINAIGPAGK.E K.IVDGLGATLSVTSYINR.D R.GFTFNAAGFYNDIK.N R.YGGFINAIGPAGKEDVNSGER.Y R.SFVSGGLFANGDNR.T K.SGAVTLEDLSR.N K.GAVWPMGDNALR.A K.FQLTASSEYEWPGDR.A R.SFVSGGLFANGDNRDSTK.S R.LGYTVGQPR.T R.QEIVNLYANQFTTTR.P K.IGVMEGSVEANLNVDDIGGHLK.G R.YITNPK.I R.GVSAGQVVR.D R.ANMYVAASFQHVGR.Y K.VTADGFNRQEIVNLYANQFTTTR.P K.QFAIFGEISYDLNDALTATAGGR.Y R.AGEDVGAIVEAAK.A R.STHLWALAR.A R.AASLTSVODAFDTR.Q R.LLRLLDADFVPR.L R.DGDPAEALMLWAADFAR.A R.GIEHVLQVEDADELKAVYGR.L K.SIAFYSGLFGAAPSVTKPDYAK.W K.NPPVLLDEATSALDSR.T R.FEAIQDTER.I R.IILDQQDISQVQASLR.A R.GPDGNPVAGGTGGR.V R.LDATGVTVVKGDSEAR.G R.VTQAGLVVAPR.M R.VTGTFTVPER.K R.LITHWGNVELR.Q R.AGCTDVRWLDATGGVTVVK.G R.ADRVLAGNVR.V R.LVIDLNSGR.A R.LDASNVAVDLNTR.R K.GQPFALLAGSAVQK.S R.LIGTGVEGALNIGQFSANALSADLDRK.I R.FRRSSYDAPVLLK.A K.QQSSDWGAELSEAQR.D R.AALDLAGWPEVDIFAHS. K.AILADPERLK.L R.DYAAASDVR.F R.FLHAMKELDAR.L R.TELAQACDFLPR.A R.LCLVQISDGSDEHLVR.F R.FDIAALQQALGVVTPVYCTK.I R.ELLGQEVSK.Q R.DDQADAFVHISAVQR.A R.DDFGNFDSFEPAPYGGDSYGGGR.G K.FAANLQPHQD. R.GGGMPAQVVEGQGTVK.F R.DDGEDVHVHISAVEQAGLQGLASQPLAFTLVER.N R.GGGGGGDRGGGFGGGR.G K.RDDFGNDFSFPAPYGGDSYGGGR.G K.IEGEPMPEEFAPR.Q R.GGFAGGDRGGGFGGGR.G R.VAFDIEVDRGK.F R.GGGMPAQVVEGQGTVK.F R.DDGEDVHVHISAVEQAGLQGLASQPLAFTLVERNGK.V K.IEGEPMPEEFAPR.Q R.VAFDIEVDDR.G R.AGMAGLEEDRVAFDIEVDRGK.F R.AGMAGLEEDR.V K.VSAIDLKIEGEMPEEFAPR.Q R.HGSWAASPTIDYGTPLSK.R R.YYDIDPADSASGLPVYDGAGK.K R.GTNFQVDLIR.Q R.DYFAAAGVLSLTPYNGADRR.L K.IDDPPVAALGR.R R.AYDQVHVHIAIQLNLPVR.F R.DSDHPVLHVAITK.K K.APPGPPYQVFGETLAK.L
YP_617359	Sala_2317	hypothetical protein	18.28%	2	
YP_617361	Sala_2319	peptidase U62, modulator of DNA gyrase	66.04%	24	
YP_617362	Sala_2320	hypothetical protein	7.30%	2	
YP_617364	Sala_2322	protein of unknown function DUF924	40.51%	6	
YP_617368	Sala_2326	nitrogen regulatory protein P-II	50.00%	5	
YP_617370	Sala_2328	TonB-dependent receptor	48.85%	26	
YP_617376	Sala_2334	protein of unknown function DUF442	15.97%	2	
YP_617377	Sala_2335	ATP-dependent DNA helicase RecQ	7.93%	3	
YP_617380	Sala_2338	Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxigenase	26.71%	2	
YP_617382	Sala_2340	ABC transporter related	7.45%	3	
YP_617383	Sala_2341	OstA-like protein	53.93%	8	
YP_617384	Sala_2342	hypothetical protein	25.11%	3	
YP_617385	Sala_2343	3'-5' exonuclease	67.32%	10	
YP_617386	Sala_2344	cold-shock DNA-binding domain protein	73.90%	17	
YP_617394	Sala_2352	MitA-interacting MipA	25.00%	5	
YP_617396	Sala_2354	deoxyxylulose-5-phosphate synthase	34.58%	15	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617397	Sala_2355	hypothetical protein	61.87%	7	R.HNSAGVEEAGVRA. R.GLSTSVIDL.R.F R.LPDMFQQQKPKELQYDAAGLNAPQIVDTVLK.A K.TVAISLGLTR.L R.IVAITAAMPSTGTGVDK.F K.RSESEYDFGAAHSSTSSISAALGFAIANK.L K.GYAPAEAAADKYHGQK.F R.SESEYDFGAAHSSTSSISAALGFAIANK.L R.PFAAIVTFLQR.A R.GNSTGVLPVAVPQK.L R.FAKPLDEELIR.R K.FDVTGEQAK.A R.SQVGSPTDQVVDK.G R.SPGEAQIIGSADGAR.A R.SQVGSPTDQVVDKGLVLR.D R.DLAAPEGDRDAQAAPGA. R.PGGESTAEQTLR.A R.QAPLVVPPDFALTPAPGTARPGGESTAEQTLR.A R.QAPLVVPPDFALTPAPGTAR.P K.AGQADAKPSVD. K.WIVTVPLEPK.G R.ESGDPVPAADPALGSR.L R.AAVDFPNSYTR.L R.EAGGLLAASADYK.H R.AWGVPTLVN.R.K R.YLLGALDGFTEER.I R.AYAQHWVDTR.E R.AQELGPDYDAADYER.V R.KGEGDALTAGHPDPPLPEGEGDTR.L.T R.ESGVDAWSDAR.A K.AGLPQKPLILAK.W R.YAAPLVFTSEEVWGR.Y R.SVLDVLFHALVR.Y K.WLEGNLEGR.E K.TGQYLNQVND.R.I R.WHEVNGLDLFGK.A R.KTGQYLNQVND.R.I R.TLAMAADTR.F R.HDGGTHSADLYLEGSDQHR.G K.YREDVWGLGGGQSVNPK.F K.ANGIDVFAVEGDK.Y K.EILAGVADQYR.K K.LNKDEVVEFR.A R.IADVAAMPELER.Y K.EILAGVADQYR.L K.WEVEATSGDK.I K.DRPDWLSR.Q R.IADPLGDTFVHWHVDFVR.V K.YVVAADLYEFR.T R.RWHEVNGLDLFGK.A K.AVLTHTGFTMDAK.G R.DYDADTLR.L K.FAANDMLYR.G R.WAASGAIEPLRR.D R.WAASGAIEPLR.R R.TLAMAADTR.F R.LIGGGDWDHPYLTMDYEAETIVR.E R.LEVHCFHDADLELR.S R.KYVAADLYEFR.T R.IGKELAGVADQYR.K R.IADVAAMPELER.Y R.HLPEVTADGALCNR.C R.GWFQSSLLESCGTR.G R.GAKPVMWSPVEK.T R.GAKPVMWSPVEK.T K.FNAPDGRICDLE.E K.FAANDMLYR.G K.DVLYCDLGAAPLGTDK.R K.AVLTHTGFTMDAK.G R.YPDAGSVHLEWPDLDHLLHR.E R.VGTFPESHK.C R.LRGNTLVEK.W R.KDLYCDLGAAPLGTDK.R R.DYRDTVFLK.T K.SLGTISPIDLMR.D R.LEKWEVVEATSGDK.I R.YGAGVVTGADVFVGK.G R.SGVVTLADHAR.R R.GGVIALGNDFGPHAGQAVGR.A R.FDTAQLVQVTDALIDAGFSDDEIR.A R.DLVGINHVALGSDYDGGATTVR.F R.LKDGHVAVLVAATTK.S R.AEALHQTITVDLHSDSLLWSR.D R.AAASNGTLKPVATTADLALLAAR.R R.AGEAGRPAVSFTLAR.R R.DADWQEEGAEVAVVEALKR.A R.IELTEVLEPAGDAVIDYPPALWR.E R.KTFDSLPAVLEGR.R K.TFDSLPAVLEGR.R R.DADWQEEGAEVAVVEALKR R.LATAADADAADDAIDR.H R.VHNSGHWTEGAVTSQFENHIR.A R.EVLGQEEAR.G R.AVAGPLGSTATLPTVTR.N R.NLIGAEIATVPALLADAAHVHYGK.A R.VHVIAPRESVAADVAHHTRA.A R.HAVLEGVYTFTHFSALYR.G R.FLSGHVAVRPGAALAEIQAQR.L K.LGHVTVWFGVGNTPA. R.MLGQAAAQLGYR.V R.PAPFAAVPDRPALDAGEVGAPAILK.T R.FWDSPVNWHANGILASSLPPR.E R.FVGLGGRAPFAVPPDRPALDAGEVGAPAILK.T K.AGATNAGLFAVALLANADPDLAQK.L R.QADSVAPVREG. R.QADSVAPVREG. K.AGATNAGLFAVALLANADPDLAQKLDARW.A R.VPVLGVPVQSAALSGVDSLSIVQMPPGVPVATFAIGK.A K.AIAGAGAAHLPGVAAVTR.V R.IAVDQFAAVSVDSEDQLR.E R.AAVFVDVNLQK.Y R.NLAEDNKLALLQLR.D K.SAAEADGDJATSGLVGDWADETQQR.I R.ASIRDADAGVDADTMIR.N R.ESGDTTATAIDGAK.A R.MRMJAVLALLVAAR.P R.VYDTSGPYDTPADIDIAQGLPELR.A R.EVRPEDNQLGPRD.S R.NSPVPIGTVPYQALEK.V R.ARGDVEEVAQR.E K.LAAHRAADLAK.G K.VGGIAEELTWEIFR.D R.LDTTQATPIGVTTGPIR.G R.EILLEPSSGEPVVR.V R.DTLIEQAEQGVDFYTHAGVR.L K.LQNQDSAGFIAAEAEK.G K.AYDJASLGDGLRPSADANDEAQFAELYTLGELTR.R K.INANIGNSAVASDVAAEVK.H R.WRDFNLSLDPTAEQYHDQTLPAEGAK.T K.EHLGLPRDDVK.V K.INANIGNSAVASDVAAEVDKMWVSR.W R.WIGADTVMDLSTGR.N R.KIHVASPTGSGIR.V R.ESLYDHFDEIEMK.A R.AIIPSNINHPESEPMIAGR.N R.DGQDWGASIPDYTFEVRDEVAR.G R.AKPGANVSMHYAR.R
YP_617398	Sala_2356	lipoprotein signal peptidase	13.29%	2	
YP_617399	Sala_2357	isoleucyl-tRNA synthetase	56.07%	55	
YP_617400	Sala_2358	riboflavin biosynthesis protein RibF	16.18%	3	
YP_617401	Sala_2359	peptidase M19, renal dipeptidase	27.48%	5	
YP_617402	Sala_2360	Dihydrofolate reductase	45.45%	6	
YP_617403	Sala_2361	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, ATPase subunit	67.31%	13	
YP_617404	Sala_2362	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, catalytic subunit	59.76%	6	
YP_617405	Sala_2363	diguanylate cyclase	14.49%	2	
YP_617408	Sala_2366	Ferritin and Dps	37.75%	3	
YP_617411	Sala_2369	hypothetical protein	21.92%	2	
YP_617412	Sala_2370	thiamine biosynthesis protein ThiC	70.16%	35	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.IHVASPTGSSIR.V R.DQFNLSLDPDPAEQYHDQTLPAEAGK.T K.RVTGIVSR.G K.LIQNDQDAGFAAEAEKGMMAEMSQYVEDTGR.E K.GMAEMSQYVEDTGR.E R.RGIITPEMEYVATR.E R.DGQDQWASIPDYVTFEVR.D K.GHPAAQVRDALS.K.A R.GIITPEMEYVATR.E R.GDVEEVAQR.E R.RAWAQDQVMIEGPHVPMHK.I R.LPVVPLAAK.R K.VGGIAEELTWEIFRDLIEQAEQGVDFYTIHAGVR.L K.INANIGNSAVASDVAEVDKMWWSIR.W
YP_617413	Sala_2371	hypothetical protein	13.19%	2	R.FVDAISDRLEPLWSPGR.A R.TLEPLWSPGR.A K.ANYTAEVLEIGGIVESDPK.F K.AAADALLPAAGDIWEGGR.T R.VAAEFPLGAAWVEK.G R.AAVTLEQQDGGFTTK.S K.VPGIDAEFAR.L R.AGYSQDLETR.A R.VLDAQPYGFATR.F K.SALTLAAKPGIDAEFAR.L K.FTDAVAVAADPAK.V R.IGGEFAQPYMAALK.Q R.DWFAALDTPDAVR.V R.VEQSDVFSVSR.V R.RDEINDPGDATALGNVANFTTSGITAGR.T R.GAVAFDNLVLSVVR.Q R.AAAGPDAGSIASTDR.Y R.VSTVVTATPPVIGQAPAFGTQYDYLGR.R K.LFDLPAGPVGAAGFATR.R R.TLTGIANLFDTPPR.V K.VGADVAVTDWLRL.L K.TGASSYGSDAVGVVNLTR.D K.SESEADVYYR.G R.ATATEILGLGDANWSR.Q R.TGDAYDAR.F R.EGTVQLDSDGEEPPGDLPLAR.S R.VDVALYSR.Q R.TVQDLGVFAGLPELVR.T R.LVAIATDGSQFFGTGETSVR.T R.ISQAGVPR.T R.IGDDDAVAR.W R.FSEDMVALGDPRAAAPATNDCK.R R.FAIDTGGPSAR.A R.FAGPLPQNVDAALILPADVTDQSGR.A R.EGVLSSFVPLK.G R.DGSLAWVTSLATKPVAGAEIR.V R.ASIDVPLSDNLGFR.L K.FAAEFGILEASEGGVLPVTVR.G K.SLDAILATAEK.K K.SLDAILATAEK.S R.GIVEHEDDPAAPPVPPVPSFD. R.ELPGSFSTNDVLGGLR.A K.AVDIPYEFTLDNGLR.V R.VSWIATAPVQADR.T R.LDEJAAALASGPTADELQR.A R.AANDIFGGDFLSR.F R.TNYFETVPTGALDALLFLESDR.M K.HFEIAPVKPQR.I R.IFVVGDTLAEVTK.E R.ATASHLGGTISQLESVGGFGK.A K.RLDEEIAAFASGPTADELQR.A R.YEIEHLFR.G R.PAFSLIYTPGER.T R.QVGATDFNGTFLDR.T K.WFTDNYGNNAVVLVLAGDIDLATAK.A K.APQSVIVAGK.V K.FDRPDYIEK.L K.APVSVVPLPAPLAK.E R.SALGTQSLMLMDEGTTSLDSIAFAEK.E K.GGDELEVR.A R.TQVTNEKDR.V R.IFVVGDTLAEVTKELDR.A R.VLKRALYGDHPGIPPSGLGNEK.A R.LKALNEPR.A K.AVTLAEGALYSNDPAYKVELDR.L K.LPATYEAMTPEAVDAAAR.K K.AVTLAEGALYSNDPAYK.V K.ALSADDLIYVVGDAAVKPKQLDGLGLPVEVSPAN. R.TGDSIKELQSDLK.A K.GVTKELQR.T R.MGHLLGAVTQEK.L R.LGAQTYGYADADETALGLFALKPNLSASLALLADYR.N R.QGDNPPYGLLR.Y R.DQLVAFHSAWIRPDNAR.I R.GHPYHSTIGSMADLDAASLDDVKK.W K.WLSRPAFSLIYTPGER.T K.NGIEVVFAR.R K.LKNGIEVVFAR.R R.KAPVAVSVWYR.V R.SALGTQSLMLMDEGTTSLDSIAFAEAKER.L R.NPAFDAR.E R.MWMTMPLNDPEAVPLQMAMAVLGLSSSR.L R.LLVDRPK.A K.FDRPDYIEKLPATYEAMTPEAVDAAAR.K R.SQFPEVSGLK.A R.SAVPTVNVQVFDAGYAADPR.S R.GASSIADRSQFPEVSGLK.A K.VLDVKGDELEVR.A K.TGFHLEHLMFNGSENAPDDFFEPLR.Q K.APVAVSVWYR.V R.LSALFPVTGEDVVAGVLR.S K.VDYAEALLGVR.A R.ALAQAQALLR.K R.AAMAGQGVPATNFVYADAK.G K.VGFPVLPVPR.T R.LLALDTKDDR.A R.LLIEFASGPIDGAR.L R.HQLKPVLFDPALR.A R.HGDSFIMFVTWDR.G R.GVLGDTSAALWTR.T R.LLLVAGAPSSSLALAEAGGK.A R.LVLADANEVYR.E R.DLANEPANVIYPSFVAR.V R.DDELAALLAAGTASGEELWR.M R.APTGAALVIMTDAALPLDGVALSAPER.Q K.TPPSAAVTLVGANPSTAEAFATR.W R.QAVEAIAAASFDGK.A R.KTTPSAAVTLVGANPSTAEAFATR.W R.AIVNIATLTGSIGALDDR.Y K.TIEMLNDAEGR.L R.GVGAPAAPLAFVKGK.G K.GDMSGAASVGAALS.LAK.S R.LLGMSTLVGGQSPR.G R.AIVNIATLTGSIGALDDRKYAGLFSR.D R.SESASPLVR.G R.QAVEAIAAASFDGKAESTLSLR.G R.AAFAGVPGSIEVLEAAMR.R R.LVGAPPYGVYEGGTLTEAVR.R K.LPAVSGSQAQTPGLDNDAVR.L R.LASLQAEALANLEQQSAELTK.W R.FQPVFVGEPTVEDSISILR.G R.LLALDMGALJAGAK.Y K.AFADAGVSADALNAIAK.L
YP_617414	Sala_2372	sulfotransferase	16.93%	3	
YP_617416	Sala_2374	OsmC-like protein	40.85%	5	
YP_617420	Sala_2378	uracil-DNA glycosylase	19.23%	3	
YP_617421	Sala_2379	TonB-dependent receptor	17.31%	10	
YP_617424	Sala_2382	alpha-2-macroglobulin-like protein	12.31%	15	
YP_617426	Sala_2384	amino acid permease-associated region	6.95%	3	
YP_617429	Sala_2387	peptidase M16-like protein	70.49%	49	
YP_617430	Sala_2388	Penicillin amidase	18.80%	10	
YP_617431	Sala_2389	Leucyl aminopeptidase	47.48%	17	
YP_617433	Sala_2391	ATPase AAA-2	64.49%	44	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.LLDQAEQVAAK.A K.NNPVLIPEGVGK.T K.AAEGEILFIDEMHTLVGAGK.S R.AVAGIDALLAK.L K.YLQDPLADLILK.G K.AGSEYVAVQNILLAMVLPSTPVGK.A R.KVTLDLTDAAR.A K.HVEKDPALQR.R R.LEIVLFLHR.L R.EEVTADIIAAVVS.R.W R.TKNNPVLIGEPVGK.T R.SALEQAQR.A R.ITDGAIVAAATLSHR.Y K.GFLQAAQTIAIR.M R.TADTASAEEDRYDALR.K R.RFQPVFVCEPTVEDSISILR.G K.IKEELDAAR.S K.ESDAASKDR.L K.AGELSYGTIPALEK.R R.VIGQDEAVR.A R.LKGVLDVVK.A K.SEGANDASMLKPARAL.G K.ALLEDSQMAAGLIANSQGDTR.A K.AHGDVFNILLQVLDLDR.L K.AGELSYGTIPALEK.R.L R.DLTVAR.E K.AHGDVFNILLQVLDLDR.LDQGR.T R.TVDFTNTLILISNLGSAIAALPDGAPVEQAEPAVMEVVR.A R.AHRREFLNR.L K.VTLDLTDAAR.A R.TADTASAEDR.Y R.LGQEHMGGVVDIQVAR.V R.LAEAEASGNAMLREEVTADIIAAVVS.R.W R.GELHCGATTLDYRK.H R.FLDDDNAMVR.I K.YLQDPLADLILKGEVR.D K.WQAEKEK.I K.MEETLQR.V R.DSDVPSAASDEGR.K R.LRPGMFAWVTLGDAEPALLVPSEAVIR.T R.VIALPTIQSDSR.T R.DSDVPSAASDEGRK.I K.IVASQFLLDSEASLTGIAVRPLGDAK. R.VGISDFGVNASR.I R.DVPPHVDVTTDLAAPPQFQSLPLR.A R.ADLNLAVGSGIAEWR.R R.LFHSIVHHEAFPIQLEER.F R.ELQAEVLR.R R.ANADLALLEVPGVTR.L R.IVAAPGASEVR.L R.SGAPALTESQVR.E R.NTAVDGSNTIANLER.V K.GWRDPPRLVLGIANTQQDPISGTSTAK.E R.RQDLAGVGPATVSAEQIENGWNIETVLR.L R.FQVGVNDFDR.K K.LPAGPVSAAGVVR.K K.GLVPGLSLTADWFDIK.I R.QFFQETDWTQGTFLGR.G R.AVLNPGQIHFQVGGNGFFEPYSAK.H K.SNOQIATPGLR.N K.HNFNSNPLNAVSPVER.V K.ATDFNAAPGDIGYSTPNFYHNLQVAEIDEK.T R.TDVEGLLSVR.Q R.NLSIAASNPTNPTGQNVLIQR.R R.LVAGGTGANSFDLNMIPVAALAR.T R.SNYDLFSDWYWK.G K.VVLPFGGAPIDDFGFIGGGNGGYPK.W K.GSVDWVINDSFR.L K.GDSDFTADLLWVGR.N R.TDVLKDGASAIYADAMAGVNLVTR.T R.QGITEKGGSDFTADLLWVGR.N R.QDLAGVGPATVSAEQIENGWNIETVLR.L R.GYGLVIAEKDGSVATWSTQWIGK.A K.TSAVNMATR.A K.LSNDWGWIEIAGAFGR.N R.SNWAAYTSLEGLNLDALQFGLAGR.Y R.NPDSFJSTSIPLNTPGGQR.F K.AADSAQRDITIGAELEK.G K.SEGEVFGEIESAEVQALYSR.A R.WDGEAWYGGDINR.L K.EFAPYVGVWAR.K R.DNWTALFSPGER.V R.AIGINTVPPLVR.L K.VLTHYDLVALER.N R.MTVVQADGLNVPTLDEDFQIAVAETYDVIVTPVEDR.A R.MGEPGGLENVGHK.V R.EHVWVLSHQSLSPEAIFR.K R.ALALVEPSGVDPQVKG.G K.TGTLTEGRPSVVAIEVAFEGFEEDLLR.I R.SDSDDEEVALEEVAVGDMLR.I R.LRGIDDEADVLPDQK.S K.VPVDGIVVEGR.G K.AIVLGNANFLEEYVDLGLALAEADR.L R.IGDLDISVLPYAELEQNR.V R.GSSLEIIVHSIAEQR.Q R.ANESAPAHTEGAASGKPR.A K.HGVATTPTFIEGER.I R.GYDVEDWLTRETDFAK.A R.GYDVEDWLTRETDFAK.A R.DIESFSSMFLNYDLAK.R R.ANESAPAHTEGAASGK.P R.SRGGYDVEDWLTRETDFAK.A R.DIESFSSMFLNYDLAK.R K.LRDIESFSSMFLNYDLAK.R R.SRGGYDVEDWLTRETDFAK.A R.EETDAFAK.A R.APIGGVVQTLNAR.A R.AGVTLASGQTLAEISGLGTVWNAALPEAQAGLVK.I R.VALPATAAOSR.T R.LAPGDVIGAGAPJAEQLPEWGSQAQTEYLSVK.K K.SDAPTETASGGR.K K.IGQPATANLAFPEGAFTGR.V K.GTATVTAIDSAK.G K.VGDKVAFELDWNGK.A K.VAFELDWNGK.A K.HGKGTATVTAIDSAK.G K.AGTITKLDK.A R.TKDFEAVPVVLDGR.A R.IAITAPISGVVIAR.S K.LVPAIALLDNR.A K.LLLAATPLFLAAGGGETAKPADEHGEAEAGHDEGK.I R.AGVPTLDQVAVTR.T R.LAALDSLTELAEALER.N K.LLEPTAVDQVPGK.G R.YHGGAEASAPPPK.G R.VAADGSDDEIDLSEVVVGDVLR.V K.TGTLTAGKPSVVAIEVAFEGFEEDLLR.I R.TSEHPLAQATVQAAEQR.G R.RLDIADVEADVLPDQK.S R.AADGSVAVYFAAAVITVLLVQLLELRAR.E R.IFQEEIFGVLVSTFTK.T K.TVDEIAIANDTAYGLGAGVWTR.N K.SPNIFMADVLDEDAFFDK.A R.TVQQAIAANR.I R.TADVPLAIDHFR.Y R.GYFVQPTVFLGENR.M K.NLLVSYDEHALGLF.
YP_617436	Sala_2394	Secretion protein HlyD	20.24%	5	
YP_617439	Sala_2397	hypothetical protein	11.99%	3	
YP_617449	Sala_2408	transcriptional regulator, histidine utilization repressor, GntR family	17.29%	3	
YP_617451	Sala_2410	uncharacterized conserved secreted or membrane protein	11.11%	2	
YP_617452	Sala_2411	TonB-dependent receptor	47.39%	24	
YP_617458	Sala_2417	TonB-dependent receptor, plug	7.78%	3	
YP_617462	Sala_2421	copper resistance B precursor	11.66%	3	
YP_617463	Sala_2422	Copper-resistance protein CopA	18.21%	6	
YP_617470	Sala_2429	Copper-translocating P-type ATPase	15.01%	6	
YP_617473	Sala_2432	hypothetical protein	7.76%	2	
YP_617476	Sala_2436	glutaredoxin	25.09%	11	
YP_617480	Sala_2440	Secretion protein HlyD	30.64%	6	
YP_617482	Sala_2442	putative copper efflux system periplasmic protein CusF	31.15%	5	
YP_617488	Sala_2448	secretion protein HlyD	20.42%	4	
YP_617489	Sala_2449	Heavy metal efflux pump CzcA	2.88%	2	
YP_617493	Sala_2453	Heavy metal translocating P-type ATPase	18.30%	7	
YP_617494	Sala_2454	Aldehyde dehydrogenase (NAD+)	38.54%	12	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.WSPPAAGEYFADTSPINGALIAEFALSTPEDVER.A R.ALPGGELDRGYFVQPTVFLGENR.M R.AEEGGAISTIDADTIAHYFR.E K.VSFTGETVTKG.Q K.ALEGFTLFAFNK.G R.EFGKPLVIEEAPITVPGQQLVK.V R.LDLEALAFAGEGK.V R.GSIVGTRLDLLEALAFAGEGK.V K.VHATVHAEKLENDIVFAR.M K.ATEAKPGEWVWVSCIGSLGHMAVQYAR.A K.QAIDGAQGVLVTAVSPK.A K.ASLELAIDR.G R.IAFAAGLGR.S R.LIHLVDDEFAIRK.S R.ATEEAEQVR.I R.SYTIASSPTQRAVVELTVK.R R.QSPFFSQLPALPDDAAR.Q R.AAAHAETATEQJAAVR.N K.REEQGAVSR.H K.ANGYLACQAKGSGK.P K.ADGAEVGQTLVYVR.N R.VGQVTIDHYDDHFAVHTIAEGK.L K.GNVAFHR.K R.VLDLDAAGQLVASVLSK.K R.ACELAGALIELAGR.A R.IDDALIALSSLMTSVVTAR.R K.AQVALVGVSGEILR.I R.NFILLDPDLGHR.L R.LTDAGLVTR.E R.IAQQLITETGQHDR.D R.HRGLVFPDGLPVAR.I K.VYVVAQAPTINR.Y R.TPTLANPSGNIAPAR.L R.LYDLGTGLPTGGPSR.I R.YDGLDAQVDPWILASANLNLR.A R.GGATSGELLADQPSVR.F R.APSPVQVLFGENENSTSYEVGK.G K.TDDEQAPTQDR.V R.DLIATSQQNFAEALAEYK.A R.STDIVAHAPTLPADLVAAAGAGDQR.L K.ALVDPAAELFK.G R.GYLDVSNAPLAADPGTK.F K.SLVGLMAAAVQDR.L K.GSDANPAYGLTWLPR.A K.FOYGPAPMQIIEIIR.R R.VPQVTAIVSAAK.T K.TSTAJIAJATTNAGVPSR.V K.THTATVYDDAK.T R.IVATGTRPAVPAIPGLPDVDALDSTTALDLTELPSK.S R.APNVEDLGLIEAGVK.Q K.VIAEKDSLVSGLR.Q R.GVYAAAGDVTGR.D R.NGVAEITVAER.L K.TAEGGTALTCLR.N R.YDNSAMPVAVFSDPQVAVSFGFTEAQIAAGYATR.T K.YADLLPLNINIAHHEGTAR.L K.LLGAHILAPEGADSIQTAAMAIR.C R.TSTLLENVPR.A R.LVNGVEAGGR.R R.LLDPEPEFGAALTDYLSSEGTIVLDLQYSAHK.T R.AGVDTVTLVFR.S R.KLLGAHILAPEGADSIQTAAMAIR.C R.GVYAAAGDVTGRDQFVYMAAGAK.I R.IAGPLGLPETVLVPLVR.H K.SLQATIDQNAQPAK.L R.GSWAYWHLAGLGGHSLDASLYSDR.T R.AYSKPTLTYQIAHLR.A R.ANGMIVADEPAEAWLR.H R.IEGADLLWAAHVEELGR.A K.TLHTPVNFVHTLQEVNDGLAHGR.Y K.TGTLTGKSPVTNVAEGFDENEILR.L R.DJAVPEVSDPDSPTGK.G K.VPVDVIEEGR.S R.FLEESGVTDALSDQADSLRR.D R.RLGDIEVEAEVLPDQK.S R.ASEHPLALAVVAAAQER.D R.ALLNAPK.T R.IEKVDTLVDK.T R.VRPGKVPVDAIVEEGR.S R.SALDESMVTGESMPVTK.S R.LSEATMSNIR.Q K.SIGDHVIGGTLNQSGALVVR.A K.GDLNGIARAR.R K.AAGVTLDHSPPEAK.W K.DGSGEVTAIQK.Q K.ARPELDSVK.V K.TESDETTAANSATEAAPDK.G K.VAFDLALKDGSGEVTAIQK.Q K.GNGVTIADKAGVTLDHSGPIPEAK.W K.GNGVTIADK.A R.VGEPVTTISQLQSGSAALLVPQSAVQTVVEGR.S K.AELGKGEAEHGH. R.VSPEQDLIAR.T R.VDFVSPILDEATR.L R.LAQQVSAAGGGGALNR.I R.IAIAAPLSGQVVAR.S R.TAQDWIVAPLLK.N R.LAALGLNLTDLAR.A R.ALEENNVGVGAGVDR.G R.VEQTEGLPMLDIR.P R.LGITAQTVQDTSIAIGGR.D R.DAAQJAAAR.T R.AGETLAVQSR.D R.ADYEQAQAEAAATAEAR.R R.GVPPVTVQIANVK.I R.DAGSFVQEAQAK.I K.LVNATVGTVER.N R.TVQDWIVSPQK.A R.IVAQDVSAKL. K.AVPQVAGVDSIGGYAK.T K.ANLAVGANFFNR.G K.AAGGQLGQLYESQPIELR.F R.LKALGIQR.M R.LDIPLLPEIEEADRCIGR.L K.TGTLTEGRR.I K.GAGAALTEK.Y K.TPVNFIVHTLQEVNDGLAHGR.Y R.ISTEQLEWLAAR.V R.LTALEQDVAR.E R.LKDAFLMHQATER.L R.VVQIFEEFDALALATHQWK.K R.TGLDHLPAQK.R R.LTALEQDVAREGS. K.EYFDEWMPAASGMLETAK.F R.FLDWFETAAPDPVLK.A R.WSDQQLAQPLAAR.H R.EGRNPTSTGETIQAASK.K R.NPSTGETIQAASK.K R.NPSTGETIQAASK.L R.KYVDGFAAIAADAAK.G K.YVDGFAAIAADAAK.G R.AALSPYGGLLTFLGASAR.G R.LKPVLLAFAGPTLTGDFVPEFAAIDPIGAR.L R.TSQALPYLVAWLQR.D R.LGKDEWEIGASCDPVAVGAFVALEK.A R.GATYESSQVLEGLASGLDQK.A R.EALVQADAVSDILLADAMAAMAR.L
YP_617495	Sala_2455	Alcohol dehydrogenase GroES-like protein	31.67%	6	
YP_617500	Sala_2460	two component transcriptional regulator, LuxR family	19.52%	4	
YP_617508	Sala_2468	Oxidoreductase FAD-binding region	12.48%	5	
YP_617511	Sala_2471	hypothetical protein	37.50%	3	
YP_617513	Sala_2473	Pyrimidine nucleoside phosphorylase-like protein	6.03%	2	
YP_617527	Sala_2487	hypothetical protein	30.00%	2	
YP_617528	Sala_2488	DNA repair protein RadC	5.93%	2	
YP_617530	Sala_2490	Type IV secretory pathway VirD4 components-like protein	4.61%	2	
YP_617545	Sala_2505	TonB-dependent receptor	13.79%	6	
YP_617547	Sala_2507	transcriptional regulator, GntR family	11.65%	2	
YP_617548	Sala_2508	beta-lactamase	30.06%	6	
YP_617551	Sala_2511	Mercuric transport protein periplasmic component	42.42%	3	
YP_617552	Sala_2512	Mercuric reductase MerA	53.03%	15	
YP_617554	Sala_2514	Abi-like protein	30.26%	5	
YP_617555	Sala_2515	hypothetical protein	13.64%	2	
YP_617583	Sala_2544	Heavy metal translocating P-type ATPase	24.14%	13	
YP_617590	Sala_2551	hypothetical protein	63.24%	7	
YP_617607	Sala_2568	Secretion protein HlyD	25.71%	6	
YP_617608	Sala_2569	Heavy metal efflux pump CzcA	6.77%	5	
YP_617617	Sala_2578	secretion protein HlyD	9.87%	3	
YP_617618	Sala_2579	Heavy metal efflux pump CzcA	9.71%	8	
YP_617621	Sala_2582	Heavy metal translocating P-type ATPase	5.66%	4	
YP_617634	Sala_2595	hypothetical protein	35.16%	8	
YP_617655	Sala_2616	filamentation induced by cAMP protein Fic	7.88%	2	
YP_617671	Sala_2632	histone-like DNA-binding protein	52.75%	5	
YP_617673	Sala_2635	hypothetical protein	19.66%	6	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617675	Sala_2637	helicase-like protein	10.80%	12	R.LSATPVSVGLQFFPATER.V R.SLLLEAVPTLVR.R R.LLDPGGATNVSQTFGR.R R.NLFSLSLPEVR.V R.LSSATDDGGTIVTAGTGGSK.T R.IPPDLFTTTEILNQR.L R.IELKDKQFAEAFR.M R.QLFFNK.P R.LVADAGEAR.L R.GVQJATTER.L R.ASLSTTIQTSMLLPR.L K.LTQLVQDAATIDDLR.S R.AAFQAEVLSALGQVQFR.V K.NSAAEAEQFGR.A R.SEVATFGASLPADPK.A R.AAANSEALLSFTSEVQTWLESR.N K.AAIALDLTVSQHEAAWNTLAASDIPSSVAFIR.A K.LVIPGTLVQETAALQVLR.A K.EDLLIEQWIGGQLDQSIANNLR.L R.RGAVDAGTALVAAQAFDVTDDNIGATSSQLDAK.H R.EAVADAGIGTSTTGR.V R.GAVDAGTALVAAQAFDVTDDNIGATSSQLDAK.H R.NVASKEDLLIEQWIGGQLDQSIANNLR.L R.DAIDLIELDPAVHLPLAIR.I R.AAFEVPEIPGADAKTQPTDPTLEAPQR.N R.LAAIFPVFETGSVR.Q R.GGDDDGESTTTLFNTLAEAR.R R.AIESALPAIFSEGNDLPIEQFMTR.L K.LAFVSDLPALASR.L R.LLVSYDPGELAR.N K.VITLGPQPFMDRVLK.F R.QTLSEQPAVLDAITAATLAAADLQR.R R.SAAVDSLVGDGPGVPLLAAR.Y R.SISDVQLDDDFETR.A R.LLLESDPDSAGVLR.Q R.ISDYLQENGLVTEVR.F R.IVELNPAWAAR.L R.LGPDHKLDSVLGQVSETALTR.D R.NLLFFTLAALASR.R K.LDLSVLGQVSETALTR.D R.TIAVPVGVSDALETQR.E R.AGIVTDNALLIETMK.A R.AEQAGGTSVFAFFLYGADINR.V R.AAWIVDQQR.S R.RAVWISVSDR.L R.LTVIDK.L K.AMGLISEIVSWK.L R.DAAADNLLHIAADRQWEGGAR.A R.AVEIAPLLEMGENVLAEGDGR.A R.ATSIFQJAEIAPDAAAAGGLLR.A R.FDLAAAQIGVQR.D R.FIASQFVQSIPTVYVAFQGPVANLTNR.S R.AMLLAGDVAQAQVLDLPAEMADDPATAQAK.L K.AMLDQLLAQLPIESATK.D K.AMLDQLLAQLPIESATK.DR.A K.LLALFEAVGLEDAWVSAQR.R K.VAADYADRGVVLAK.V K.VAADYADR.G R.DAAADNLLHIAADR.D K.AMLDQLLAQLPIESATK.DR.A K.DRAVEIAPLLEMGENVLAEGDGR.A K.AMLDQLLAQLPIESATK.D K.QALLEATPIDAR.A R.QGYVVDWDSVGLDDATLVNGIAQVAFDAAAQ.Q R.AELVQLMVFGR.F R.YSAMVQVLR.D R.FDSDDGRATLQ. R.LAAPLLVAEGR.R R.LGLDLGDAALLAR.Y R.VALVGDAAGHPIAGQGLNLGLR.D R.DVAALTEVLVEGAR.L R.GLDNLMVSLATDGLTR.L R.RFFMDEARGEAGALPR.L K.VGDGAPDSGR.G R.GQGRPDYVESVTEDEPDDGGFALEGAPAGDSDAER.M R.VSNLADDIAR.N R.LLESVLEDFQVK.G R.TILGEAQAQLLKG.G R.ESVVLHEIIGSALFQDHGGSPLIILGN.K R.IHGPFVSDEVR.A R.TVIGIELPNAHR.E R.PAGQIDKAALER.N R.DVITDQYQQR. R.FWVAVADSAPR.W R.GWVALDSQNNR.T K.NSPLGALLDPRDLAK.Y K.GVPMMLVGDGSR.L R.LTVIDYVR.Q R.LRGWVALDSQNNR.T K.ASDTMTADPVTQDR.N K.NSPLGALLDPRR.D R.QVQSWPVK.N R.TRIDLSNQR.F R.TSIASWNINSVR.A K.ALLVDVSHPTPIEVETLAR.L R.KYDWQANGEAR.H R.LQAASDWDLGR.H R.LDNVYIPAGGDIPDREINPK.F R.HIGVTLPSGVR.L R.SWERSPDHVPILTEFAF. R.MTDWSSGGLNGTPTVLTGDFNVAPLASDVWNHK.A R.AKDWASNR.G K.YDWQANGEAR.H K.AMFEALGYGHVTHGQR.M R.LASAADTVAALAJADPALDLANPLK.GPFR.T R.AVALQDQGYDVTANLR.L R.AHDVATLLDPAAR.L R.LPWAASETAEIVAFR.S R.LASAADTVAALAJADPALDLANPLK.G R.HAGLLPAFFVR.A R.TILVDDEKLATQGLQLR.L R.AFEAQVADVLKPVPEPR.L R.LEAHPDVEVDTAQNGR.E R.STVNLVSQVK.Q K.TVLAEVAPEAVEEFSEHAAEAPTADRYEK.M R.VDVSIER.I R.SYRDVVAR.F R.LPILLSLQPLIENAIK.Y R.ITVSDTGAGLSGDRDPTTGVAESTGVGLANIR.D R.YTLANEPTAQVTLAQEITLK.L R.TDPTTGVATESTGVGLANIR.D R.ARLPILLSLQPLIENAIK.Y R.AAFNGVHHEEFQQLNIAR.N K.GIDLPAIALR.Q K.WGAGVPSTPVLVDAR.D R.SELQPLGQAR.V K.HRSELQPLGQAR.V R.WQEDSEGGNAR.L R.DLIEILEQTHDPELLENTR.I R.HVSFEQVTIIAFR.I K.QGSGPDQAGWIR.D R.TQLVNGDTEVILSSDKQTPQPAWLGFVATGK.A R.ELLSAAGIEAEVSGR.E R.ELPEAYATIGR.L R.ASDSVVQAEER.L K.IEAQTENER.A K.GATPVDFAVAVHTGLGDR.T
YP_617676	Sala_2638	hypothetical protein	43.46%	5	
YP_617677	Sala_2639	hypothetical protein	14.81%	8	
YP_617678	Sala_2640	hypothetical protein	19.34%	3	
YP_617679	Sala_2641	helicase-like protein	5.17%	3	
YP_617680	Sala_2642	type III restriction enzyme, res subunit	8.91%	5	
YP_617681	Sala_2643	ExsB	19.92%	4	
YP_617686	Sala_2648	hypothetical protein	16.89%	4	
YP_617690	Sala_2652	probably methylase/helicase	2.01%	3	
YP_617703	Sala_2665	thioredoxin-related	65.35%	15	
YP_617704	Sala_2666	peptidase S16, lon-like protein	37.04%	5	
YP_617706	Sala_2668	Ubiquinone biosynthesis hydroxylase, UbiH/UbiF/VisC/COQ6 family	25.18%	7	
YP_617707	Sala_2669	cell divisionFtsK/SpoIIIE	18.31%	9	
YP_617708	Sala_2670	outer membrane lipoprotein carrier protein LolA	44.66%	10	
YP_617709	Sala_2671	exodeoxyribonuclease III (xth)	60.23%	11	
YP_617710	Sala_2672	GTP cyclohydrolase II	28.33%	6	
YP_617711	Sala_2673	response regulator receiver protein	40.30%	7	
YP_617712	Sala_2674	signal transduction histidine kinase, LytS	19.25%	5	
YP_617713	Sala_2675	transcriptional regulator, HxIR family	34.30%	5	
YP_617715	Sala_2677	(p)ppGpp synthetase I, SpoT/RelA	23.57%	11	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617729	Sala_2691	hypothetical protein	23.50%	4	K.FLLAMSDDIR.V K.AAGGLPAHGNQR.S R.ANDVAEIVR.A R.LIYSYSTLNKDKGQYAYGR.V R.NITTFMAWNLMLHAR.L
YP_617730	Sala_2692	transcriptional regulator, TetR family	19.17%	3	K.RFDVGETLRA.A R.GYEATSMQDLVAATGVNR.A R.GHTLQELAR.V
YP_617732	Sala_2694	Alkylhydroperoxidase AhpD core	41.36%	8	R.SEQGGFTPVEQEVLLAISR.V R.ADDADPAVSGPLQAAQK.A K.IISNYSNHIFHTEVDPAFAGR.A R.ADQPIADAK.L R.RADDADPAVSGPLQAAQK.A K.VPTEVTDAIR.A K.FRSEGGFTPVEQEVLLAISR.V K.VPTEVTDAIRADQPADAK.L R.LAPGETASGAHAER.S R.IDPLAEGEAER.A R.FALAEALGLVR.S K.GGGDDYDNPVAPR.L R.RHVISAVGYLPLK.G R.NVQIVDAPALGTVAIVTGNQVYLGSLR.L R.IFGTQQLDNGDASFGENFVGNSDRYGAAR.N R.VIWPITTFIDPEVAR.V R.VGLSEAEAEVK.G R.IVILGGGPIGSELSQAFAR.L R.AIADSATTGVK.V R.AVGLTLVAR.L K.KIGANDESAEAFGSR.V R.TGVSISAQPDVTR.A R.LISSYGPALDR.R R.IGAVPVVDGDAVGVIFSER.D R.AVADLLAQNR.I R.SGPAQAVLQTAAGYELR.C R.DAALLSPASLLDQSLGR.V K.TLLVAGTSPASGAVSPR.Y R.EQLGDYLYPLAER.T R.AGTRPATLSYLTNGLWAAVYVSLYDEK.A K.QVSLDVSQVPAQK.I K.GGLGALPAGTVR.F R.SNAQGEAVITVINGGQSLVQDIR.Q R.AQPVTLDLIQR.G K.IVEFTVGGFDMTEPASAASVIK.F R.RAGTETAPR.E R.GDPQFIGNENIGHTPMSEGLATGLAFDVK.V K.AVGETVTLK.L R.TAEVGDADDEAAVAPR.R R.VLTYEYLQFADHYFR.V R.SERGDADAGIDTAAALPPAIGR.G R.GVEDFDGHDDTDVDTGGDDGDNNGDER.S R.DQESAEAPR.A R.GGVQDQNR.I R.TAEVGDADDEAAVAPR.P R.LAVGPGALIPRDSSETLAAAVQHFGAAGPR.H R.GLGDASDVALGYAR.A R.ANAIALGLADR.V R.ITHIPTGLVVIQQDQR.S R.MATGDMAADPVAASK.E R.AGTGGDEAALFAGDLLR.M K.AMAVEIAAEVAALPAEHDALQLLPK.D K.EFALEPVATAAR.E R.YADTQGWK.V R.LPEILEGAMDELIDALIAEDQAQR.L R.IHTSAATVAVLPEAEEDVAINDSDLK.I K.EVVASVSGQVFAK.L R.SGETTDVSK.E R.QFHQLDAEVLGSDPLADAEVLVFDQLLK.E R.YDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.LGAQGTVLGGGR.Y K.ELGIAEIVTLNLTLDGAESR.D K.RVEVPIEPTAVFAR.S R.NDQTLNLR.S R.HTAFEPVTR.L R.GGESVTLRPEFTAGIAR.A R.GELSEDSLAR.L R.AYITNGWQYAPLK.V R.VEVPIEPTAVFAR.S R.SAPGTPEHQALLDILESLLK. R.LGAQGTVLGGGRYDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.DRPIADSAVDIAFLTGEAQDFGAVTAGLDAAGVAWER.N R.GTQDMLGDFADR.F R.AGFSTEMVATGSPK.K R.SVEDTLDPIAAR.K R.NIPVQLDYLTPGWTGVAALDGLK.T K.VADTPDGFDR.L R.IVAVDGVAYGK.E K.LTLLYPQWLPKG.H R.YSYAPTNYEVLIDSPMFAGR.H K.NVDTLSHGLTIDKDIAGNILLWDGPAPR.A R.QPFDYAFDIDVPAGTK.S K.WDENDEWER.G K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R R.TVEIAYHGGLR.W R.MQASGRPAPTGGIER.A R.GAIAEMAGFTASAGK.P R.EGEGWQVYDFGDVVAALNAVHAYDWER.F K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R.W R.KWDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.HAALVAEAVAFGSRPDR.Y R.HAALVAEAVAFGSR.P R.VVVTAMMNLQWEQVSLYPAGWFR.N R.VDATDVAR.G R.GLLPHLHSHWNGK.Y K.WDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.WRSVEDTLDPIAAR.K K.SIEVAFDLSPTR.S K.GAALNAVQIAELLGR.R R.QIPVGEKDVQK.F R.VPVVGHSEAINIETEKELSAEDAQR.I R.SQDGTIEIGDSGK.T R.RVVSTYQSVSGAGK.A R.IVAGATGNVGR.E R.VVSTYQSVSGAGK.A R.KGAALNAVQIAELLGR.R R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R K.FLDGSGTKEEWK.M R.EVLAIAEREFYDELAASVSPR.S R.EVLAIAER.E K.AGMDELWNQTR.Q R.EFFYDELAASVSPR.S R.VPVVGHSEAINIETEK.E R.EAPGVVLDHKE K.QJAFNVPHDK.F K.GAALNAVQIAELLGR.H R.VREDPTVENGLNLCVSDNLRK.G R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R R.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.ELSAEDAQR.I K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A K.AGMDELWNQTR.Q K.AAAAGCVIDNSSLYR.M R.NIIANPNCSTAQMVALKPLHDAATR.R K.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A R.VFPLYSPNIDSITVVR.K .MNLQITAEIEIAK.A K.DIPTRPGDTLK.V
YP_617733	Sala_2695	Uncharacterized peroxidase-related	12.87%	2	R.VPTEVTDAIRADQPADAK.L R.LAPGETASGAHAER.S
YP_617736	Sala_2698	TonB-dependent receptor	9.41%	5	R.FALAEALGLVR.S K.GGGDDYDNPVAPR.L R.RHVISAVGYLPLK.G R.NVQIVDAPALGTVAIVTGNQVYLGSLR.L R.IFGTQQLDNGDASFGENFVGNSDRYGAAR.N R.VIWPITTFIDPEVAR.V R.VGLSEAEAEVK.G R.IVILGGGPIGSELSQAFAR.L R.AIADSATTGVK.V R.AVGLTLVAR.L K.KIGANDESAEAFGSR.V R.TGVSISAQPDVTR.A R.LISSYGPALDR.R R.IGAVPVVDGDAVGVIFSER.D R.AVADLLAQNR.I R.SGPAQAVLQTAAGYELR.C R.DAALLSPASLLDQSLGR.V K.TLLVAGTSPASGAVSPR.Y R.EQLGDYLYPLAER.T R.AGTRPATLSYLTNGLWAAVYVSLYDEK.A K.QVSLDVSQVPAQK.I K.GGLGALPAGTVR.F R.SNAQGEAVITVINGGQSLVQDIR.Q R.AQPVTLDLIQR.G K.IVEFTVGGFDMTEPASAASVIK.F R.RAGTETAPR.E R.GDPQFIGNENIGHTPMSEGLATGLAFDVK.V K.AVGETVTLK.L R.TAEVGDADDEAAVAPR.R R.VLTYEYLQFADHYFR.V R.SERGDADAGIDTAAALPPAIGR.G R.GVEDFDGHDDTDVDTGGDDGDNNGDER.S R.DQESAEAPR.A R.GGVQDQNR.I R.TAEVGDADDEAAVAPR.P R.LAVGPGALIPRDSSETLAAAVQHFGAAGPR.H R.GLGDASDVALGYAR.A R.ANAIALGLADR.V R.ITHIPTGLVVIQQDQR.S R.MATGDMAADPVAASK.E R.AGTGGDEAALFAGDLLR.M K.AMAVEIAAEVAALPAEHDALQLLPK.D K.EFALEPVATAAR.E R.YADTQGWK.V R.LPEILEGAMDELIDALIAEDQAQR.L R.IHTSAATVAVLPEAEEDVAINDSDLK.I K.EVVASVSGQVFAK.L R.SGETTDVSK.E R.QFHQLDAEVLGSDPLADAEVLVFDQLLK.E R.YDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.LGAQGTVLGGGR.Y K.ELGIAEIVTLNLTLDGAESR.D K.RVEVPIEPTAVFAR.S R.NDQTLNLR.S R.HTAFEPVTR.L R.GGESVTLRPEFTAGIAR.A R.GELSEDSLAR.L R.AYITNGWQYAPLK.V R.VEVPIEPTAVFAR.S R.SAPGTPEHQALLDILESLLK. R.LGAQGTVLGGGRYDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.DRPIADSAVDIAFLTGEAQDFGAVTAGLDAAGVAWER.N R.GTQDMLGDFADR.F R.AGFSTEMVATGSPK.K R.SVEDTLDPIAAR.K R.NIPVQLDYLTPGWTGVAALDGLK.T K.VADTPDGFDR.L R.IVAVDGVAYGK.E K.LTLLYPQWLPKG.H R.YSYAPTNYEVLIDSPMFAGR.H K.NVDTLSHGLTIDKDIAGNILLWDGPAPR.A R.QPFDYAFDIDVPAGTK.S K.WDENDEWER.G K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R R.TVEIAYHGGLR.W R.MQASGRPAPTGGIER.A R.GAIAEMAGFTASAGK.P R.EGEGWQVYDFGDVVAALNAVHAYDWER.F K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R.W R.KWDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.HAALVAEAVAFGSRPDR.Y R.HAALVAEAVAFGSR.P R.VVVTAMMNLQWEQVSLYPAGWFR.N R.VDATDVAR.G R.GLLPHLHSHWNGK.Y K.WDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.WRSVEDTLDPIAAR.K K.SIEVAFDLSPTR.S K.GAALNAVQIAELLGR.R R.QIPVGEKDVQK.F R.VPVVGHSEAINIETEKELSAEDAQR.I R.SQDGTIEIGDSGK.T R.RVVSTYQSVSGAGK.A R.IVAGATGNVGR.E R.VVSTYQSVSGAGK.A R.KGAALNAVQIAELLGR.R R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R K.FLDGSGTKEEWK.M R.EVLAIAEREFYDELAASVSPR.S R.EVLAIAER.E K.AGMDELWNQTR.Q R.EFFYDELAASVSPR.S R.VPVVGHSEAINIETEK.E R.EAPGVVLDHKE K.QJAFNVPHDK.F K.GAALNAVQIAELLGR.H R.VREDPTVENGLNLCVSDNLRK.G R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R R.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.ELSAEDAQR.I K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A K.AGMDELWNQTR.Q K.AAAAGCVIDNSSLYR.M R.NIIANPNCSTAQMVALKPLHDAATR.R K.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A R.VFPLYSPNIDSITVVR.K .MNLQITAEIEIAK.A K.DIPTRPGDTLK.V
YP_617739	Sala_2701	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase dimerisation region	7.81%	4	R.VIWPITTFIDPEVAR.V R.VGLSEAEAEVK.G R.IVILGGGPIGSELSQAFAR.L R.AIADSATTGVK.V R.AVGLTLVAR.L K.KIGANDESAEAFGSR.V R.TGVSISAQPDVTR.A R.LISSYGPALDR.R R.IGAVPVVDGDAVGVIFSER.D R.AVADLLAQNR.I R.SGPAQAVLQTAAGYELR.C R.DAALLSPASLLDQSLGR.V K.TLLVAGTSPASGAVSPR.Y R.EQLGDYLYPLAER.T R.AGTRPATLSYLTNGLWAAVYVSLYDEK.A K.QVSLDVSQVPAQK.I K.GGLGALPAGTVR.F R.SNAQGEAVITVINGGQSLVQDIR.Q R.AQPVTLDLIQR.G K.IVEFTVGGFDMTEPASAASVIK.F R.RAGTETAPR.E R.GDPQFIGNENIGHTPMSEGLATGLAFDVK.V K.AVGETVTLK.L R.TAEVGDADDEAAVAPR.R R.VLTYEYLQFADHYFR.V R.SERGDADAGIDTAAALPPAIGR.G R.GVEDFDGHDDTDVDTGGDDGDNNGDER.S R.DQESAEAPR.A R.GGVQDQNR.I R.TAEVGDADDEAAVAPR.P R.LAVGPGALIPRDSSETLAAAVQHFGAAGPR.H R.GLGDASDVALGYAR.A R.ANAIALGLADR.V R.ITHIPTGLVVIQQDQR.S R.MATGDMAADPVAASK.E R.AGTGGDEAALFAGDLLR.M K.AMAVEIAAEVAALPAEHDALQLLPK.D K.EFALEPVATAAR.E R.YADTQGWK.V R.LPEILEGAMDELIDALIAEDQAQR.L R.IHTSAATVAVLPEAEEDVAINDSDLK.I K.EVVASVSGQVFAK.L R.SGETTDVSK.E R.QFHQLDAEVLGSDPLADAEVLVFDQLLK.E R.YDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.LGAQGTVLGGGR.Y K.ELGIAEIVTLNLTLDGAESR.D K.RVEVPIEPTAVFAR.S R.NDQTLNLR.S R.HTAFEPVTR.L R.GGESVTLRPEFTAGIAR.A R.GELSEDSLAR.L R.AYITNGWQYAPLK.V R.VEVPIEPTAVFAR.S R.SAPGTPEHQALLDILESLLK. R.LGAQGTVLGGGRYDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.DRPIADSAVDIAFLTGEAQDFGAVTAGLDAAGVAWER.N R.GTQDMLGDFADR.F R.AGFSTEMVATGSPK.K R.SVEDTLDPIAAR.K R.NIPVQLDYLTPGWTGVAALDGLK.T K.VADTPDGFDR.L R.IVAVDGVAYGK.E K.LTLLYPQWLPKG.H R.YSYAPTNYEVLIDSPMFAGR.H K.NVDTLSHGLTIDKDIAGNILLWDGPAPR.A R.QPFDYAFDIDVPAGTK.S K.WDENDEWER.G K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R R.TVEIAYHGGLR.W R.MQASGRPAPTGGIER.A R.GAIAEMAGFTASAGK.P R.EGEGWQVYDFGDVVAALNAVHAYDWER.F K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R.W R.KWDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.HAALVAEAVAFGSRPDR.Y R.HAALVAEAVAFGSR.P R.VVVTAMMNLQWEQVSLYPAGWFR.N R.VDATDVAR.G R.GLLPHLHSHWNGK.Y K.WDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.WRSVEDTLDPIAAR.K K.SIEVAFDLSPTR.S K.GAALNAVQIAELLGR.R R.QIPVGEKDVQK.F R.VPVVGHSEAINIETEKELSAEDAQR.I R.SQDGTIEIGDSGK.T R.RVVSTYQSVSGAGK.A R.IVAGATGNVGR.E R.VVSTYQSVSGAGK.A R.KGAALNAVQIAELLGR.R R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R K.FLDGSGTKEEWK.M R.EVLAIAEREFYDELAASVSPR.S R.EVLAIAER.E K.AGMDELWNQTR.Q R.EFFYDELAASVSPR.S R.VPVVGHSEAINIETEK.E R.EAPGVVLDHKE K.QJAFNVPHDK.F K.GAALNAVQIAELLGR.H R.VREDPTVENGLNLCVSDNLRK.G R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R R.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.ELSAEDAQR.I K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A K.AGMDELWNQTR.Q K.AAAAGCVIDNSSLYR.M R.NIIANPNCSTAQMVALKPLHDAATR.R K.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A R.VFPLYSPNIDSITVVR.K .MNLQITAEIEIAK.A K.DIPTRPGDTLK.V
YP_617744	Sala_2706	polysaccharide biosynthesis protein	4.71%	2	R.AVGLTLVAR.L K.KIGANDESAEAFGSR.V R.TGVSISAQPDVTR.A R.LISSYGPALDR.R R.IGAVPVVDGDAVGVIFSER.D R.AVADLLAQNR.I R.SGPAQAVLQTAAGYELR.C R.DAALLSPASLLDQSLGR.V K.TLLVAGTSPASGAVSPR.Y R.EQLGDYLYPLAER.T R.AGTRPATLSYLTNGLWAAVYVSLYDEK.A K.QVSLDVSQVPAQK.I K.GGLGALPAGTVR.F R.SNAQGEAVITVINGGQSLVQDIR.Q R.AQPVTLDLIQR.G K.IVEFTVGGFDMTEPASAASVIK.F R.RAGTETAPR.E R.GDPQFIGNENIGHTPMSEGLATGLAFDVK.V K.AVGETVTLK.L R.TAEVGDADDEAAVAPR.R R.VLTYEYLQFADHYFR.V R.SERGDADAGIDTAAALPPAIGR.G R.GVEDFDGHDDTDVDTGGDDGDNNGDER.S R.DQESAEAPR.A R.GGVQDQNR.I R.TAEVGDADDEAAVAPR.P R.LAVGPGALIPRDSSETLAAAVQHFGAAGPR.H R.GLGDASDVALGYAR.A R.ANAIALGLADR.V R.ITHIPTGLVVIQQDQR.S R.MATGDMAADPVAASK.E R.AGTGGDEAALFAGDLLR.M K.AMAVEIAAEVAALPAEHDALQLLPK.D K.EFALEPVATAAR.E R.YADTQGWK.V R.LPEILEGAMDELIDALIAEDQAQR.L R.IHTSAATVAVLPEAEEDVAINDSDLK.I K.EVVASVSGQVFAK.L R.SGETTDVSK.E R.QFHQLDAEVLGSDPLADAEVLVFDQLLK.E R.YDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.LGAQGTVLGGGR.Y K.ELGIAEIVTLNLTLDGAESR.D K.RVEVPIEPTAVFAR.S R.NDQTLNLR.S R.HTAFEPVTR.L R.GGESVTLRPEFTAGIAR.A R.GELSEDSLAR.L R.AYITNGWQYAPLK.V R.VEVPIEPTAVFAR.S R.SAPGTPEHQALLDILESLLK. R.LGAQGTVLGGGRYDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.DRPIADSAVDIAFLTGEAQDFGAVTAGLDAAGVAWER.N R.GTQDMLGDFADR.F R.AGFSTEMVATGSPK.K R.SVEDTLDPIAAR.K R.NIPVQLDYLTPGWTGVAALDGLK.T K.VADTPDGFDR.L R.IVAVDGVAYGK.E K.LTLLYPQWLPKG.H R.YSYAPTNYEVLIDSPMFAGR.H K.NVDTLSHGLTIDKDIAGNILLWDGPAPR.A R.QPFDYAFDIDVPAGTK.S K.WDENDEWER.G K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R R.TVEIAYHGGLR.W R.MQASGRPAPTGGIER.A R.GAIAEMAGFTASAGK.P R.EGEGWQVYDFGDVVAALNAVHAYDWER.F K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R.W R.KWDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.HAALVAEAVAFGSRPDR.Y R.HAALVAEAVAFGSR.P R.VVVTAMMNLQWEQVSLYPAGWFR.N R.VDATDVAR.G R.GLLPHLHSHWNGK.Y K.WDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.WRSVEDTLDPIAAR.K K.SIEVAFDLSPTR.S K.GAALNAVQIAELLGR.R R.QIPVGEKDVQK.F R.VPVVGHSEAINIETEKELSAEDAQR.I R.SQDGTIEIGDSGK.T R.RVVSTYQSVSGAGK.A R.IVAGATGNVGR.E R.VVSTYQSVSGAGK.A R.KGAALNAVQIAELLGR.R R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R K.FLDGSGTKEEWK.M R.EVLAIAEREFYDELAASVSPR.S R.EVLAIAER.E K.AGMDELWNQTR.Q R.EFFYDELAASVSPR.S R.VPVVGHSEAINIETEK.E R.EAPGVVLDHKE K.QJAFNVPHDK.F K.GAALNAVQIAELLGR.H R.VREDPTVENGLNLCVSDNLRK.G R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R R.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.ELSAEDAQR.I K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A K.AGMDELWNQTR.Q K.AAAAGCVIDNSSLYR.M R.NIIANPNCSTAQMVALKPLHDAATR.R K.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A R.VFPLYSPNIDSITVVR.K .MNLQITAEIEIAK.A K.DIPTRPGDTLK.V
YP_617745	Sala_2707	putative signal-transduction protein with CBS domains	39.01%	4	R.LISSYGPALDR.R R.IGAVPVVDGDAVGVIFSER.D R.AVADLLAQNR.I R.SGPAQAVLQTAAGYELR.C R.DAALLSPASLLDQSLGR.V K.TLLVAGTSPASGAVSPR.Y R.EQLGDYLYPLAER.T R.AGTRPATLSYLTNGLWAAVYVSLYDEK.A K.QVSLDVSQVPAQK.I K.GGLGALPAGTVR.F R.SNAQGEAVITVINGGQSLVQDIR.Q R.AQPVTLDLIQR.G K.IVEFTVGGFDMTEPASAASVIK.F R.RAGTETAPR.E R.GDPQFIGNENIGHTPMSEGLATGLAFDVK.V K.AVGETVTLK.L R.TAEVGDADDEAAVAPR.R R.VLTYEYLQFADHYFR.V R.SERGDADAGIDTAAALPPAIGR.G R.GVEDFDGHDDTDVDTGGDDGDNNGDER.S R.DQESAEAPR.A R.GGVQDQNR.I R.TAEVGDADDEAAVAPR.P R.LAVGPGALIPRDSSETLAAAVQHFGAAGPR.H R.GLGDASDVALGYAR.A R.ANAIALGLADR.V R.ITHIPTGLVVIQQDQR.S R.MATGDMAADPVAASK.E R.AGTGGDEAALFAGDLLR.M K.AMAVEIAAEVAALPAEHDALQLLPK.D K.EFALEPVATAAR.E R.YADTQGWK.V R.LPEILEGAMDELIDALIAEDQAQR.L R.IHTSAATVAVLPEAEEDVAINDSDLK.I K.EVVASVSGQVFAK.L R.SGETTDVSK.E R.QFHQLDAEVLGSDPLADAEVLVFDQLLK.E R.YDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.LGAQGTVLGGGR.Y K.ELGIAEIVTLNLTLDGAESR.D K.RVEVPIEPTAVFAR.S R.NDQTLNLR.S R.HTAFEPVTR.L R.GGESVTLRPEFTAGIAR.A R.GELSEDSLAR.L R.AYITNGWQYAPLK.V R.VEVPIEPTAVFAR.S R.SAPGTPEHQALLDILESLLK. R.LGAQGTVLGGGRYDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.DRPIADSAVDIAFLTGEAQDFGAVTAGLDAAGVAWER.N R.GTQDMLGDFADR.F R.AGFSTEMVATGSPK.K R.SVEDTLDPIAAR.K R.NIPVQLDYLTPGWTGVAALDGLK.T K.VADTPDGFDR.L R.IVAVDGVAYGK.E K.LTLLYPQWLPKG.H R.YSYAPTNYEVLIDSPMFAGR.H K.NVDTLSHGLTIDKDIAGNILLWDGPAPR.A R.QPFDYAFDIDVPAGTK.S K.WDENDEWER.G K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R R.TVEIAYHGGLR.W R.MQASGRPAPTGGIER.A R.GAIAEMAGFTASAGK.P R.EGEGWQVYDFGDVVAALNAVHAYDWER.F K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R.W R.KWDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.HAALVAEAVAFGSRPDR.Y R.HAALVAEAVAFGSR.P R.VVVTAMMNLQWEQVSLYPAGWFR.N R.VDATDVAR.G R.GLLPHLHSHWNGK.Y K.WDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.WRSVEDTLDPIAAR.K K.SIEVAFDLSPTR.S K.GAALNAVQIAELLGR.R R.QIPVGEKDVQK.F R.VPVVGHSEAINIETEKELSAEDAQR.I R.SQDGTIEIGDSGK.T R.RVVSTYQSVSGAGK.A R.IVAGATGNVGR.E R.VVSTYQSVSGAGK.A R.KGAALNAVQIAELLGR.R R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R K.FLDGSGTKEEWK.M R.EVLAIAEREFYDELAASVSPR.S R.EVLAIAER.E K.AGMDELWNQTR.Q R.EFFYDELAASVSPR.S R.VPVVGHSEAINIETEK.E R.EAPGVVLDHKE K.QJAFNVPHDK.F K.GAALNAVQIAELLGR.H R.VREDPTVENGLNLCVSDNLRK.G R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R R.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.ELSAEDAQR.I K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A K.AGMDELWNQTR.Q K.AAAAGCVIDNSSLYR.M R.NIIANPNCSTAQMVALKPLHDAATR.R K.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A R.VFPLYSPNIDSITVVR.K .MNLQITAEIEIAK.A K.DIPTRPGDTLK.V
YP_617748	Sala_2711	hypothetical protein	40.93%	11	R.EQLGDYLYPLAER.T R.AGTRPATLSYLTNGLWAAVYVSLYDEK.A K.QVSLDVSQVPAQK.I K.GGLGALPAGTVR.F R.SNAQGEAVITVINGGQSLVQDIR.Q R.AQPVTLDLIQR.G K.IVEFTVGGFDMTEPASAASVIK.F R.RAGTETAPR.E R.GDPQFIGNENIGHTPMSEGLATGLAFDVK.V K.AVGETVTLK.L R.TAEVGDADDEAAVAPR.R R.VLTYEYLQFADHYFR.V R.SERGDADAGIDTAAALPPAIGR.G R.GVEDFDGHDDTDVDTGGDDGDNNGDER.S R.DQESAEAPR.A R.GGVQDQNR.I R.TAEVGDADDEAAVAPR.P R.LAVGPGALIPRDSSETLAAAVQHFGAAGPR.H R.GLGDASDVALGYAR.A R.ANAIALGLADR.V R.ITHIPTGLVVIQQDQR.S R.MATGDMAADPVAASK.E R.AGTGGDEAALFAGDLLR.M K.AMAVEIAAEVAALPAEHDALQLLPK.D K.EFALEPVATAAR.E R.YADTQGWK.V R.LPEILEGAMDELIDALIAEDQAQR.L R.IHTSAATVAVLPEAEEDVAINDSDLK.I K.EVVASVSGQVFAK.L R.SGETTDVSK.E R.QFHQLDAEVLGSDPLADAEVLVFDQLLK.E R.YDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.LGAQGTVLGGGR.Y K.ELGIAEIVTLNLTLDGAESR.D K.RVEVPIEPTAVFAR.S R.NDQTLNLR.S R.HTAFEPVTR.L R.GGESVTLRPEFTAGIAR.A R.GELSEDSLAR.L R.AYITNGWQYAPLK.V R.VEVPIEPTAVFAR.S R.SAPGTPEHQALLDILESLLK. R.LGAQGTVLGGGRYDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.DRPIADSAVDIAFLTGEAQDFGAVTAGLDAAGVAWER.N R.GTQDMLGDFADR.F R.AGFSTEMVATGSPK.K R.SVEDTLDPIAAR.K R.NIPVQLDYLTPGWTGVAALDGLK.T K.VADTPDGFDR.L R.IVAVDGVAYGK.E K.LTLLYPQWLPKG.H R.YSYAPTNYEVLIDSPMFAGR.H K.NVDTLSHGLTIDKDIAGNILLWDGPAPR.A R.QPFDYAFDIDVPAGTK.S K.WDENDEWER.G K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R R.TVEIAYHGGLR.W R.MQASGRPAPTGGIER.A R.GAIAEMAGFTASAGK.P R.EGEGWQVYDFGDVVAALNAVHAYDWER.F K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R.W R.KWDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.HAALVAEAVAFGSRPDR.Y R.HAALVAEAVAFGSR.P R.VVVTAMMNLQWEQVSLYPAGWFR.N R.VDATDVAR.G R.GLLPHLHSHWNGK.Y K.WDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.WRSVEDTLDPIAAR.K K.SIEVAFDLSPTR.S K.GAALNAVQIAELLGR.R R.QIPVGEKDVQK.F R.VPVVGHSEAINIETEKELSAEDAQR.I R.SQDGTIEIGDSGK.T R.RVVSTYQSVSGAGK.A R.IVAGATGNVGR.E R.VVSTYQSVSGAGK.A R.KGAALNAVQIAELLGR.R R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R K.FLDGSGTKEEWK.M R.EVLAIAEREFYDELAASVSPR.S R.EVLAIAER.E K.AGMDELWNQTR.Q R.EFFYDELAASVSPR.S R.VPVVGHSEAINIETEK.E R.EAPGVVLDHKE K.QJAFNVPHDK.F K.GAALNAVQIAELLGR.H R.VREDPTVENGLNLCVSDNLRK.G R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R R.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.ELSAEDAQR.I K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A K.AGMDELWNQTR.Q K.AAAAGCVIDNSSLYR.M R.NIIANPNCSTAQMVALKPLHDAATR.R K.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A R.VFPLYSPNIDSITVVR.K .MNLQITAEIEIAK.A K.DIPTRPGDTLK.V
YP_617750	Sala_2712	hypothetical protein	35.90%	7	R.TAEVGDADDEAAVAPR.R R.VLTYEYLQFADHYFR.V R.SERGDADAGIDTAAALPPAIGR.G R.GVEDFDGHDDTDVDTGGDDGDNNGDER.S R.DQESAEAPR.A R.GGVQDQNR.I R.TAEVGDADDEAAVAPR.P R.LAVGPGALIPRDSSETLAAAVQHFGAAGPR.H R.GLGDASDVALGYAR.A R.ANAIALGLADR.V R.ITHIPTGLVVIQQDQR.S R.MATGDMAADPVAASK.E R.AGTGGDEAALFAGDLLR.M K.AMAVEIAAEVAALPAEHDALQLLPK.D K.EFALEPVATAAR.E R.YADTQGWK.V R.LPEILEGAMDELIDALIAEDQAQR.L R.IHTSAATVAVLPEAEEDVAINDSDLK.I K.EVVASVSGQVFAK.L R.SGETTDVSK.E R.QFHQLDAEVLGSDPLADAEVLVFDQLLK.E R.YDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.LGAQGTVLGGGR.Y K.ELGIAEIVTLNLTLDGAESR.D K.RVEVPIEPTAVFAR.S R.NDQTLNLR.S R.HTAFEPVTR.L R.GGESVTLRPEFTAGIAR.A R.GELSEDSLAR.L R.AYITNGWQYAPLK.V R.VEVPIEPTAVFAR.S R.SAPGTPEHQALLDILESLLK. R.LGAQGTVLGGGRYDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.DRPIADSAVDIAFLTGEAQDFGAVTAGLDAAGVAWER.N R.GTQDMLGDFADR.F R.AGFSTEMVATGSPK.K R.SVEDTLDPIAAR.K R.NIPVQLDYLTPGWTGVAALDGLK.T K.VADTPDGFDR.L R.IVAVDGVAYGK.E K.LTLLYPQWLPKG.H R.YSYAPTNYEVLIDSPMFAGR.H K.NVDTLSHGLTIDKDIAGNILLWDGPAPR.A R.QPFDYAFDIDVPAGTK.S K.WDENDEWER.G K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R R.TVEIAYHGGLR.W R.MQASGRPAPTGGIER.A R.GAIAEMAGFTASAGK.P R.EGEGWQVYDFGDVVAALNAVHAYDWER.F K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R.W R.KWDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.HAALVAEAVAFGSRPDR.Y R.HAALVAEAVAFGSR.P R.VVVTAMMNLQWEQVSLYPAGWFR.N R.VDATDVAR.G R.GLLPHLHSHWNGK.Y K.WDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.WRSVEDTLDPIAAR.K K.SIEVAFDLSPTR.S K.GAALNAVQIAELLGR.R R.QIPVGEKDVQK.F R.VPVVGHSEAINIETEKELSAEDAQR.I R.SQDGTIEIGDSGK.T R.RVVSTYQSVSGAGK.A R.IVAGATGNVGR.E R.VVSTYQSVSGAGK.A R.KGAALNAVQIAELLGR.R R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R K.FLDGSGTKEEWK.M R.EVLAIAEREFYDELAASVSPR.S R.EVLAIAER.E K.AGMDELWNQTR.Q R.EFFYDELAASVSPR.S R.VPVVGHSEAINIETEK.E R.EAPGVVLDHKE K.QJAFNVPHDK.F K.GAALNAVQIAELLGR.H R.VREDPTVENGLNLCVSDNLRK.G R.MDPVPLVPEVNPDAIDGYTR.R R.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.ELSAEDAQR.I K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A K.AGMDELWNQTR.Q K.AAAAGCVIDNSSLYR.M R.NIIANPNCSTAQMVALKPLHDAATR.R K.EDGGYTTVPCVGDFAFVSR.V K.CQNIENFDWAGWMAIFAIGSDATAIHAPK.A R.VFPLYSPNIDSITVVR.K .MNLQITAEIEIAK.A K.DIPTRPGDTLK.V
YP_617751	Sala_2713	modification methylase, HemK family	20.80%	3	R.LAVGPGALIPRDSSETLAAAVQHFGAAGPR.H R.GLGDASDVALGYAR.A R.ANAIALGLADR.V R.ITHIPTGLVVIQQDQR.S R.MATGDMAADPVAASK.E R.AGTGGDEAALFAGDLLR.M K.AMAVEIAAEVAALPAEHDALQLLPK.D K.EFALEPVATAAR.E R.YADTQGWK.V R.LPEILEGAMDELIDALIAEDQAQR.L R.IHTSAATVAVLPEAEEDVAINDSDLK.I K.EVVASVSGQVFAK.L R.SGETTDVSK.E R.QFHQLDAEVLGSDPLADAEVLVFDQLLK.E R.YDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.LGAQGTVLGGGR.Y K.ELGIAEIVTLNLTLDGAESR.D K.RVEVPIEPTAVFAR.S R.NDQTLNLR.S R.HTAFEPVTR.L R.GGESVTLRPEFTAGIAR.A R.GELSEDSLAR.L R.AYITNGWQYAPLK.V R.VEVPIEPTAVFAR.S R.SAPGTPEHQALLDILESLLK. R.LGAQGTVLGGGRYDGLIEALGGPPTAAGVWAAIGIER.L R.DRPIADSAVDIAFLTGEAQDFGAVTAGLDAAGVAWER.N R.GTQDMLGDFADR.F R.AGFSTEMVATGSPK.K R.SVEDTLDPIAAR.K R.NIPVQLDYLTPGWTGVAALDGLK.T K.VADTPDGFDR.L R.IVAVDGVAYGK.E K.LTLLYPQWLPKG.H R.YSYAPTNYEVLIDSPMFAGR.H K.NVDTLSHGLTIDKDIAGNILLWDGPAPR.A R.QPFDYAFDIDVPAGTK.S K.WDENDEWER.G K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R R.TVEIAYHGGLR.W R.MQASGRPAPTGGIER.A R.GAIAEMAGFTASAGK.P R.EGEGWQVYDFGDVVAALNAVHAYDWER.F K.ETILGEWASHAANYSVQGR.R.W R.KWDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.HAALVAEAVAFGSRPDR.Y R.HAALVAEAVAFGSR.P R.VVVTAMMNLQWEQVSLYPAGWFR.N R.VDATDVAR.G R.GLLPHLHSHWNGK.Y K.WDLGHNVTNLNVADEPHYLAASPDHIAR.H R.WRSVEDT





Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.TLLAQLTAR.F K.SIGFGAHVAGPDER.R R.KAENPSIIR.D K.FGLPEFVGR.L K.LFDLLEVALTFTDDALVAVAKK.A K.LMEGTTASVPPQGR.K K.KLFDLEEVALTFTDDALVAVAK.K R.VLSVAVHNYK.R K.STLYCSFGK.S R.GIVYDELDK.I K.SQHEVR.K
YP_617782	Sala_2744	putative outer membrane protein with a TonB box	79.64%	65	R.SLGDYFDFSLADFAAGNANR.L R.GPVFDIEQFSVK.V R.YDLFGNDAKPPLNPNFLAR.Y R.VTFDSAAEAAFNLISELGLEK.Y K.VAFPDIAEGDFQGGAINVLR.S R.QVSSFYNAAVR.V R.NTGSLALAPTDNIDPK.L R.STTDSANGNSANGLR.V R.GTVESASGPGVSGASVTIITHVPSGTVAR.S R.YGYDTLGLSPNAVEEDEKIIIG.K.L R.YGPGFGVATTNR.D R.SIYETHQWK.G R.LPVLLEDAIVTASSVGGAEQSNGPITALGR.E R.GGVGIFSGGTPDFVLSNFSNTGLLNLVDINR.S R.FSVDGQVQSDDFGLNNGGLPSTR.G R.FGFNWQATDK.L K.VDLHVSQEIFAVGDAK.F K.LDWNISDQRA R.HSNDLNTENLSDFFTAR.L K.FHGGAFFTYTDDSLTGNR.T R.DYNRDQTPFGGR.D K.TKETDPFDDGFGFANQVPLTQAVIDQVSSVAQR.Y K.NSQTSPDFFK.V K.NYGYTWTDLR.S K.LFADVENLNLIDSDWGLR.Q R.SGRPYSVTMLDNSGGR.G R.RDPLVTMDLTNAR.T R.EAIEGVASINR.D K.DEGALTSSTASSNYGNAFVDPNR.A R.DLQLTNSR.G R.VACAATSGTNCYQYSNVR.A K.ETDPFDDGFGFANQVPLTQAVIDQVSSVAQR.Y R.VGGPFTVEVTAEDYESAQTDLFLQAGQPYR.L R.GRDISLDFDSK.Q R.YGYDTLGLSPNAVEEDEK.I R.TIEVAGNKR.L R.GAVFGTGNLGNMLLYVPTAGGDRP.V R.APNQVLSR.V R.LFFGPDVSR.H R.LDAGDHSR.F K.QYGANISGPIIK.D K.NSQTSPDFFK.VDLHVSQEIFAVGDAK.F R.FMAGYTDVSVNLFQR.S K.QYGANISGPIIK.D K.LFFMFAYEK.T K.KNSQTSPDFFK.V R.ISLFGVYR.S R.SNCAASATCDALINGIDGTPASVNDFLAR.N K.DLFFMFAYEK.T R.SVPIGLPDGR.T K.ASLQADYIEGDGWFVGGQFLYDK.N R.FGFNWQATDKLIVR.G K.REFFGDNETR.I K.AFDGLTLDGYSYTNVWKEGALTSSTASSNYGNAFVDPNR.A R.TIEVAGNKR.L R.SGRPYSVTMLDNSGGR.G R.SGGNKFHGGAFFTYTDDSLTGNR.T R.PYSVTMLDNSGGR.G R.NTGSLALAPTDNIDPK.L R.LNRFVSDGQVQSDDFGLNNGGLPSTR.G R.GAVFGTGNLGNMLLYVPTAGGDRP.V R.DLQLTNSRER.A R.DISLDFDSK.Q R.ASLTYR.N K.GGIDFKR.E R.NKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_617785	Sala_2747	Dihydropicolinate reductase	46.06%	8	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_617788	Sala_2750	ribosomal protein L28	46.39%	5	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_617790	Sala_2752	17 kDa surface antigen	28.57%	2	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_617793	Sala_2755	peptidase S41	30.12%	9	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_617796	Sala_2758	periplasmic protein-like protein	8.09%	2	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_61805	Sala_2767	LVIDD	5.24%	5	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_61807	Sala_2769	hypothetical protein	17.33%	6	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_61809	Sala_2771	Glutamate dehydrogenase (NADP+)	23.50%	7	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_61810	Sala_2772	TPR repeat	25.95%	6	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_61811	Sala_2773	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase	14.06%	7	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y
YP_61813	Sala_2775	transglutaminase-like protein	30.27%	5	R.HKVDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.HHLLDDAAR.D R.DVAVLQGTNTSLGVTLLAHLV.E R.GRDGLTGR.G K.VDAPSGTALLGEAAAEGR.G R.MGVAAAAI5EAGQR.S R.GGTVAGDHDVFAGPEEMITLSHR.A R.GISLATCSER.G R.TFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K K.RTFLPNLQNVTLSDALGK.S K.TGDDQLSANAR.K R.SVEHNGSLDNLWLMK.T K.TVGTIIGGAVGALAGR.A R.GTGTGIIAGLAGLAGHIAGR.G R.YNNGGLVSTANLMDLGLAGR.S R.LLIAEAYESAPFAAGIDR.G R.LVYDAANQR.L R.VVAFATNAAGQSDYYDGLAPK.I R.GTAVAIETTASNLR.S R.TISSADDQLR.A R.SIADVAAEGTAGITAALGPNDPGIVR.V R.IAEASVGAASR.S R.AQGVTDIIIDFR.Y R.GSGDCEDFAILKMQMLR.A K.LDNVKAAPAK.V R.STSALLSSTINR.E R.VAREACGACHMEVIEATER.S R.LEEPGRDLK.Q R.DEMFQLGRHQLT.P K.LFDVTNLQPVAVPVGTVR.L R.YDSFLGVQELFVDK.H R.QTIFPAGGGRALINR.N K.GDDWFFVANAVSDTVFEP.R.T R.SFLNDPAALTGAVAFADR.S K.AVTGAYLSSGNAFSTR.T R.SPDAPIFGTDVSLQK.A R.LQNGIQIPGVSVPYR.G R.ATATTSAPNPGDNDIQVTFPAEGGAIK.A R.AGTGASVAAPLTAEAR.A R.IINEFTGVLTK.G R.HIGADVDPAGDIGVGR.E K.SAVISGSGNVATHAAEK.I R.TEATGYGAVYFLANMLAAK.G K.AANAAGVAVSGLMSQNSAR.R R.VQNNNAISPKK.G K.FLAFQTFK.N R.VQREPDSDAWTALGAAR.F R.APTADEMPVAAR.A K.AVALSPESAGLWSALGEAR.V K.AAQALKDGAANPAAGR.L K.DGIAANPAAGR.L R.FDMGNFVGAAYEK.A R.DGGAPVHNPATGALVGVVEADAADAADAVATAR.A R.LSTEEGVLMCLAEALLRVPDNATANALIR.D R.VPDNATANALIR.D R.NQIGAVGSPQFGR.G R.LLENGANSFVHQFSDPDVSAEELIDPR.S R.GYDLGDRGVPEALVAALGAAR.R R.AQTLGLGDFPVFTAK.L R.LPADAILYLNESR.Y



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					R.DRNIFGSLLLK.M R.DLTEALVGDVFLGLSAAGALKPEMVK.D R.LMEIVPAAVAK.A R.EALLYHEHGRPK.I K.MGLGDMITGTR.T K.GNLVAVISNGTALGLGNLALASK.P R.SDYPNQVNVVLCFFIFR.G R.RVIDHAEKG.T R.KGTIYQGR.T R.DLTEALVGDVFLGLSAAGALKPEMVK.D K.GNLVAVISNGTALGLGNLALASKPVMEGK.A R.VIDHAEKG.T R.LSGPANLVMPGLQSANLSAK.L R.AMGVADAESEFEVHNSVPHVPMVMDMLYER.L K.RFADVDSIDLEVDTEDPQR.F K.IEIVASKPMATQR.D R.QGYVVDPALTEAITPGVDNR.E R.SFFEDIFGNI GAVGAPGAGAPTGP. R.TLGRPTVFGQGTGEYYSR.E R.QGYVVDPALTEAITPGVDNRSEVER.T R.IRFDAAGNVAADR.T K.ISPEGDKPTLGR.E R.FDAAGNVAADR.T R.ERSFFEDIFGNI GAVGAPGAGAPTGP. R.TGLELVSK.I R.PIQQVLR.I R.GKAPDDAALTHVMAAVALR.G R.RPLWNVAVATAR.A R.GALAAMPVAELVATDRPLGAQG. R.AVAGGFAATGEIR.A R.DJAVEADAGAR.A R.ADLGEAAVQTLSLALDPPFR.H R.DVDAPVGEDEEIEIGRDELDPLEGR.D R.LGLALDHFALTSR.A K.LPDDADAGLSVQHAR.I K.VADJAPAVDR.V K.AAEADAPDAEVPAAK.D R.GLAELGALPPTRDEK.A K.VIDQSETGFTVAHTAQVAAAPADVWK.M R.ILFARPNELLR.L R.FKVADJAPAVDR.V R.FDYVVGMYR.F K.DHSWSGDAANFWLDSQAGCFCEK.L R.TAAQADALDGLSAR.G R.LDELGPVSVIFDGYPR.T R.RPDDNEDTVR.T K.AVMDAGELVSDAIVSGLIGER.L R.TLDHVELVDEDALVDR.I R.VDGMAPIDRVNDAIETILGTAG. R.VNDAIETILGTAG. R.LEDEHGMVQLSTGDMR.L .MTLNILLGPPGAGK.G K.VADICDVGSK.E K.RRPDDNEDTVR.T K.AVMDAGELVSDAIVSGLIGER.L R.VDGMAPIDR.V R.LEDEHGMVQLSTGDMR.L R.GRTLHVELVDEDALVDR.I R.CGEGYHDR.V K.GTQASRLDEHGMVQLSTGDMR.A K.AVMDAGELVSDAIVSGLIGER.LDELGPVSVIFDGYPR.T K.AGTPIGLQAK.A R.ADQLASLNLFK.F R.SFAQMFTQVR.E K.QNGFTPGIRPGK.N R.VLVQYPR.R R.SFAQMFTQVR.E K.NTATYLDVFLTR.I K.FGQATEL.N K.VTFAVAGASK.G K.DFAIVNLGMVQK.L K.ATIDHALK.A K.AGGKVELPEAR.P R.SGVAINFEGGQMPHMR.I K.RGFNIFGK.D K.GAIEAVEK.A K.LNELRDNINGAR.K R.SGVAINFEGGQMPHMR.I R.GFNIFGKDFAINLGMVQK.L R.GFNIFGK.D K.VELPEARPEGDGK.K K.DFAIVNLGMVQK.L K.AGGKVELPEARPEGDGK.K R.LLAKGELTAK.V R.KAEAAAK.N K.AGGKVELPEARPEGDGK.K R.EVELDTPVPR.G R.KILTGLGK.M K.MHREVELDTPVPR.G R.KLPHIVEVD. K.IITGLGK.M R.ATFEALGEQTSK.S R.AVFESLGVADVTK.S R.DEDGGEELIEK.L R.FGFAALVVGDKG.G R.GHFAGAVTLR.S R.SAPAGTIIAGGPMR.A K.SVGTSPNYMIR.A R.FGFAALVVGDKGGR.A K.AREVPAAISK.A R.AAEAEAAVTE. K.KVSDLIK.R R.SAPAGTIIAGGPMR.A K.SVGTSPNYMIR.A K.RFGFAALVVGDKG.G R.RPRDEGGEELIEK.L R.EVPEAISK.A K.LVHINR.V R.HIYAQLIDDAAGTTLAAASTLDKDV.R.G K.TGATTAADAVGK.L K.AGVTQVVFDR.G R.HIYAQLIDDAAGTTLAAASTLDK.D K.KAGVTQVVFDR.G K.TGATTAADAVGK.R R.SKGTGATTAADAVGK.R R.TLVQNLVGTGTEGFTK.V K.AVEIPSGVTAIDGQQLSVK.G K.YEVGDSISVQPANDSR.E K.VLEITGVGYR.A K.TPNDTTIEISIDKQQQVAAEIR.R K.IQLQYSHVDVFAVPGIEIK.T K.TPNDTTIEISIDK.Q K.GTLAMLSDNK.Y K.KAVEIPSGVTAIDGQQLSVK.G K.QQVGVAAEIR.R K.GTLAMLSDNK.YEVGDSISVQPANDSR.E K.VRGEIFR.K K.AVEIPSGVTAIDGQQLSVK.G K.TPNDTTIEISIDKQQQVAAEIRR.W K.KAVEIPSGVTAIDGQQLSVK.G K.GTLAMLSDNK.YEVGDSISVQPANDSR.E K.GTLAMLSDNK.Y R.TLVQNLVGTGTEGFTKVLITGVGYR.A R.NGLGTTIVSTR.G R.EQNVGGEVLAEVF. K.YFEGQPAIR.H R.GVLSDAEAREQNVGGEVLAEVF.
YP_617831	Sala_2793	tmRNA-binding small protein A	71.43%	10	
YP_617832	Sala_2794	CBP3 protein	30.68%	3	
YP_617833	Sala_2795	hypothetical protein	50.00%	5	
YP_617834	Sala_2796	hypothetical protein	55.98%	9	
YP_617835	Sala_2797	adenylate kinases	79.00%	19	
YP_617836	Sala_2798	SecY protein	13.35%	7	
YP_617837	Sala_2799	ribosomal protein L15	68.57%	17	
YP_617838	Sala_2800	ribosomal protein L30	56.67%	5	
YP_617839	Sala_2801	ribosomal protein S5	58.68%	17	
YP_617840	Sala_2802	ribosomal protein L18	56.41%	7	
YP_617841	Sala_2803	ribosomal protein L6	75.14%	18	
YP_617842	Sala_2804	ribosomal protein S8	62.69%	12	



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617854	Sala_2816	Ribosomal protein L25/L23	57.84%	6	K.WDVPATVER.L R.TAFIALVKYEDGELAYLAPQR.L R.LEYDPNRITAFIALVK.Y R.GVAKNPVDHPHGGGEGR.T R.GLLLVDK.S R.YIRGECMGTVGAVSNPDNQNTNLGK.A R.YIRGECMGTVGAVSNPDNQNTNLGK.A R.TAFIALVK.Y R.RKWDVPATVER.L R.LGSGEQR.Y R.GECMGTVGAVSNPDNQNTNLGK.A R.GECMGTVGAVSNPDNQNTNLGK.A R.GLILVDKSALWK.G R.HYDVLAPVITTEK.S K.AAVEALFDVK.V K.VGVNLTWTK.G K.STLLENNAVVFV.V R.LAEGQSIDVTTGV. R.HYDVLAPVITTEKSTLLENNAVVFV.V K.AGADIDLNDVFLGDAR.A R.VVAWQLEK.R R.RAPFIGGGK.A K.LLVDTLELDAK.T K.LVVDITLLEK.D R.APIFIGGGK.A K.IKVQLDGGK.A R.VVAWQLEK.R R.AAVEKLEAR.C R.TFGHSLNKK.I R.TFGHSLNK.K R.ERSDVAR.T R.ALFDIDGDAVHESFAMASANLIGVDALPAIGANVYDIVR.A R.ADTLVLTR.A K.VQTLDDGK.A K.LLGLDLGK.R K.MALSDKAK.G K.LDLGKR.A R.DGVVAVQLGAGTAK.A R.TQQNLEIVR.T R.ATHGVSHISH.A K.SAANTITAPADAPVETPAEEAVVDTAATDGAQES. R.NRTQQNLEIVR.T R.VADDATLDVGAELSADHFVAGQVMDIQGVTVQK.G R.HPEAPYPASIK.S R.GAYKAEVEPK.A K.GGWLVR.D R.TQQNLEIVRDAER.G R.HVPPVTVLSLEGCCQVSVR.D R.DAVKLP.R K.MAGHMGAR.N R.AHGSTGNR.Q K.AEVEPK.A R.VLDQATTDIADTAR.R R.LLDIVQPTQTVDALMK.L R.VLDQATTDIADTARR.T K.SREQFEVR.T K.FTVNRGPHIDK.K K.AFDHRVLDQATTDIADTAR.R R.TVGAQVAVYTK. K.LLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEER.E K.VGEEVEIVGKDKT.K R.GITISTAHVEYETESR.H K.LLAPIAMPGLR.F R.GVGREVEER.G R.DDNIGKAILK.L K.VGEEVEIVGK.D R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSK.D K.TVTVGVEMFR.K K.QVGVPTMVVFLNK.V K.KTVTVGVEMFR.K R.KLLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VDQLDDPELLELVELEIR.E K.PGSITPHTFTSEVYVLSK.D R.TTDVTEVILPEGTEMMPGDNVQLSVK.L K.VLAENVAGNAADFANIDK.A K.VDQLDDPELLELVELEIRELSK.R K.TVTVGVEMFR.K K.PGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.EHILLAK.Q R.HTPFFANRPQFYFR.T R.ERGITISTAHVEYETESR.H K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.TSLTAATK.V K.QVGVPTMVVFLNKVDQLDDPELLELVELEIR.E R.GTVTVGRVETGVVK.V K.PFLMPIEDVFSISGR.G R.PLDKPFMPIEDVFSISGR.G R.HYAHVDCPHADYK.N R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEERER.G K.VGEEVEIVGKDKT.K K.TVTVGVEMFR.L K.TVTVGVEMFR.K K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLMAAVDIEWPQPERPLDK.P K.KTVTVGVEMFR.L R.VETGVVKVEEVEIVGK.D R.VETGVVK.V R.TKPHCNIGTIGHVDHGK.T R.HTPFFANR.P K.QVGVPTMVVFLNK.V K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLAPIAMPGLR.F R.VLDGVAVAFDGVGVEPQSETVWR.Q R.LLGATPAVLYPIGAESDFK.G R.VSTDHESGQTIK.G R.GSGITFIDEIKGGNIPR.E R.GSGITFIDEIK.G K.GLVDLNER.A R.LLGATPAVLYPIGAESDFKGLVDLNER.A R.EDIEEAFAGDIVALAGLK.E R.ATSDSAPLSMLAF.I K.IMNDPFGSLTFAR.I K.DESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.VEVVTFPEEFMGDVGDLNSR.R K.VEANVGAQVAVR.E R.AQYTMQFSHYEEVPRNVAEEVK.A R.EFKVEANVGAQVAVR.E K.ADEGKPEHR.L R.GNAQVVEAMVPLANMFYVYVQLR.S R.ESLAKPVDDVYTHK.K R.EAENGNHIGFIDIEFER.L K.GVQPLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MEFPPEVIELSVEPK.T R.AIIWDESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.LVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVALTKK.L R.NFGIMAHIDAGK.T K.IGEVHDGAATMDWMEQEQR.G R.VKVSVAPER.G R.LNIIDTPGHVDFDTEVER.S K.NKGVQLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MLLMHANSREIEEAFAGDIVALAGLK.E
YP_617855	Sala_2817	ribosomal protein L4/L1e	72.60%	18	K.AGADIDLNDVFLGDAR.A R.VVAWQLEK.R R.RAPFIGGGK.A K.LLVDTLELDAK.T K.LVVDITLLEK.D R.APIFIGGGK.A K.IKVQLDGGK.A R.VVAWQLEK.R R.AAVEKLEAR.C R.TFGHSLNKK.I R.TFGHSLNK.K R.ERSDVAR.T R.ALFDIDGDAVHESFAMASANLIGVDALPAIGANVYDIVR.A R.ADTLVLTR.A K.VQTLDDGK.A K.LLGLDLGK.R K.MALSDKAK.G K.LDLGKR.A R.DGVVAVQLGAGTAK.A R.TQQNLEIVR.T R.ATHGVSHISH.A K.SAANTITAPADAPVETPAEEAVVDTAATDGAQES. R.NRTQQNLEIVR.T R.VADDATLDVGAELSADHFVAGQVMDIQGVTVQK.G R.HPEAPYPASIK.S R.GAYKAEVEPK.A K.GGWLVR.D R.TQQNLEIVRDAER.G R.HVPPVTVLSLEGCCQVSVR.D R.DAVKLP.R K.MAGHMGAR.N R.AHGSTGNR.Q K.AEVEPK.A R.VLDQATTDIADTAR.R R.LLDIVQPTQTVDALMK.L R.VLDQATTDIADTARR.T K.SREQFEVR.T K.FTVNRGPHIDK.K K.AFDHRVLDQATTDIADTAR.R R.TVGAQVAVYTK. K.LLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEER.E K.VGEEVEIVGKDKT.K R.GITISTAHVEYETESR.H K.LLAPIAMPGLR.F R.GVGREVEER.G R.DDNIGKAILK.L K.VGEEVEIVGK.D R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSK.D K.TVTVGVEMFR.K K.QVGVPTMVVFLNK.V K.KTVTVGVEMFR.K R.KLLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VDQLDDPELLELVELEIR.E K.PGSITPHTFTSEVYVLSK.D R.TTDVTEVILPEGTEMMPGDNVQLSVK.L K.VLAENVAGNAADFANIDK.A K.VDQLDDPELLELVELEIRELSK.R K.TVTVGVEMFR.K K.PGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.EHILLAK.Q R.HTPFFANRPQFYFR.T R.ERGITISTAHVEYETESR.H K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.TSLTAATK.V K.QVGVPTMVVFLNKVDQLDDPELLELVELEIR.E R.GTVTVGRVETGVVK.V K.PFLMPIEDVFSISGR.G R.PLDKPFMPIEDVFSISGR.G R.HYAHVDCPHADYK.N R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEERER.G K.VGEEVEIVGKDKT.K K.TVTVGVEMFR.L K.TVTVGVEMFR.K K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLMAAVDIEWPQPERPLDK.P K.KTVTVGVEMFR.L R.VETGVVKVEEVEIVGK.D R.VETGVVK.V R.TKPHCNIGTIGHVDHGK.T R.HTPFFANR.P K.QVGVPTMVVFLNK.V K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLAPIAMPGLR.F R.VLDGVAVAFDGVGVEPQSETVWR.Q R.LLGATPAVLYPIGAESDFK.G R.VSTDHESGQTIK.G R.GSGITFIDEIKGGNIPR.E R.GSGITFIDEIK.G K.GLVDLNER.A R.LLGATPAVLYPIGAESDFKGLVDLNER.A R.EDIEEAFAGDIVALAGLK.E R.ATSDSAPLSMLAF.I K.IMNDPFGSLTFAR.I K.DESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.VEVVTFPEEFMGDVGDLNSR.R K.VEANVGAQVAVR.E R.AQYTMQFSHYEEVPRNVAEEVK.A R.EFKVEANVGAQVAVR.E K.ADEGKPEHR.L R.GNAQVVEAMVPLANMFYVYVQLR.S R.ESLAKPVDDVYTHK.K R.EAENGNHIGFIDIEFER.L K.GVQPLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MEFPPEVIELSVEPK.T R.AIIWDESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.LVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVALTKK.L R.NFGIMAHIDAGK.T K.IGEVHDGAATMDWMEQEQR.G R.VKVSVAPER.G R.LNIIDTPGHVDFDTEVER.S K.NKGVQLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MLLMHANSREIEEAFAGDIVALAGLK.E
YP_617856	Sala_2818	ribosomal protein L3	72.37%	15	K.AGADIDLNDVFLGDAR.A R.VVAWQLEK.R R.RAPFIGGGK.A K.LLVDTLELDAK.T K.LVVDITLLEK.D R.APIFIGGGK.A K.IKVQLDGGK.A R.VVAWQLEK.R R.AAVEKLEAR.C R.TFGHSLNKK.I R.TFGHSLNK.K R.ERSDVAR.T R.ALFDIDGDAVHESFAMASANLIGVDALPAIGANVYDIVR.A R.ADTLVLTR.A K.VQTLDDGK.A K.LLGLDLGK.R K.MALSDKAK.G K.LDLGKR.A R.DGVVAVQLGAGTAK.A R.TQQNLEIVR.T R.ATHGVSHISH.A K.SAANTITAPADAPVETPAEEAVVDTAATDGAQES. R.NRTQQNLEIVR.T R.VADDATLDVGAELSADHFVAGQVMDIQGVTVQK.G R.HPEAPYPASIK.S R.GAYKAEVEPK.A K.GGWLVR.D R.TQQNLEIVRDAER.G R.HVPPVTVLSLEGCCQVSVR.D R.DAVKLP.R K.MAGHMGAR.N R.AHGSTGNR.Q K.AEVEPK.A R.VLDQATTDIADTAR.R R.LLDIVQPTQTVDALMK.L R.VLDQATTDIADTARR.T K.SREQFEVR.T K.FTVNRGPHIDK.K K.AFDHRVLDQATTDIADTAR.R R.TVGAQVAVYTK. K.LLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEER.E K.VGEEVEIVGKDKT.K R.GITISTAHVEYETESR.H K.LLAPIAMPGLR.F R.GVGREVEER.G R.DDNIGKAILK.L K.VGEEVEIVGK.D R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSK.D K.TVTVGVEMFR.K K.QVGVPTMVVFLNK.V K.KTVTVGVEMFR.K R.KLLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VDQLDDPELLELVELEIR.E K.PGSITPHTFTSEVYVLSK.D R.TTDVTEVILPEGTEMMPGDNVQLSVK.L K.VLAENVAGNAADFANIDK.A K.VDQLDDPELLELVELEIRELSK.R K.TVTVGVEMFR.K K.PGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.EHILLAK.Q R.HTPFFANRPQFYFR.T R.ERGITISTAHVEYETESR.H K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.TSLTAATK.V K.QVGVPTMVVFLNKVDQLDDPELLELVELEIR.E R.GTVTVGRVETGVVK.V K.PFLMPIEDVFSISGR.G R.PLDKPFMPIEDVFSISGR.G R.HYAHVDCPHADYK.N R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEERER.G K.VGEEVEIVGKDKT.K K.TVTVGVEMFR.L K.TVTVGVEMFR.K K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLMAAVDIEWPQPERPLDK.P K.KTVTVGVEMFR.L R.VETGVVKVEEVEIVGK.D R.VETGVVK.V R.TKPHCNIGTIGHVDHGK.T R.HTPFFANR.P K.QVGVPTMVVFLNK.V K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLAPIAMPGLR.F R.VLDGVAVAFDGVGVEPQSETVWR.Q R.LLGATPAVLYPIGAESDFK.G R.VSTDHESGQTIK.G R.GSGITFIDEIKGGNIPR.E R.GSGITFIDEIK.G K.GLVDLNER.A R.LLGATPAVLYPIGAESDFKGLVDLNER.A R.EDIEEAFAGDIVALAGLK.E R.ATSDSAPLSMLAF.I K.IMNDPFGSLTFAR.I K.DESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.VEVVTFPEEFMGDVGDLNSR.R K.VEANVGAQVAVR.E R.AQYTMQFSHYEEVPRNVAEEVK.A R.EFKVEANVGAQVAVR.E K.ADEGKPEHR.L R.GNAQVVEAMVPLANMFYVYVQLR.S R.ESLAKPVDDVYTHK.K R.EAENGNHIGFIDIEFER.L K.GVQPLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MEFPPEVIELSVEPK.T R.AIIWDESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.LVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVALTKK.L R.NFGIMAHIDAGK.T K.IGEVHDGAATMDWMEQEQR.G R.VKVSVAPER.G R.LNIIDTPGHVDFDTEVER.S K.NKGVQLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MLLMHANSREIEEAFAGDIVALAGLK.E
YP_617857	Sala_2819	ribosomal protein S10	67.96%	6	K.AEVEPK.A R.VLDQATTDIADTAR.R R.LLDIVQPTQTVDALMK.L R.VLDQATTDIADTARR.T K.SREQFEVR.T K.FTVNRGPHIDK.K K.AFDHRVLDQATTDIADTAR.R R.TVGAQVAVYTK. K.LLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEER.E K.VGEEVEIVGKDKT.K R.GITISTAHVEYETESR.H K.LLAPIAMPGLR.F R.GVGREVEER.G R.DDNIGKAILK.L K.VGEEVEIVGK.D R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSK.D K.TVTVGVEMFR.K K.QVGVPTMVVFLNK.V K.KTVTVGVEMFR.K R.KLLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VDQLDDPELLELVELEIR.E K.PGSITPHTFTSEVYVLSK.D R.TTDVTEVILPEGTEMMPGDNVQLSVK.L K.VLAENVAGNAADFANIDK.A K.VDQLDDPELLELVELEIRELSK.R K.TVTVGVEMFR.K K.PGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.EHILLAK.Q R.HTPFFANRPQFYFR.T R.ERGITISTAHVEYETESR.H K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.TSLTAATK.V K.QVGVPTMVVFLNKVDQLDDPELLELVELEIR.E R.GTVTVGRVETGVVK.V K.PFLMPIEDVFSISGR.G R.PLDKPFMPIEDVFSISGR.G R.HYAHVDCPHADYK.N R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEERER.G K.VGEEVEIVGKDKT.K K.TVTVGVEMFR.L K.TVTVGVEMFR.K K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLMAAVDIEWPQPERPLDK.P K.KTVTVGVEMFR.L R.VETGVVKVEEVEIVGK.D R.VETGVVK.V R.TKPHCNIGTIGHVDHGK.T R.HTPFFANR.P K.QVGVPTMVVFLNK.V K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLAPIAMPGLR.F R.VLDGVAVAFDGVGVEPQSETVWR.Q R.LLGATPAVLYPIGAESDFK.G R.VSTDHESGQTIK.G R.GSGITFIDEIKGGNIPR.E R.GSGITFIDEIK.G K.GLVDLNER.A R.LLGATPAVLYPIGAESDFKGLVDLNER.A R.EDIEEAFAGDIVALAGLK.E R.ATSDSAPLSMLAF.I K.IMNDPFGSLTFAR.I K.DESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.VEVVTFPEEFMGDVGDLNSR.R K.VEANVGAQVAVR.E R.AQYTMQFSHYEEVPRNVAEEVK.A R.EFKVEANVGAQVAVR.E K.ADEGKPEHR.L R.GNAQVVEAMVPLANMFYVYVQLR.S R.ESLAKPVDDVYTHK.K R.EAENGNHIGFIDIEFER.L K.GVQPLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MEFPPEVIELSVEPK.T R.AIIWDESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.LVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVALTKK.L R.NFGIMAHIDAGK.T K.IGEVHDGAATMDWMEQEQR.G R.VKVSVAPER.G R.LNIIDTPGHVDFDTEVER.S K.NKGVQLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MLLMHANSREIEEAFAGDIVALAGLK.E
YP_617858	Sala_2820	translation elongation factor Tu	100.00%	50	K.AEVEPK.A R.VLDQATTDIADTAR.R R.LLDIVQPTQTVDALMK.L R.VLDQATTDIADTARR.T K.SREQFEVR.T K.FTVNRGPHIDK.K K.AFDHRVLDQATTDIADTAR.R R.TVGAQVAVYTK. K.LLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEER.E K.VGEEVEIVGKDKT.K R.GITISTAHVEYETESR.H K.LLAPIAMPGLR.F R.GVGREVEER.G R.DDNIGKAILK.L K.VGEEVEIVGK.D R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSK.D K.TVTVGVEMFR.K K.QVGVPTMVVFLNK.V K.KTVTVGVEMFR.K R.KLLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VDQLDDPELLELVELEIR.E K.PGSITPHTFTSEVYVLSK.D R.TTDVTEVILPEGTEMMPGDNVQLSVK.L K.VLAENVAGNAADFANIDK.A K.VDQLDDPELLELVELEIRELSK.R K.TVTVGVEMFR.K K.PGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.EHILLAK.Q R.HTPFFANRPQFYFR.T R.ERGITISTAHVEYETESR.H K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.TSLTAATK.V K.QVGVPTMVVFLNKVDQLDDPELLELVELEIR.E R.GTVTVGRVETGVVK.V K.PFLMPIEDVFSISGR.G R.PLDKPFMPIEDVFSISGR.G R.HYAHVDCPHADYK.N R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEERER.G K.VGEEVEIVGKDKT.K K.TVTVGVEMFR.L K.TVTVGVEMFR.K K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLMAAVDIEWPQPERPLDK.P K.KTVTVGVEMFR.L R.VETGVVKVEEVEIVGK.D R.VETGVVK.V R.TKPHCNIGTIGHVDHGK.T R.HTPFFANR.P K.QVGVPTMVVFLNK.V K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLAPIAMPGLR.F R.VLDGVAVAFDGVGVEPQSETVWR.Q R.LLGATPAVLYPIGAESDFK.G R.VSTDHESGQTIK.G R.GSGITFIDEIKGGNIPR.E R.GSGITFIDEIK.G K.GLVDLNER.A R.LLGATPAVLYPIGAESDFKGLVDLNER.A R.EDIEEAFAGDIVALAGLK.E R.ATSDSAPLSMLAF.I K.IMNDPFGSLTFAR.I K.DESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.VEVVTFPEEFMGDVGDLNSR.R K.VEANVGAQVAVR.E R.AQYTMQFSHYEEVPRNVAEEVK.A R.EFKVEANVGAQVAVR.E K.ADEGKPEHR.L R.GNAQVVEAMVPLANMFYVYVQLR.S R.ESLAKPVDDVYTHK.K R.EAENGNHIGFIDIEFER.L K.GVQPLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MEFPPEVIELSVEPK.T R.AIIWDESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.LVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVALTKK.L R.NFGIMAHIDAGK.T K.IGEVHDGAATMDWMEQEQR.G R.VKVSVAPER.G R.LNIIDTPGHVDFDTEVER.S K.NKGVQLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MLLMHANSREIEEAFAGDIVALAGLK.E
YP_617859	Sala_2821	translation elongation factor G	89.96%	73	K.AEVEPK.A R.VLDQATTDIADTAR.R R.LLDIVQPTQTVDALMK.L R.VLDQATTDIADTARR.T K.SREQFEVR.T K.FTVNRGPHIDK.K K.AFDHRVLDQATTDIADTAR.R R.TVGAQVAVYTK. K.LLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEER.E K.VGEEVEIVGKDKT.K R.GITISTAHVEYETESR.H K.LLAPIAMPGLR.F R.GVGREVEER.G R.DDNIGKAILK.L K.VGEEVEIVGK.D R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSK.D K.TVTVGVEMFR.K K.QVGVPTMVVFLNK.V K.KTVTVGVEMFR.K R.KLLDQQAQAGDNIGALIR.G K.VDQLDDPELLELVELEIR.E K.PGSITPHTFTSEVYVLSK.D R.TTDVTEVILPEGTEMMPGDNVQLSVK.L K.VLAENVAGNAADFANIDK.A K.VDQLDDPELLELVELEIRELSK.R K.TVTVGVEMFR.K K.PGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.EHILLAK.Q R.HTPFFANRPQFYFR.T R.ERGITISTAHVEYETESR.H K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.TSLTAATK.V K.QVGVPTMVVFLNKVDQLDDPELLELVELEIR.E R.GTVTVGRVETGVVK.V K.PFLMPIEDVFSISGR.G R.PLDKPFMPIEDVFSISGR.G R.HYAHVDCPHADYK.N R.GQVLAKPGSITPHTFTSEVYVLSKDEGGR.H K.VLAENVAGNAADFANIDKAPPEERER.G K.VGEEVEIVGKDKT.K K.TVTVGVEMFR.L K.TVTVGVEMFR.K K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLMAAVDIEWPQPERPLDK.P K.KTVTVGVEMFR.L R.VETGVVKVEEVEIVGK.D R.VETGVVK.V R.TKPHCNIGTIGHVDHGK.T R.HTPFFANR.P K.QVGVPTMVVFLNK.V K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.NMITGAAQMDGAILVSAADGMPQTK.E K.LLAPIAMPGLR.F R.VLDGVAVAFDGVGVEPQSETVWR.Q R.LLGATPAVLYPIGAESDFK.G R.VSTDHESGQTIK.G R.GSGITFIDEIKGGNIPR.E R.GSGITFIDEIK.G K.GLVDLNER.A R.LLGATPAVLYPIGAESDFKGLVDLNER.A R.EDIEEAFAGDIVALAGLK.E R.ATSDSAPLSMLAF.I K.IMNDPFGSLTFAR.I K.DESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.VEVVTFPEEFMGDVGDLNSR.R K.VEANVGAQVAVR.E R.AQYTMQFSHYEEVPRNVAEEVK.A R.EFKVEANVGAQVAVR.E K.ADEGKPEHR.L R.GNAQVVEAMVPLANMFYVYVQLR.S R.ESLAKPVDDVYTHK.K R.EAENGNHIGFIDIEFER.L K.GVQPLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MEFPPEVIELSVEPK.T R.AIIWDESLGAEFFYEDIPADLADK.A K.LVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVALTKK.L R.NFGIMAHIDAGK.T K.IGEVHDGAATMDWMEQEQR.G R.VKVSVAPER.G R.LNIIDTPGHVDFDTEVER.S K.NKGVQLLDVAVDYLPSPLDIPDVQGINPTTEQPDSR.A R.MLLMHANSREIEEAFAGDIVALAGLK.E

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617860	Sala_2822	ribosomal protein S7	73.72%	14	K.LVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVLTK.K R.LAAEDPSFR.V K.DESLGAFFYEDIPADLADKAAEYR.E K.GMGEHLIDLVDLR.M R.RGQIQGTDLSR.G K.KQSGGSGQFGR.V R.MLLMHANSR.E R.EYIPSVKEK.G R.EKLVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVLTK.K K.GSVLNSVK.D R.TGANFYCYQTIIDR.LL R.MEFPEPVIELSVPEK.T R.MCFINKLDR.T R.KGTLNQAFVPLCGSAFK.N R.IVSGTLTK.G R.GQIQGTDLSR.G R.GNAQVVEAMVPLANMFGVYNQLR.S R.GNAQVVEAMVPLANMFGVYNQLR.S R.GNAQVVEAMVPLANMFGVYNQLR.S R.GITITSAATTCLWK.A R.ESLAKPVDVYTHKK.Q R.EAENGHMIGFFIIDFEIR.L R.ATSDSAPLSMLAFK.I R.AQYTMQFSHYEEVFNNAVEEVK.A R.AIIWKDESLGAFFYEDIPADLADKAAEYR.E K.VSVAPGER.G K.QSGGSGQFGR.V K.PVDVYTHKK.Q K.LLEPVMKVEVVTPEEFMGDVIQDLNSR.R K.IMNDFVGSILFAR.I K.IGEVHDGAATMDWMEQEQR.G K.IGEVHDGAATMDWMEQEQR.G K.GTLNQAFVPLCGSAFK.N K.ETTTGDTLCSANPILIR.M K.AAEYREK.LL R.SHPLE.R.Y R.NFGIMAHIDAGK.T R.MLLMHANSREIEAFAGDIVALAGK.E R.MCFINKLDR.T R.AQYTMQFSHYEEVFNNAVEEVKAK.M K.IVEVVTPEEFMGDVIQDLNSR.R K.LVELAVEQDDEAMEAYLEGNVPDVLTK.K.L K.LLEPVMKVEVVTPEEFMGDVIQDLNSR.R K.GMGEHLIDLVDLR.M K.SVAESIVYGALEAVEAR.A R.VGGATYQVPEVRPDR.A R.LSGELLDASNNR.G R.LSGELLDASNNRGNVAVK.K R.FGOVLSK.F K.KSVAESIVYGALEAVEAR.A R.NRSETTMAAR.L K.EPLGVFHEALANIRPNIEVR.S R.RVGGATYQVPEVRPDR.A R.EIILPDR.F R.AQALAIR.W K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGK.K R.GVLDIQGVKDR.K R.EVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.KPNSALR.K R.VYTTTPK.K R.LTNAREVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.VPAMDANPQK.R K.SKVPAMDANPQK.R R.AAIDALLAGQAVLAK.G R.DRITAEQDAAYR.A K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.ITAEQDAAYR.A R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.W R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.R R.LGDAPIVGAETVADR.A R.TDRAEVATSSGGWLVHGGAGTIR.R K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.TNELDAAIMDGR.T R.GVEQMDPAWFATSHR.R K.AATVNAADLLGLADQJGSIAPGK.S R.LLANDAYEPVLAKE.I R.LALAAGADSIHGTILDEATIAQWAK.S R.GAATIIVEGK.I R.TVIHAGHLLAEPGPAR.G R.NLGDGDGATLALR.D K.SADIIAVASDPLADVR.V K.VAVPHAGADGIR.L K.QMFDEAQAIVDTAHLFGK.K K.FASTGGVNSR.I K.TYYVPTLSTVNGYK.E K.SLEQLVPR.G R.NGDEFELMWQHGMPTLEALK.A K.IAFGTDCGVSK.H R.LLGDVAIEAR.R R.LVFTNADADYAAR.V K.LFDLIDER.M R.YTPKPEATAYDVMVAHLGVDPVR.S R.GIADLFDGICDIR.I R.DVHAILDR.L R.RLVFTNADADYAAR.V R.EAVDTAIALDDGSFR.V R.DTLGLATTAVR.E R.GTWQVNWQLK.K R.AEVAEGVIVR.E R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F K.RVDAQTR.A K.FAGWGENR.F K.TGINELLR.D K.KAVLLSFR.L R.LNDMEIIEGGADGATWWDK.V R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.AKTGINELLR.D K.TGINELLR.D K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSAR.E R.SFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.YAGIAIPSTESLKDITAR.V R.VLPHYEAIAIAPQLAAGR.T R.HYGGTLGLDKAETA.AK.H R.HGQSQWNLENR.F R.TVLISAHGNSLR.A K.GAAEWAAGELMK.A K.HGQEQVR.I R.FTGWWDVVDVTEK.G K.TLNLALEAMGR.L R.RSFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.HYGGTLGLDK.A R.FTGWWDVVDVTEKGAEEWAAGELMK.A K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSARER.Y K.GVARDICTSVQTR.A R.KAPVAEGER.K R.ADLADGLLITDLVR.E R.LFDLLETGASSAENYPPFDIEK.I K.IAIGSSAAPVIEDKK.A R.RFQLADPVR.V K.IAIGSSAAPVIEDK.K R.VERADLADGLLITDLVR.E K.SDEIDITAQNMILTVSGR.K R.KLLYSGIATR.A
YP_617861	Sala_2823	ribosomal protein S12	52.03%	7	R.LSGELLDASNNR.G R.LSGELLDASNNRGNVAVK.K R.FGOVLSK.F K.KSVAESIVYGALEAVEAR.A R.NRSETTMAAR.L K.EPLGVFHEALANIRPNIEVR.S R.RVGGATYQVPEVRPDR.A R.EIILPDR.F R.AQALAIR.W K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGK.K R.GVLDIQGVKDR.K R.EVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.KPNSALR.K R.VYTTTPK.K R.LTNAREVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.VPAMDANPQK.R K.SKVPAMDANPQK.R R.AAIDALLAGQAVLAK.G R.DRITAEQDAAYR.A K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.ITAEQDAAYR.A R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.W R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.R R.LGDAPIVGAETVADR.A R.TDRAEVATSSGGWLVHGGAGTIR.R K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.TNELDAAIMDGR.T R.GVEQMDPAWFATSHR.R K.AATVNAADLLGLADQJGSIAPGK.S R.LLANDAYEPVLAKE.I R.LALAAGADSIHGTILDEATIAQWAK.S R.GAATIIVEGK.I R.TVIHAGHLLAEPGPAR.G R.NLGDGDGATLALR.D K.SADIIAVASDPLADVR.V K.VAVPHAGADGIR.L K.QMFDEAQAIVDTAHLFGK.K K.FASTGGVNSR.I K.TYYVPTLSTVNGYK.E K.SLEQLVPR.G R.NGDEFELMWQHGMPTLEALK.A K.IAFGTDCGVSK.H R.LLGDVAIEAR.R R.LVFTNADADYAAR.V K.LFDLIDER.M R.YTPKPEATAYDVMVAHLGVDPVR.S R.GIADLFDGICDIR.I R.DVHAILDR.L R.RLVFTNADADYAAR.V R.EAVDTAIALDDGSFR.V R.DTLGLATTAVR.E R.GTWQVNWQLK.K R.AEVAEGVIVR.E R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F K.RVDAQTR.A K.FAGWGENR.F K.TGINELLR.D K.KAVLLSFR.L R.LNDMEIIEGGADGATWWDK.V R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.AKTGINELLR.D K.TGINELLR.D K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSAR.E R.SFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.YAGIAIPSTESLKDITAR.V R.VLPHYEAIAIAPQLAAGR.T R.HYGGTLGLDKAETA.AK.H R.HGQSQWNLENR.F R.TVLISAHGNSLR.A K.GAAEWAAGELMK.A K.HGQEQVR.I R.FTGWWDVVDVTEK.G K.TLNLALEAMGR.L R.RSFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.HYGGTLGLDK.A R.FTGWWDVVDVTEKGAEEWAAGELMK.A K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSARER.Y K.GVARDICTSVQTR.A R.KAPVAEGER.K R.ADLADGLLITDLVR.E R.LFDLLETGASSAENYPPFDIEK.I K.IAIGSSAAPVIEDKK.A R.RFQLADPVR.V K.IAIGSSAAPVIEDK.K R.VERADLADGLLITDLVR.E K.SDEIDITAQNMILTVSGR.K R.KLLYSGIATR.A
YP_617862	Sala_2824	peptidase T2, asparaginase 2	39.66%	11	R.LSGELLDASNNR.G R.LSGELLDASNNRGNVAVK.K R.FGOVLSK.F K.KSVAESIVYGALEAVEAR.A R.NRSETTMAAR.L K.EPLGVFHEALANIRPNIEVR.S R.RVGGATYQVPEVRPDR.A R.EIILPDR.F R.AQALAIR.W K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGK.K R.GVLDIQGVKDR.K R.EVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.KPNSALR.K R.VYTTTPK.K R.LTNAREVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.VPAMDANPQK.R K.SKVPAMDANPQK.R R.AAIDALLAGQAVLAK.G R.DRITAEQDAAYR.A K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.ITAEQDAAYR.A R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.W R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.R R.LGDAPIVGAETVADR.A R.TDRAEVATSSGGWLVHGGAGTIR.R K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.TNELDAAIMDGR.T R.GVEQMDPAWFATSHR.R K.AATVNAADLLGLADQJGSIAPGK.S R.LLANDAYEPVLAKE.I R.LALAAGADSIHGTILDEATIAQWAK.S R.GAATIIVEGK.I R.TVIHAGHLLAEPGPAR.G R.NLGDGDGATLALR.D K.SADIIAVASDPLADVR.V K.VAVPHAGADGIR.L K.QMFDEAQAIVDTAHLFGK.K K.FASTGGVNSR.I K.TYYVPTLSTVNGYK.E K.SLEQLVPR.G R.NGDEFELMWQHGMPTLEALK.A K.IAFGTDCGVSK.H R.LLGDVAIEAR.R R.LVFTNADADYAAR.V K.LFDLIDER.M R.YTPKPEATAYDVMVAHLGVDPVR.S R.GIADLFDGICDIR.I R.DVHAILDR.L R.RLVFTNADADYAAR.V R.EAVDTAIALDDGSFR.V R.DTLGLATTAVR.E R.GTWQVNWQLK.K R.AEVAEGVIVR.E R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F K.RVDAQTR.A K.FAGWGENR.F K.TGINELLR.D K.KAVLLSFR.L R.LNDMEIIEGGADGATWWDK.V R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.AKTGINELLR.D K.TGINELLR.D K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSAR.E R.SFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.YAGIAIPSTESLKDITAR.V R.VLPHYEAIAIAPQLAAGR.T R.HYGGTLGLDKAETA.AK.H R.HGQSQWNLENR.F R.TVLISAHGNSLR.A K.GAAEWAAGELMK.A K.HGQEQVR.I R.FTGWWDVVDVTEK.G K.TLNLALEAMGR.L R.RSFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.HYGGTLGLDK.A R.FTGWWDVVDVTEKGAEEWAAGELMK.A K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSARER.Y K.GVARDICTSVQTR.A R.KAPVAEGER.K R.ADLADGLLITDLVR.E R.LFDLLETGASSAENYPPFDIEK.I K.IAIGSSAAPVIEDKK.A R.RFQLADPVR.V K.IAIGSSAAPVIEDK.K R.VERADLADGLLITDLVR.E K.SDEIDITAQNMILTVSGR.K R.KLLYSGIATR.A
YP_617863	Sala_2825	amidohydrolase	49.65%	14	R.LSGELLDASNNR.G R.LSGELLDASNNRGNVAVK.K R.FGOVLSK.F K.KSVAESIVYGALEAVEAR.A R.NRSETTMAAR.L K.EPLGVFHEALANIRPNIEVR.S R.RVGGATYQVPEVRPDR.A R.EIILPDR.F R.AQALAIR.W K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGK.K R.GVLDIQGVKDR.K R.EVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.KPNSALR.K R.VYTTTPK.K R.LTNAREVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.VPAMDANPQK.R K.SKVPAMDANPQK.R R.AAIDALLAGQAVLAK.G R.DRITAEQDAAYR.A K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.ITAEQDAAYR.A R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.W R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.R R.LGDAPIVGAETVADR.A R.TDRAEVATSSGGWLVHGGAGTIR.R K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.TNELDAAIMDGR.T R.GVEQMDPAWFATSHR.R K.AATVNAADLLGLADQJGSIAPGK.S R.LLANDAYEPVLAKE.I R.LALAAGADSIHGTILDEATIAQWAK.S R.GAATIIVEGK.I R.TVIHAGHLLAEPGPAR.G R.NLGDGDGATLALR.D K.SADIIAVASDPLADVR.V K.VAVPHAGADGIR.L K.QMFDEAQAIVDTAHLFGK.K K.FASTGGVNSR.I K.TYYVPTLSTVNGYK.E K.SLEQLVPR.G R.NGDEFELMWQHGMPTLEALK.A K.IAFGTDCGVSK.H R.LLGDVAIEAR.R R.LVFTNADADYAAR.V K.LFDLIDER.M R.YTPKPEATAYDVMVAHLGVDPVR.S R.GIADLFDGICDIR.I R.DVHAILDR.L R.RLVFTNADADYAAR.V R.EAVDTAIALDDGSFR.V R.DTLGLATTAVR.E R.GTWQVNWQLK.K R.AEVAEGVIVR.E R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F K.RVDAQTR.A K.FAGWGENR.F K.TGINELLR.D K.KAVLLSFR.L R.LNDMEIIEGGADGATWWDK.V R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.AKTGINELLR.D K.TGINELLR.D K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSAR.E R.SFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.YAGIAIPSTESLKDITAR.V R.VLPHYEAIAIAPQLAAGR.T R.HYGGTLGLDKAETA.AK.H R.HGQSQWNLENR.F R.TVLISAHGNSLR.A K.GAAEWAAGELMK.A K.HGQEQVR.I R.FTGWWDVVDVTEK.G K.TLNLALEAMGR.L R.RSFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.HYGGTLGLDK.A R.FTGWWDVVDVTEKGAEEWAAGELMK.A K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSARER.Y K.GVARDICTSVQTR.A R.KAPVAEGER.K R.ADLADGLLITDLVR.E R.LFDLLETGASSAENYPPFDIEK.I K.IAIGSSAAPVIEDKK.A R.RFQLADPVR.V K.IAIGSSAAPVIEDK.K R.VERADLADGLLITDLVR.E K.SDEIDITAQNMILTVSGR.K R.KLLYSGIATR.A
YP_617864	Sala_2827	Pyrimidine 5-nucleotidase	32.49%	7	R.LSGELLDASNNR.G R.LSGELLDASNNRGNVAVK.K R.FGOVLSK.F K.KSVAESIVYGALEAVEAR.A R.NRSETTMAAR.L K.EPLGVFHEALANIRPNIEVR.S R.RVGGATYQVPEVRPDR.A R.EIILPDR.F R.AQALAIR.W K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGK.K R.GVLDIQGVKDR.K R.EVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.KPNSALR.K R.VYTTTPK.K R.LTNAREVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.VPAMDANPQK.R K.SKVPAMDANPQK.R R.AAIDALLAGQAVLAK.G R.DRITAEQDAAYR.A K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.ITAEQDAAYR.A R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.W R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.R R.LGDAPIVGAETVADR.A R.TDRAEVATSSGGWLVHGGAGTIR.R K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.TNELDAAIMDGR.T R.GVEQMDPAWFATSHR.R K.AATVNAADLLGLADQJGSIAPGK.S R.LLANDAYEPVLAKE.I R.LALAAGADSIHGTILDEATIAQWAK.S R.GAATIIVEGK.I R.TVIHAGHLLAEPGPAR.G R.NLGDGDGATLALR.D K.SADIIAVASDPLADVR.V K.VAVPHAGADGIR.L K.QMFDEAQAIVDTAHLFGK.K K.FASTGGVNSR.I K.TYYVPTLSTVNGYK.E K.SLEQLVPR.G R.NGDEFELMWQHGMPTLEALK.A K.IAFGTDCGVSK.H R.LLGDVAIEAR.R R.LVFTNADADYAAR.V K.LFDLIDER.M R.YTPKPEATAYDVMVAHLGVDPVR.S R.GIADLFDGICDIR.I R.DVHAILDR.L R.RLVFTNADADYAAR.V R.EAVDTAIALDDGSFR.V R.DTLGLATTAVR.E R.GTWQVNWQLK.K R.AEVAEGVIVR.E R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F K.RVDAQTR.A K.FAGWGENR.F K.TGINELLR.D K.KAVLLSFR.L R.LNDMEIIEGGADGATWWDK.V R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.AKTGINELLR.D K.TGINELLR.D K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSAR.E R.SFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.YAGIAIPSTESLKDITAR.V R.VLPHYEAIAIAPQLAAGR.T R.HYGGTLGLDKAETA.AK.H R.HGQSQWNLENR.F R.TVLISAHGNSLR.A K.GAAEWAAGELMK.A K.HGQEQVR.I R.FTGWWDVVDVTEK.G K.TLNLALEAMGR.L R.RSFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.HYGGTLGLDK.A R.FTGWWDVVDVTEKGAEEWAAGELMK.A K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSARER.Y K.GVARDICTSVQTR.A R.KAPVAEGER.K R.ADLADGLLITDLVR.E R.LFDLLETGASSAENYPPFDIEK.I K.IAIGSSAAPVIEDKK.A R.RFQLADPVR.V K.IAIGSSAAPVIEDK.K R.VERADLADGLLITDLVR.E K.SDEIDITAQNMILTVSGR.K R.KLLYSGIATR.A
YP_617866	Sala_2828	2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase	43.21%	15	R.LSGELLDASNNR.G R.LSGELLDASNNRGNVAVK.K R.FGOVLSK.F K.KSVAESIVYGALEAVEAR.A R.NRSETTMAAR.L K.EPLGVFHEALANIRPNIEVR.S R.RVGGATYQVPEVRPDR.A R.EIILPDR.F R.AQALAIR.W K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGK.K R.GVLDIQGVKDR.K R.EVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.KPNSALR.K R.VYTTTPK.K R.LTNAREVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.VPAMDANPQK.R K.SKVPAMDANPQK.R R.AAIDALLAGQAVLAK.G R.DRITAEQDAAYR.A K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.ITAEQDAAYR.A R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.W R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.R R.LGDAPIVGAETVADR.A R.TDRAEVATSSGGWLVHGGAGTIR.R K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.TNELDAAIMDGR.T R.GVEQMDPAWFATSHR.R K.AATVNAADLLGLADQJGSIAPGK.S R.LLANDAYEPVLAKE.I R.LALAAGADSIHGTILDEATIAQWAK.S R.GAATIIVEGK.I R.TVIHAGHLLAEPGPAR.G R.NLGDGDGATLALR.D K.SADIIAVASDPLADVR.V K.VAVPHAGADGIR.L K.QMFDEAQAIVDTAHLFGK.K K.FASTGGVNSR.I K.TYYVPTLSTVNGYK.E K.SLEQLVPR.G R.NGDEFELMWQHGMPTLEALK.A K.IAFGTDCGVSK.H R.LLGDVAIEAR.R R.LVFTNADADYAAR.V K.LFDLIDER.M R.YTPKPEATAYDVMVAHLGVDPVR.S R.GIADLFDGICDIR.I R.DVHAILDR.L R.RLVFTNADADYAAR.V R.EAVDTAIALDDGSFR.V R.DTLGLATTAVR.E R.GTWQVNWQLK.K R.AEVAEGVIVR.E R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F K.RVDAQTR.A K.FAGWGENR.F K.TGINELLR.D K.KAVLLSFR.L R.LNDMEIIEGGADGATWWDK.V R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.AKTGINELLR.D K.TGINELLR.D K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSAR.E R.SFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.YAGIAIPSTESLKDITAR.V R.VLPHYEAIAIAPQLAAGR.T R.HYGGTLGLDKAETA.AK.H R.HGQSQWNLENR.F R.TVLISAHGNSLR.A K.GAAEWAAGELMK.A K.HGQEQVR.I R.FTGWWDVVDVTEK.G K.TLNLALEAMGR.L R.RSFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.HYGGTLGLDK.A R.FTGWWDVVDVTEKGAEEWAAGELMK.A K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSARER.Y K.GVARDICTSVQTR.A R.KAPVAEGER.K R.ADLADGLLITDLVR.E R.LFDLLETGASSAENYPPFDIEK.I K.IAIGSSAAPVIEDKK.A R.RFQLADPVR.V K.IAIGSSAAPVIEDK.K R.VERADLADGLLITDLVR.E K.SDEIDITAQNMILTVSGR.K R.KLLYSGIATR.A
YP_617868	Sala_2830	heat shock protein Hsp20	66.45%	11	R.LSGELLDASNNR.G R.LSGELLDASNNRGNVAVK.K R.FGOVLSK.F K.KSVAESIVYGALEAVEAR.A R.NRSETTMAAR.L K.EPLGVFHEALANIRPNIEVR.S R.RVGGATYQVPEVRPDR.A R.EIILPDR.F R.AQALAIR.W K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGKK.S K.FMNSVMLDGK.K R.GVLDIQGVKDR.K R.EVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.KPNSALR.K R.VYTTTPK.K R.LTNAREVITYIPGEGHNLQEHVSLIR.G K.VPAMDANPQK.R K.SKVPAMDANPQK.R R.AAIDALLAGQAVLAK.G R.DRITAEQDAAYR.A K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.ITAEQDAAYR.A R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.W R.DTHGNLAAATSTGGLTGR.R R.LGDAPIVGAETVADR.A R.TDRAEVATSSGGWLVHGGAGTIR.R K.GGSALDAVQAAVELMEDDPLFNAGR.G R.TNELDAAIMDGR.T R.GVEQMDPAWFATSHR.R K.AATVNAADLLGLADQJGSIAPGK.S R.LLANDAYEPVLAKE.I R.LALAAGADSIHGTILDEATIAQWAK.S R.GAATIIVEGK.I R.TVIHAGHLLAEPGPAR.G R.NLGDGDGATLALR.D K.SADIIAVASDPLADVR.V K.VAVPHAGADGIR.L K.QMFDEAQAIVDTAHLFGK.K K.FASTGGVNSR.I K.TYYVPTLSTVNGYK.E K.SLEQLVPR.G R.NGDEFELMWQHGMPTLEALK.A K.IAFGTDCGVSK.H R.LLGDVAIEAR.R R.LVFTNADADYAAR.V K.LFDLIDER.M R.YTPKPEATAYDVMVAHLGVDPVR.S R.GIADLFDGICDIR.I R.DVHAILDR.L R.RLVFTNADADYAAR.V R.EAVDTAIALDDGSFR.V R.DTLGLATTAVR.E R.GTWQVNWQLK.K R.AEVAEGVIVR.E R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F K.RVDAQTR.A K.FAGWGENR.F K.TGINELLR.D K.KAVLLSFR.L R.LNDMEIIEGGADGATWWDK.V R.LNDMEIIEGGADGATWWDKVPK.F R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.EGAVLSMGVYLGASTK.I R.AKTGINELLR.D K.TGINELLR.D K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSAR.E R.SFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.YAGIAIPSTESLKDITAR.V R.VLPHYEAIAIAPQLAAGR.T R.HYGGTLGLDKAETA.AK.H R.HGQSQWNLENR.F R.TVLISAHGNSLR.A K.GAAEWAAGELMK.A K.HGQEQVR.I R.FTGWWDVVDVTEK.G K.TLNLALEAMGR.L R.RSFDIPPPPLEAGSQWDLSDAPR.Y R.HYGGTLGLDK.A R.FTGWWDVVDVTEKGAEEWAAGELMK.A K.HLSGSDADITGLEIPTGQPIVYEINDLSARER.Y K.GVARDICTSVQTR.A R.KAPVAEGER.K R.ADLADGLLITDLVR.E R.LFDLLETGASSAENYPPFDIEK.I K.IAIGSSAAPVIEDKK.A R.RFQLADPVR.V K.IAIGSSAAPVIEDK.K R.VERADLADGLLITDLVR.E K.SDEIDITAQNMILTVSGR.K R.KLLYSGIATR.A

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617870	Sala_2832	peptidase M14, carboxypeptidase A	23.31%	7	R.FQLADFVR.V K.APVAEGER.K R.LDTTYDAGTLTIR.H R.LDPVVGWSPER.S K.DRESDFQWFHFR.V R.TNYAGVNLNR.E R.FHIVPMNMPDGSR.R R.SPEVLCVR.N
YP_617871	Sala_2833	hypothetical protein	37.50%	6	R.FGAVSMTLEMPFKDNR.D R.LQLQGLAPAPESGR.A R.FHNNAVAGWTPGTR.Y K.APANQPSLAAAK.L K.LAEALFKDFPGESGR.T R.IDDAATGQALWEGR.A R.ALTAVPWKAPANQPSLAAAK.L R.RLAIDGGHHWESVGPDPDDLESR.T R.TEAVGGFATILAR.G R.RTEAVGGFATILAR.G R.LAIDGGHHWESVGPDPDDLESR.T K.ALFPFVGDLSR.S R.SLGLDAGEVSEALLER.E K.KALFPFVGDLSR.S K.NDEALYALLADSEAR.D R.AHVHIDSKK.A .MNLSSLLYPATVR.A R.PIDFNAVGLPVDLLVLLSPLDAGADHLK.A R.NEAIAR.L R.GLFLQAR.P R.GAKNDEALYALLADSEAR.D R.VSGHQIETGEALQHVADR.M R.NTNALLVNSK.T K.GHGQQAQDAHVAFEGAADR.I R.MNAIADKYFSR.A R.VDIPNSVSDVMMDLR.N R.RDDGTIGWVEPR. K.GHGQQAQDAHVAFEGAADRIEK.Q R.AISAHATFGK.G R.DDGTIGWVEPR. K.TGAHNMVYR.R K.GPHDSFQCDIVAHVMQGLVK.G R.MNAIADKYFSR.A R.MNAIADK.Y R.QIGLGLASSAALPTASLAAR.R R.HAEFVAGLNQLPLDVTV. R.ETGVTFHAYFNER.D R.VDELLDFGDPALJAHNAADFQFVNAELER.I R.EIIFDIETTFQDPR.N R.VLGNTHELAALAIHPAVFR.A R.DVVLDIPLFEK.G R.LQGGALVAEAEAR.F R.VGVVPFDADAHVHR.L R.VGAIIVSAPAWLQR.R R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVYDLYVSPYLR.T R.GTIGAMNTIVR.Q K.SPLIHGFVLDALGMEGDYRR.A K.LWIRPISDAFIADYVAQWDSIR.W R.NIADALAEK.A R.LFSAVAAR.D R.AAGLAFETTAHVDEEMLTASLR.A K.TANIPVPESPPSALFNLR.R K.AAIAQFDDVEVVR.H R.RMFADNGWPIVIVTR.R R.MLDLPTVAALDAVTDALSR.M R.LLSLNQAPETSYVDDERVK.A K.TPTSIYLANR.G R.LLSLNQAPETSYVDDER.V R.ASPGMILFTLVNGLR.S R.VAASLPPETFLGAGSPWTVATYVMVAGR.G R.LAPFVVDGALASLEAPR.L R.SSEANLYAGPDDIYVSPNQYR.K K.GEVVSTFDPATR.H K.DVVILLDSITR.L R.VIDLVSQPK.G R.AYNTVPSGK.V K.VLTGGVDANALQRPK.R K.LSLDVTDPYKDK.S R.TGDTVEGEIR.A R.SVKGEVSTFDPATR.H K.LISVFDPPDVR.H K.ELAEIEEIGSGTIEVLPDSFGFLR.S R.LLNQNGTVDAMEFLDK.I R.HRVNFDNLTPYPNQK.L R.NIEEGSLIATLIDTGSR.M R.KQQLMFSILK.E R.HVQVAEMVIEK.A K.TVLLQNIK.A K.GTGNSEIVLDR.K R.WFDNLTPYPNQK.L K.SPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.GTGNSEIVLDRK.V K.VLTGGVDANALQRP.P K.TKSPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.ATTDNHPEVYLVLDVDERPEEVTDMQR.S R.KEELVEK.D K.TNEDFFDSMNQ. R.IFPALDVGK.S K.LSLDVTDPYK.D R.MDEVIFEK.G K.EELVEKDK.L R.ALIDTGSVSGVPTIVTQLGLR.S R.IVTDVAVLAENPADLSHVIGR.A R.AIVPEIFGVNAGR.Q R.IPAYVARPDADSSR.A R.IHDALDPHK.V R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVK.D R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVKDEAAIR.W R.RNDEGAR.L R.WLHSQGASK.V R.QKCDWAAEGYLAIPDFWR.F R.AFFAEHLA. R.LAYMAAR.T K.VTLHDYGLDGHFAATHGNR.R K.CDDWAAEGYLAIPDFWR.F R.IDLAEAGLADLAAETESQR.V K.STLINALAQR.E K.AAVEGADILLWLGAPK.E R.AAIQTLAAEGETTVVAGEAALR.L R.ALANEALLDPLDYAAGGLSR.E R.LIQEQPSDGGK.W R.SPLFTGAIAGAPR.Y R.IAGLDLADGTALTAR.A R.SESYGMVDDLVQGVTEPYR.M R.LTLVPEIESIDR.A R.LRADNAAR.L R.AGALLEAPVATADYGAIGLPLPGDGIAR.R R.TIEGLEAVEMVPGYAVEYDHIDPR.A R.PATAALFAR.R R.AVVLATGTLGGR.L R.AILSEVVEDAHYAPYAR.H .MHSSATFDVYVGGGHAGTEAAAAAAR.L R.TDAESGLVGTGR.I R.HIADSAQLLALDTR.E R.VATRPATISAR.A R.GWLTQAFAPSTEQWAQIER.F
YP_617873	Sala_2835	hypothetical protein	34.23%	4	R.LAIDGGHHWESVGPDPDDLESR.T R.TEAVGGFATILAR.G R.RTEAVGGFATILAR.G R.LAIDGGHHWESVGPDPDDLESR.T K.ALFPFVGDLSR.S R.SLGLDAGEVSEALLER.E K.KALFPFVGDLSR.S K.NDEALYALLADSEAR.D R.AHVHIDSKK.A .MNLSSLLYPATVR.A R.PIDFNAVGLPVDLLVLLSPLDAGADHLK.A R.NEAIAR.L R.GLFLQAR.P R.GAKNDEALYALLADSEAR.D R.VSGHQIETGEALQHVADR.M R.NTNALLVNSK.T K.GHGQQAQDAHVAFEGAADR.I R.MNAIADKYFSR.A R.VDIPNSVSDVMMDLR.N R.RDDGTIGWVEPR. K.GHGQQAQDAHVAFEGAADRIEK.Q R.AISAHATFGK.G R.DDGTIGWVEPR. K.TGAHNMVYR.R K.GPHDSFQCDIVAHVMQGLVK.G R.MNAIADKYFSR.A R.MNAIADK.Y R.QIGLGLASSAALPTASLAAR.R R.HAEFVAGLNQLPLDVTV. R.ETGVTFHAYFNER.D R.VDELLDFGDPALJAHNAADFQFVNAELER.I R.EIIFDIETTFQDPR.N R.VLGNTHELAALAIHPAVFR.A R.DVVLDIPLFEK.G R.LQGGALVAEAEAR.F R.VGVVPFDADAHVHR.L R.VGAIIVSAPAWLQR.R R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVYDLYVSPYLR.T R.GTIGAMNTIVR.Q K.SPLIHGFVLDALGMEGDYRR.A K.LWIRPISDAFIADYVAQWDSIR.W R.NIADALAEK.A R.LFSAVAAR.D R.AAGLAFETTAHVDEEMLTASLR.A K.TANIPVPESPPSALFNLR.R K.AAIAQFDDVEVVR.H R.RMFADNGWPIVIVTR.R R.MLDLPTVAALDAVTDALSR.M R.LLSLNQAPETSYVDDERVK.A K.TPTSIYLANR.G R.LLSLNQAPETSYVDDER.V R.ASPGMILFTLVNGLR.S R.VAASLPPETFLGAGSPWTVATYVMVAGR.G R.LAPFVVDGALASLEAPR.L R.SSEANLYAGPDDIYVSPNQYR.K K.GEVVSTFDPATR.H K.DVVILLDSITR.L R.VIDLVSQPK.G R.AYNTVPSGK.V K.VLTGGVDANALQRPK.R K.LSLDVTDPYKDK.S R.TGDTVEGEIR.A R.SVKGEVSTFDPATR.H K.LISVFDPPDVR.H K.ELAEIEEIGSGTIEVLPDSFGFLR.S R.LLNQNGTVDAMEFLDK.I R.HRVNFDNLTPYPNQK.L R.NIEEGSLIATLIDTGSR.M R.KQQLMFSILK.E R.HVQVAEMVIEK.A K.TVLLQNIK.A K.GTGNSEIVLDR.K R.WFDNLTPYPNQK.L K.SPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.GTGNSEIVLDRK.V K.VLTGGVDANALQRP.P K.TKSPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.ATTDNHPEVYLVLDVDERPEEVTDMQR.S R.KEELVEK.D K.TNEDFFDSMNQ. R.IFPALDVGK.S K.LSLDVTDPYK.D R.MDEVIFEK.G K.EELVEKDK.L R.ALIDTGSVSGVPTIVTQLGLR.S R.IVTDVAVLAENPADLSHVIGR.A R.AIVPEIFGVNAGR.Q R.IPAYVARPDADSSR.A R.IHDALDPHK.V R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVK.D R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVKDEAAIR.W R.RNDEGAR.L R.WLHSQGASK.V R.QKCDWAAEGYLAIPDFWR.F R.AFFAEHLA. R.LAYMAAR.T K.VTLHDYGLDGHFAATHGNR.R K.CDDWAAEGYLAIPDFWR.F R.IDLAEAGLADLAAETESQR.V K.STLINALAQR.E K.AAVEGADILLWLGAPK.E R.AAIQTLAAEGETTVVAGEAALR.L R.ALANEALLDPLDYAAGGLSR.E R.LIQEQPSDGGK.W R.SPLFTGAIAGAPR.Y R.IAGLDLADGTALTAR.A R.SESYGMVDDLVQGVTEPYR.M R.LTLVPEIESIDR.A R.LRADNAAR.L R.AGALLEAPVATADYGAIGLPLPGDGIAR.R R.TIEGLEAVEMVPGYAVEYDHIDPR.A R.PATAALFAR.R R.AVVLATGTLGGR.L R.AILSEVVEDAHYAPYAR.H .MHSSATFDVYVGGGHAGTEAAAAAAR.L R.TDAESGLVGTGR.I R.HIADSAQLLALDTR.E R.VATRPATISAR.A R.GWLTQAFAPSTEQWAQIER.F
YP_617874	Sala_2836	putative PTS IIA-like nitrogen-regulatory protein PtsN	74.03%	10	R.FGAVSMTLEMPFKDNR.D R.LQLQGLAPAPESGR.A R.FHNNAVAGWTPGTR.Y K.APANQPSLAAAK.L K.LAEALFKDFPGESGR.T R.IDDAATGQALWEGR.A R.ALTAVPWKAPANQPSLAAAK.L R.RLAIDGGHHWESVGPDPDDLESR.T R.TEAVGGFATILAR.G R.RTEAVGGFATILAR.G R.LAIDGGHHWESVGPDPDDLESR.T K.ALFPFVGDLSR.S R.SLGLDAGEVSEALLER.E K.KALFPFVGDLSR.S K.NDEALYALLADSEAR.D R.AHVHIDSKK.A .MNLSSLLYPATVR.A R.PIDFNAVGLPVDLLVLLSPLDAGADHLK.A R.NEAIAR.L R.GLFLQAR.P R.GAKNDEALYALLADSEAR.D R.VSGHQIETGEALQHVADR.M R.NTNALLVNSK.T K.GHGQQAQDAHVAFEGAADR.I R.MNAIADKYFSR.A R.VDIPNSVSDVMMDLR.N R.RDDGTIGWVEPR. K.GHGQQAQDAHVAFEGAADRIEK.Q R.AISAHATFGK.G R.DDGTIGWVEPR. K.TGAHNMVYR.R K.GPHDSFQCDIVAHVMQGLVK.G R.MNAIADKYFSR.A R.MNAIADK.Y R.QIGLGLASSAALPTASLAAR.R R.HAEFVAGLNQLPLDVTV. R.ETGVTFHAYFNER.D R.VDELLDFGDPALJAHNAADFQFVNAELER.I R.EIIFDIETTFQDPR.N R.VLGNTHELAALAIHPAVFR.A R.DVVLDIPLFEK.G R.LQGGALVAEAEAR.F R.VGVVPFDADAHVHR.L R.VGAIIVSAPAWLQR.R R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVYDLYVSPYLR.T R.GTIGAMNTIVR.Q K.SPLIHGFVLDALGMEGDYRR.A K.LWIRPISDAFIADYVAQWDSIR.W R.NIADALAEK.A R.LFSAVAAR.D R.AAGLAFETTAHVDEEMLTASLR.A K.TANIPVPESPPSALFNLR.R K.AAIAQFDDVEVVR.H R.RMFADNGWPIVIVTR.R R.MLDLPTVAALDAVTDALSR.M R.LLSLNQAPETSYVDDERVK.A K.TPTSIYLANR.G R.LLSLNQAPETSYVDDER.V R.ASPGMILFTLVNGLR.S R.VAASLPPETFLGAGSPWTVATYVMVAGR.G R.LAPFVVDGALASLEAPR.L R.SSEANLYAGPDDIYVSPNQYR.K K.GEVVSTFDPATR.H K.DVVILLDSITR.L R.VIDLVSQPK.G R.AYNTVPSGK.V K.VLTGGVDANALQRPK.R K.LSLDVTDPYKDK.S R.TGDTVEGEIR.A R.SVKGEVSTFDPATR.H K.LISVFDPPDVR.H K.ELAEIEEIGSGTIEVLPDSFGFLR.S R.LLNQNGTVDAMEFLDK.I R.HRVNFDNLTPYPNQK.L R.NIEEGSLIATLIDTGSR.M R.KQQLMFSILK.E R.HVQVAEMVIEK.A K.TVLLQNIK.A K.GTGNSEIVLDR.K R.WFDNLTPYPNQK.L K.SPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.GTGNSEIVLDRK.V K.VLTGGVDANALQRP.P K.TKSPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.ATTDNHPEVYLVLDVDERPEEVTDMQR.S R.KEELVEK.D K.TNEDFFDSMNQ. R.IFPALDVGK.S K.LSLDVTDPYK.D R.MDEVIFEK.G K.EELVEKDK.L R.ALIDTGSVSGVPTIVTQLGLR.S R.IVTDVAVLAENPADLSHVIGR.A R.AIVPEIFGVNAGR.Q R.IPAYVARPDADSSR.A R.IHDALDPHK.V R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVK.D R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVKDEAAIR.W R.RNDEGAR.L R.WLHSQGASK.V R.QKCDWAAEGYLAIPDFWR.F R.AFFAEHLA. R.LAYMAAR.T K.VTLHDYGLDGHFAATHGNR.R K.CDDWAAEGYLAIPDFWR.F R.IDLAEAGLADLAAETESQR.V K.STLINALAQR.E K.AAVEGADILLWLGAPK.E R.AAIQTLAAEGETTVVAGEAALR.L R.ALANEALLDPLDYAAGGLSR.E R.LIQEQPSDGGK.W R.SPLFTGAIAGAPR.Y R.IAGLDLADGTALTAR.A R.SESYGMVDDLVQGVTEPYR.M R.LTLVPEIESIDR.A R.LRADNAAR.L R.AGALLEAPVATADYGAIGLPLPGDGIAR.R R.TIEGLEAVEMVPGYAVEYDHIDPR.A R.PATAALFAR.R R.AVVLATGTLGGR.L R.AILSEVVEDAHYAPYAR.H .MHSSATFDVYVGGGHAGTEAAAAAAR.L R.TDAESGLVGTGR.I R.HIADSAQLLALDTR.E R.VATRPATISAR.A R.GWLTQAFAPSTEQWAQIER.F
YP_617875	Sala_2837	sigma 54 modulation protein/ribosomal protein S30EA	69.11%	13	R.FGAVSMTLEMPFKDNR.D R.LQLQGLAPAPESGR.A R.FHNNAVAGWTPGTR.Y K.APANQPSLAAAK.L K.LAEALFKDFPGESGR.T R.IDDAATGQALWEGR.A R.ALTAVPWKAPANQPSLAAAK.L R.RLAIDGGHHWESVGPDPDDLESR.T R.TEAVGGFATILAR.G R.RTEAVGGFATILAR.G R.LAIDGGHHWESVGPDPDDLESR.T K.ALFPFVGDLSR.S R.SLGLDAGEVSEALLER.E K.KALFPFVGDLSR.S K.NDEALYALLADSEAR.D R.AHVHIDSKK.A .MNLSSLLYPATVR.A R.PIDFNAVGLPVDLLVLLSPLDAGADHLK.A R.NEAIAR.L R.GLFLQAR.P R.GAKNDEALYALLADSEAR.D R.VSGHQIETGEALQHVADR.M R.NTNALLVNSK.T K.GHGQQAQDAHVAFEGAADR.I R.MNAIADKYFSR.A R.VDIPNSVSDVMMDLR.N R.RDDGTIGWVEPR. K.GHGQQAQDAHVAFEGAADRIEK.Q R.AISAHATFGK.G R.DDGTIGWVEPR. K.TGAHNMVYR.R K.GPHDSFQCDIVAHVMQGLVK.G R.MNAIADKYFSR.A R.MNAIADK.Y R.QIGLGLASSAALPTASLAAR.R R.HAEFVAGLNQLPLDVTV. R.ETGVTFHAYFNER.D R.VDELLDFGDPALJAHNAADFQFVNAELER.I R.EIIFDIETTFQDPR.N R.VLGNTHELAALAIHPAVFR.A R.DVVLDIPLFEK.G R.LQGGALVAEAEAR.F R.VGVVPFDADAHVHR.L R.VGAIIVSAPAWLQR.R R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVYDLYVSPYLR.T R.GTIGAMNTIVR.Q K.SPLIHGFVLDALGMEGDYRR.A K.LWIRPISDAFIADYVAQWDSIR.W R.NIADALAEK.A R.LFSAVAAR.D R.AAGLAFETTAHVDEEMLTASLR.A K.TANIPVPESPPSALFNLR.R K.AAIAQFDDVEVVR.H R.RMFADNGWPIVIVTR.R R.MLDLPTVAALDAVTDALSR.M R.LLSLNQAPETSYVDDERVK.A K.TPTSIYLANR.G R.LLSLNQAPETSYVDDER.V R.ASPGMILFTLVNGLR.S R.VAASLPPETFLGAGSPWTVATYVMVAGR.G R.LAPFVVDGALASLEAPR.L R.SSEANLYAGPDDIYVSPNQYR.K K.GEVVSTFDPATR.H K.DVVILLDSITR.L R.VIDLVSQPK.G R.AYNTVPSGK.V K.VLTGGVDANALQRPK.R K.LSLDVTDPYKDK.S R.TGDTVEGEIR.A R.SVKGEVSTFDPATR.H K.LISVFDPPDVR.H K.ELAEIEEIGSGTIEVLPDSFGFLR.S R.LLNQNGTVDAMEFLDK.I R.HRVNFDNLTPYPNQK.L R.NIEEGSLIATLIDTGSR.M R.KQQLMFSILK.E R.HVQVAEMVIEK.A K.TVLLQNIK.A K.GTGNSEIVLDR.K R.WFDNLTPYPNQK.L K.SPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.GTGNSEIVLDRK.V K.VLTGGVDANALQRP.P K.TKSPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.ATTDNHPEVYLVLDVDERPEEVTDMQR.S R.KEELVEK.D K.TNEDFFDSMNQ. R.IFPALDVGK.S K.LSLDVTDPYK.D R.MDEVIFEK.G K.EELVEKDK.L R.ALIDTGSVSGVPTIVTQLGLR.S R.IVTDVAVLAENPADLSHVIGR.A R.AIVPEIFGVNAGR.Q R.IPAYVARPDADSSR.A R.IHDALDPHK.V R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVK.D R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVKDEAAIR.W R.RNDEGAR.L R.WLHSQGASK.V R.QKCDWAAEGYLAIPDFWR.F R.AFFAEHLA. R.LAYMAAR.T K.VTLHDYGLDGHFAATHGNR.R K.CDDWAAEGYLAIPDFWR.F R.IDLAEAGLADLAAETESQR.V K.STLINALAQR.E K.AAVEGADILLWLGAPK.E R.AAIQTLAAEGETTVVAGEAALR.L R.ALANEALLDPLDYAAGGLSR.E R.LIQEQPSDGGK.W R.SPLFTGAIAGAPR.Y R.IAGLDLADGTALTAR.A R.SESYGMVDDLVQGVTEPYR.M R.LTLVPEIESIDR.A R.LRADNAAR.L R.AGALLEAPVATADYGAIGLPLPGDGIAR.R R.TIEGLEAVEMVPGYAVEYDHIDPR.A R.PATAALFAR.R R.AVVLATGTLGGR.L R.AILSEVVEDAHYAPYAR.H .MHSSATFDVYVGGGHAGTEAAAAAAR.L R.TDAESGLVGTGR.I R.HIADSAQLLALDTR.E R.VATRPATISAR.A R.GWLTQAFAPSTEQWAQIER.F
YP_617876	Sala_2838	DNA polymerase III, epsilon subunit	42.42%	5	R.QIGLGLASSAALPTASLAAR.R R.HAEFVAGLNQLPLDVTV. R.ETGVTFHAYFNER.D R.VDELLDFGDPALJAHNAADFQFVNAELER.I R.EIIFDIETTFQDPR.N R.VLGNTHELAALAIHPAVFR.A R.DVVLDIPLFEK.G R.LQGGALVAEAEAR.F R.VGVVPFDADAHVHR.L R.VGAIIVSAPAWLQR.R R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVYDLYVSPYLR.T R.GTIGAMNTIVR.Q K.SPLIHGFVLDALGMEGDYRR.A K.LWIRPISDAFIADYVAQWDSIR.W R.NIADALAEK.A R.LFSAVAAR.D R.AAGLAFETTAHVDEEMLTASLR.A K.TANIPVPESPPSALFNLR.R K.AAIAQFDDVEVVR.H R.RMFADNGWPIVIVTR.R R.MLDLPTVAALDAVTDALSR.M R.LLSLNQAPETSYVDDERVK.A K.TPTSIYLANR.G R.LLSLNQAPETSYVDDER.V R.ASPGMILFTLVNGLR.S R.VAASLPPETFLGAGSPWTVATYVMVAGR.G R.LAPFVVDGALASLEAPR.L R.SSEANLYAGPDDIYVSPNQYR.K K.GEVVSTFDPATR.H K.DVVILLDSITR.L R.VIDLVSQPK.G R.AYNTVPSGK.V K.VLTGGVDANALQRPK.R K.LSLDVTDPYKDK.S R.TGDTVEGEIR.A R.SVKGEVSTFDPATR.H K.LISVFDPPDVR.H K.ELAEIEEIGSGTIEVLPDSFGFLR.S R.LLNQNGTVDAMEFLDK.I R.HRVNFDNLTPYPNQK.L R.NIEEGSLIATLIDTGSR.M R.KQQLMFSILK.E R.HVQVAEMVIEK.A K.TVLLQNIK.A K.GTGNSEIVLDR.K R.WFDNLTPYPNQK.L K.SPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.GTGNSEIVLDRK.V K.VLTGGVDANALQRP.P K.TKSPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.ATTDNHPEVYLVLDVDERPEEVTDMQR.S R.KEELVEK.D K.TNEDFFDSMNQ. R.IFPALDVGK.S K.LSLDVTDPYK.D R.MDEVIFEK.G K.EELVEKDK.L R.ALIDTGSVSGVPTIVTQLGLR.S R.IVTDVAVLAENPADLSHVIGR.A R.AIVPEIFGVNAGR.Q R.IPAYVARPDADSSR.A R.IHDALDPHK.V R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVK.D R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVKDEAAIR.W R.RNDEGAR.L R.WLHSQGASK.V R.QKCDWAAEGYLAIPDFWR.F R.AFFAEHLA. R.LAYMAAR.T K.VTLHDYGLDGHFAATHGNR.R K.CDDWAAEGYLAIPDFWR.F R.IDLAEAGLADLAAETESQR.V K.STLINALAQR.E K.AAVEGADILLWLGAPK.E R.AAIQTLAAEGETTVVAGEAALR.L R.ALANEALLDPLDYAAGGLSR.E R.LIQEQPSDGGK.W R.SPLFTGAIAGAPR.Y R.IAGLDLADGTALTAR.A R.SESYGMVDDLVQGVTEPYR.M R.LTLVPEIESIDR.A R.LRADNAAR.L R.AGALLEAPVATADYGAIGLPLPGDGIAR.R R.TIEGLEAVEMVPGYAVEYDHIDPR.A R.PATAALFAR.R R.AVVLATGTLGGR.L R.AILSEVVEDAHYAPYAR.H .MHSSATFDVYVGGGHAGTEAAAAAAR.L R.TDAESGLVGTGR.I R.HIADSAQLLALDTR.E R.VATRPATISAR.A R.GWLTQAFAPSTEQWAQIER.F
YP_617877	Sala_2839	Dephospho-CoA kinase	37.68%	5	R.QIGLGLASSAALPTASLAAR.R R.HAEFVAGLNQLPLDVTV. R.ETGVTFHAYFNER.D R.VDELLDFGDPALJAHNAADFQFVNAELER.I R.EIIFDIETTFQDPR.N R.VLGNTHELAALAIHPAVFR.A R.DVVLDIPLFEK.G R.LQGGALVAEAEAR.F R.VGVVPFDADAHVHR.L R.VGAIIVSAPAWLQR.R R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVYDLYVSPYLR.T R.GTIGAMNTIVR.Q K.SPLIHGFVLDALGMEGDYRR.A K.LWIRPISDAFIADYVAQWDSIR.W R.NIADALAEK.A R.LFSAVAAR.D R.AAGLAFETTAHVDEEMLTASLR.A K.TANIPVPESPPSALFNLR.R K.AAIAQFDDVEVVR.H R.RMFADNGWPIVIVTR.R R.MLDLPTVAALDAVTDALSR.M R.LLSLNQAPETSYVDDERVK.A K.TPTSIYLANR.G R.LLSLNQAPETSYVDDER.V R.ASPGMILFTLVNGLR.S R.VAASLPPETFLGAGSPWTVATYVMVAGR.G R.LAPFVVDGALASLEAPR.L R.SSEANLYAGPDDIYVSPNQYR.K K.GEVVSTFDPATR.H K.DVVILLDSITR.L R.VIDLVSQPK.G R.AYNTVPSGK.V K.VLTGGVDANALQRPK.R K.LSLDVTDPYKDK.S R.TGDTVEGEIR.A R.SVKGEVSTFDPATR.H K.LISVFDPPDVR.H K.ELAEIEEIGSGTIEVLPDSFGFLR.S R.LLNQNGTVDAMEFLDK.I R.HRVNFDNLTPYPNQK.L R.NIEEGSLIATLIDTGSR.M R.KQQLMFSILK.E R.HVQVAEMVIEK.A K.TVLLQNIK.A K.GTGNSEIVLDR.K R.WFDNLTPYPNQK.L K.SPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.GTGNSEIVLDRK.V K.VLTGGVDANALQRP.P K.TKSPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.ATTDNHPEVYLVLDVDERPEEVTDMQR.S R.KEELVEK.D K.TNEDFFDSMNQ. R.IFPALDVGK.S K.LSLDVTDPYK.D R.MDEVIFEK.G K.EELVEKDK.L R.ALIDTGSVSGVPTIVTQLGLR.S R.IVTDVAVLAENPADLSHVIGR.A R.AIVPEIFGVNAGR.Q R.IPAYVARPDADSSR.A R.IHDALDPHK.V R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVK.D R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVKDEAAIR.W R.RNDEGAR.L R.WLHSQGASK.V R.QKCDWAAEGYLAIPDFWR.F R.AFFAEHLA. R.LAYMAAR.T K.VTLHDYGLDGHFAATHGNR.R K.CDDWAAEGYLAIPDFWR.F R.IDLAEAGLADLAAETESQR.V K.STLINALAQR.E K.AAVEGADILLWLGAPK.E R.AAIQTLAAEGETTVVAGEAALR.L R.ALANEALLDPLDYAAGGLSR.E R.LIQEQPSDGGK.W R.SPLFTGAIAGAPR.Y R.IAGLDLADGTALTAR.A R.SESYGMVDDLVQGVTEPYR.M R.LTLVPEIESIDR.A R.LRADNAAR.L R.AGALLEAPVATADYGAIGLPLPGDGIAR.R R.TIEGLEAVEMVPGYAVEYDHIDPR.A R.PATAALFAR.R R.AVVLATGTLGGR.L R.AILSEVVEDAHYAPYAR.H .MHSSATFDVYVGGGHAGTEAAAAAAR.L R.TDAESGLVGTGR.I R.HIADSAQLLALDTR.E R.VATRPATISAR.A R.GWLTQAFAPSTEQWAQIER.F
YP_617878	Sala_2840	shikimate 5-dehydrogenase	48.91%	6	R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVYDLYVSPYLR.T R.GTIGAMNTIVR.Q K.SPLIHGFVLDALGMEGDYRR.A K.LWIRPISDAFIADYVAQWDSIR.W R.NIADALAEK.A R.LFSAVAAR.D R.AAGLAFETTAHVDEEMLTASLR.A K.TANIPVPESPPSALFNLR.R K.AAIAQFDDVEVVR.H R.RMFADNGWPIVIVTR.R R.MLDLPTVAALDAVTDALSR.M R.LLSLNQAPETSYVDDERVK.A K.TPTSIYLANR.G R.LLSLNQAPETSYVDDER.V R.ASPGMILFTLVNGLR.S R.VAASLPPETFLGAGSPWTVATYVMVAGR.G R.LAPFVVDGALASLEAPR.L R.SSEANLYAGPDDIYVSPNQYR.K K.GEVVSTFDPATR.H K.DVVILLDSITR.L R.VIDLVSQPK.G R.AYNTVPSGK.V K.VLTGGVDANALQRPK.R K.LSLDVTDPYKDK.S R.TGDTVEGEIR.A R.SVKGEVSTFDPATR.H K.LISVFDPPDVR.H K.ELAEIEEIGSGTIEVLPDSFGFLR.S R.LLNQNGTVDAMEFLDK.I R.HRVNFDNLTPYPNQK.L R.NIEEGSLIATLIDTGSR.M R.KQQLMFSILK.E R.HVQVAEMVIEK.A K.TVLLQNIK.A K.GTGNSEIVLDR.K R.WFDNLTPYPNQK.L K.SPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.GTGNSEIVLDRK.V K.VLTGGVDANALQRP.P K.TKSPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.ATTDNHPEVYLVLDVDERPEEVTDMQR.S R.KEELVEK.D K.TNEDFFDSMNQ. R.IFPALDVGK.S K.LSLDVTDPYK.D R.MDEVIFEK.G K.EELVEKDK.L R.ALIDTGSVSGVPTIVTQLGLR.S R.IVTDVAVLAENPADLSHVIGR.A R.AIVPEIFGVNAGR.Q R.IPAYVARPDADSSR.A R.IHDALDPHK.V R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVK.D R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVKDEAAIR.W R.RNDEGAR.L R.WLHSQGASK.V R.QKCDWAAEGYLAIPDFWR.F R.AFFAEHLA. R.LAYMAAR.T K.VTLHDYGLDGHFAATHGNR.R K.CDDWAAEGYLAIPDFWR.F R.IDLAEAGLADLAAETESQR.V K.STLINALAQR.E K.AAVEGADILLWLGAPK.E R.AAIQTLAAEGETTVVAGEAALR.L R.ALANEALLDPLDYAAGGLSR.E R.LIQEQPSDGGK.W R.SPLFTGAIAGAPR.Y R.IAGLDLADGTALTAR.A R.SESYGMVDDLVQGVTEPYR.M R.LTLVPEIESIDR.A R.LRADNAAR.L R.AGALLEAPVATADYGAIGLPLPGDGIAR.R R.TIEGLEAVEMVPGYAVEYDHIDPR.A R.PATAALFAR.R R.AVVLATGTLGGR.L R.AILSEVVEDAHYAPYAR.H .MHSSATFDVYVGGGHAGTEAAAAAAR.L R.TDAESGLVGTGR.I R.HIADSAQLLALDTR.E R.VATRPATISAR.A R.GWLTQAFAPSTEQWAQIER.F
YP_617879	Sala_2841	maf protein	32.83%	4	R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVYDLYVSPYLR.T R.GTIGAMNTIVR.Q K.SPLIHGFVLDALGMEGDYRR.A K.LWIRPISDAFIADYVAQWDSIR.W R.NIADALAEK.A R.LFSAVAAR.D R.AAGLAFETTAHVDEEMLTASLR.A K.TANIPVPESPPSALFNLR.R K.AAIAQFDDVEVVR.H R.RMFADNGWPIVIVTR.R R.MLDLPTVAALDAVTDALSR.M R.LLSLNQAPETSYVDDERVK.A K.TPTSIYLANR.G R.LLSLNQAPETSYVDDER.V R.ASPGMILFTLVNGLR.S R.VAASLPPETFLGAGSPWTVATYVMVAGR.G R.LAPFVVDGALASLEAPR.L R.SSEANLYAGPDDIYVSPNQYR.K K.GEVVSTFDPATR.H K.DVVILLDSITR.L R.VIDLVSQPK.G R.AYNTVPSGK.V K.VLTGGVDANALQRPK.R K.LSLDVTDPYKDK.S R.TGDTVEGEIR.A R.SVKGEVSTFDPATR.H K.LISVFDPPDVR.H K.ELAEIEEIGSGTIEVLPDSFGFLR.S R.LLNQNGTVDAMEFLDK.I R.HRVNFDNLTPYPNQK.L R.NIEEGSLIATLIDTGSR.M R.KQQLMFSILK.E R.HVQVAEMVIEK.A K.TVLLQNIK.A K.GTGNSEIVLDR.K R.WFDNLTPYPNQK.L K.SPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.GTGNSEIVLDRK.V K.VLTGGVDANALQRP.P K.TKSPAQLVEMAEELGVEGASTMR.K K.ATTDNHPEVYLVLDVDERPEEVTDMQR.S R.KEELVEK.D K.TNEDFFDSMNQ. R.IFPALDVGK.S K.LSLDVTDPYK.D R.MDEVIFEK.G K.EELVEKDK.L R.ALIDTGSVSGVPTIVTQLGLR.S R.IVTDVAVLAENPADLSHVIGR.A R.AIVPEIFGVNAGR.Q R.IPAYVARPDADSSR.A R.IHDALDPHK.V R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVK.D R.FAPGVELDDIEAELNEAFYFGQYDADDGVKDEAAIR.W R.RNDEGAR.L R.WLHSQGASK.V R.QKCDWAAEGYLAIPDFWR.F R.AFFAEHLA. R.LAYMAAR.T K.VTLHDYGLDGHFAATHGNR.R K.CDDWAAEGYLAIPDFWR.F R.IDLAEAGLADLAAETESQR.V K.STLINALAQR.E K.AAVEGADILLWLGAPK.E R.AAIQTLAAEGETTVVAGEAALR.L R.ALANEALLDPLDYAAGGLSR.E R.LIQEQPSDGGK.W R.SPLFTGAIAGAPR.Y R.IAGLDLADGTALTAR.A R.SESYGMVDDLVQGVTEPYR.M R.LTLVPEIESIDR.A R.LRADNAAR.L R.AGALLEAPVATADYGAIGLPLPGDGIAR.R R.TIEGLEAVEMVPGYAVEYDHIDPR.A R.PATAALFAR.R R.AVVLATGTLGGR.L R.AILSEVVEDAHYAPYAR.H .MHSSATFDVYVGGGHAGTEAAAAAAR.L R.TDAESGLVGTGR.I R.HIADSAQLLALDTR.E R.VATRPATISAR.A R.GWLTQAFAPSTEQWAQIER.F
YP_617880	Sala_2842	protein of unknown function DUF299	41.48%	8	R.QPSSLISTHTDAAAGPSPALDELLEGAPIAVGAGGAAR.A K.ADALAAIAER.R K.AAVMDLDDPGDIR.G R.LLVNASSLGMAGPPLDLDLSPDPDAIVY



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617894	Sala_2856	Cobyrinic acid a,c-diamide synthase	34.62%	7	R.AVVAEALDHEVEAEPLER.V K.QNLLAASTIPAIWAR.H R.TLIDLDPPGNASTGLGK.Q R.LTDQVSDVREVLGPVFDVTPR.N K.TITAINLATALAATGW.T R.LSEAPSHGLPALIDYHR.C R.EVLGPVFDVTPR.N K.LSILGVALTMFDR.R
YP_617895	Sala_2857	parB-like partition proteins	55.80%	11	R.LTDQVSDVRE.E R.LIEDFGHNEALAK.L R.ELDDAATYEIALVENIQR.Q R.ALIGADDPEAIAR.R R.GLNALFGDVAVEAPVLPATPGGAAR.A R.AAPVAGDAVQHVIAVGAIPLPGQPR.R K.SIDVGGRRDPDVAVER.H R.AGLHQPALVR.E R.SPDGEGFQLVAGER.R R.RSPDGEFQLVAGER.R R.RHFDEAIAELADSIGSR.G R.LLDPQAVQALVGDGSLAMGHAR.A R.VPEGTPPGEYR.A R.AVPDAVAATAAPK.P R.YTEBEIQQGTTIDEAER.V R.SVYGDIEVTRPGVAEPLLVAR.G R.VDGLGAEAAIGK.A R.GTEVVLNIGAEPATYR.I K.PASAGVSIALTPYGITIPVIVR.V R.MTAAGGLAEAEADANDVER.A R.GJAVYPEVAGR.Q R.AALSMIAFSFR.R K.AWVSEDEGAANFDLTR.T R.IAPETVNLVDSR.A R.TAALIDTLPVGEAFDWVEK.V R.VAELQTLTISEMQK.R R.LTAWSDALGDIESFNTLEER.Q R.HLAGVYGIHR.C R.AGADPVATHVDAR.V R.PAATPAAATPPVVRPQNNALIGSSVDVGR.M R.FDVVAIGNAIVDLVAR.A R.ALAETQDPEAAAR.I R.ADDALIEAELTK.G R.ALGVAYETPAK.D R.GSHGALAIQGGVR.T R.ALGVAYETPAKDGAPTAR.C R.LIDGAEAEER.L R.TEVPPEIETVDDTTGAGDLFAAGFLSGLAERG.P K.VAFTLSDAFIIEH.H R.EIIAQVGR.A R.LYAMGPAIEMSGGSAANTLAGMAALGER.C R.TMNTFLGASHLLDR.V R.KVAFTLSDAFIIEH.H R.IAPQVLLVTR.G R.TMNTFLGASHLLDR.V R.CAFIQVADDQLGAVFTHDLR.A R.ALIAEGLDFILFANEVEIR.A R.NAPLAADAIEWGRTR.R R.ASPQDADTVLAK.G K.TSFEPLGPVTR.N R.TAEGAFAPVAIAAAR.A R.NFVIGGVAAGTALAQLLAADGAPVR.L R.NFALGQQLGR.G R.VADAIQALLSR.P R.EADVVAIAEAHR.N K.AETLAGLAGLDLVLTCTSANR.N R.VAGQEAERHPYGGVPEIAAR.A R.WPLDPAEAER.G R.JAEGDPHAPVLPRLVGSAPHFVAGL.K.S K.LLGLGYPGPAVER.I R.LATTIDDAAGEAFDK.T R.IAEGDPHAPVLP.P R.LATTIDDAAGEAFDK.TAK.L R.AFVAVGVAANGAIR.T K.ALAHAANKPLJAVNHLEGHLSR.L K.LAAGEADATLLAAGLER.L R.LDAEIFSEGDHAGHVIVTDAGVVAALGHR.L R.ELDAALDAGTIDVAVHSLKDVETLR.D R.LRPLDVLTR.G R.ADDAANTALLAEDHAPTHR.A R.SPVAAYAEWQADGVL.R R.EGIAAQKISELPHGAR.L K.ISELPHGAR.L R.LAGPGLGALASPAYAVGPATAEAR.A R.GHLSVAISAAVAQAAGAWR.V K.TIDTSRDPVTLER.Q.R.T R.TQLDALAPQLVGR.S R.ITLQAESASGNAR.A K.AAEGAPLVIAPVDGAGALAAAR.V R.GLSGLYLDQQLR.L R.WLTDASAPAAR.T R.FSDDDQNAVK.T R.AEGLVAVAVR.R R.ALDLIETAILEPR.D R.LRFQDDQNAVK.T R.ELGELFVVR.A K.AGVDPILLIAGDAVK.A R.VIAGQADK.A R.SSEGSGLWTGLR.R R.RALDLIETAILEPR.D K.AIAEVEAMPGVDAAGEWLIDAR.R R.RVLAAGQADK.A R.DSPAALAEK.T R.IEALDPLDPLALDQLSEER.M R.LGLGATIDPEYGGAGLNYSYGLIAR.E K.MWITNSPIADVFWVAK.S K.LANMLTEIALGTQALR.V R.ASVTGEIVMDGVEGEDALLPHVSGLK.G R.LIDEGHLAPDMISFLK.R R.PLANQVQLK.L K.QFRPLAANQVQLK.L R.VTSAFLDER.F R.SYAESELLPR.V R.HAVNLETVNTYEGTHDVHALLGR.A R.FDREIMSEMGR.L R.DMHGNGISADYHVIR.H R.LIDEGHLAPDMISFLK.N R.SACSVQSSLVHPINAYGSEEQKR.N R.DVTGSAGHIDMALLDSQAVLANQAANFLASGVAPK.R R.LANRDELIPLLAAK.I R.ALLADADVNIENYK.V K.AGLAYADIFTGLYSAVAVLAALR.R R.LIPSLATGAPLDNWFDR.G R.LIIVPVAITAVSGDALAK.A R.GTVELGGYGEPLIR.I K.TSGYTFIVDPVTGVPALGANGLPR.S R.GTNSTLSAFIR.G K.EYNTNIGGVPDVAVER.E R.SALGTEGLTAFVGNPR.Q K.AGAIIDTIGATTNWTLEASR.G R.VSLQVQPTSDHNFYASYSGFK.G R.GVGNVPAIAPGSPDAAVASFLPEQVDSYEVGYK.G K.YVTKPLQEFSLR.I K.WTASGTLAYSTPVGDGEIR.F R.QNYLGGSPVFGAGVFPAPSTNFDGSR.K R.GPGTLYGR.N R.LTLSTALGYDAQYK.E R.GGFGDNLNGLNENKDVWAGR.G R.GGFGDNLNGLNENYK.D
YP_617903	Sala_2865	Linalool 8-monooxygenase	18.42%	5	R.VPEGTPPGEYR.A R.AVPDAVAATAAPK.P R.YTEBEIQQGTTIDEAER.V R.SVYGDIEVTRPGVAEPLLVAR.G R.VDGLGAEAAIGK.A R.GTEVVLNIGAEPATYR.I K.PASAGVSIALTPYGITIPVIVR.V R.MTAAGGLAEAEADANDVER.A R.GJAVYPEVAGR.Q R.AALSMIAFSFR.R K.AWVSEDEGAANFDLTR.T R.IAPETVNLVDSR.A R.TAALIDTLPVGEAFDWVEK.V R.VAELQTLTISEMQK.R R.LTAWSDALGDIESFNTLEER.Q R.HLAGVYGIHR.C R.AGADPVATHVDAR.V R.PAATPAAATPPVVRPQNNALIGSSVDVGR.M R.FDVVAIGNAIVDLVAR.A R.ALAETQDPEAAAR.I R.ADDALIEAELTK.G R.ALGVAYETPAK.D R.GSHGALAIQGGVR.T R.ALGVAYETPAKDGAPTAR.C R.LIDGAEAEER.L R.TEVPPEIETVDDTTGAGDLFAAGFLSGLAERG.P K.VAFTLSDAFIIEH.H R.EIIAQVGR.A R.LYAMGPAIEMSGGSAANTLAGMAALGER.C R.TMNTFLGASHLLDR.V R.KVAFTLSDAFIIEH.H R.IAPQVLLVTR.G R.TMNTFLGASHLLDR.V R.CAFIQVADDQLGAVFTHDLR.A R.ALIAEGLDFILFANEVEIR.A R.NAPLAADAIEWGRTR.R R.ASPQDADTVLAK.G K.TSFEPLGPVTR.N R.TAEGAFAPVAIAAAR.A R.NFVIGGVAAGTALAQLLAADGAPVR.L R.NFALGQQLGR.G R.VADAIQALLSR.P R.EADVVAIAEAHR.N K.AETLAGLAGLDLVLTCTSANR.N R.VAGQEAERHPYGGVPEIAAR.A R.WPLDPAEAER.G R.JAEGDPHAPVLPRLVGSAPHFVAGL.K.S K.LLGLGYPGPAVER.I R.LATTIDDAAGEAFDK.T R.IAEGDPHAPVLP.P R.LATTIDDAAGEAFDK.TAK.L R.AFVAVGVAANGAIR.T K.ALAHAANKPLJAVNHLEGHLSR.L K.LAAGEADATLLAAGLER.L R.LDAEIFSEGDHAGHVIVTDAGVVAALGHR.L R.ELDAALDAGTIDVAVHSLKDVETLR.D R.LRPLDVLTR.G R.ADDAANTALLAEDHAPTHR.A R.SPVAAYAEWQADGVL.R R.EGIAAQKISELPHGAR.L K.ISELPHGAR.L R.LAGPGLGALASPAYAVGPATAEAR.A R.GHLSVAISAAVAQAAGAWR.V K.TIDTSRDPVTLER.Q.R.T R.TQLDALAPQLVGR.S R.ITLQAESASGNAR.A K.AAEGAPLVIAPVDGAGALAAAR.V R.GLSGLYLDQQLR.L R.WLTDASAPAAR.T R.FSDDDQNAVK.T R.AEGLVAVAVR.R R.ALDLIETAILEPR.D R.LRFQDDQNAVK.T R.ELGELFVVR.A K.AGVDPILLIAGDAVK.A R.VIAGQADK.A R.SSEGSGLWTGLR.R R.RALDLIETAILEPR.D K.AIAEVEAMPGVDAAGEWLIDAR.R R.RVLAAGQADK.A R.DSPAALAEK.T R.IEALDPLDPLALDQLSEER.M R.LGLGATIDPEYGGAGLNYSYGLIAR.E K.MWITNSPIADVFWVAK.S K.LANMLTEIALGTQALR.V R.ASVTGEIVMDGVEGEDALLPHVSGLK.G R.LIDEGHLAPDMISFLK.R R.PLANQVQLK.L K.QFRPLAANQVQLK.L R.VTSAFLDER.F R.SYAESELLPR.V R.HAVNLETVNTYEGTHDVHALLGR.A R.FDREIMSEMGR.L R.DMHGNGISADYHVIR.H R.LIDEGHLAPDMISFLK.N R.SACSVQSSLVHPINAYGSEEQKR.N R.DVTGSAGHIDMALLDSQAVLANQAANFLASGVAPK.R R.LANRDELIPLLAAK.I R.ALLADADVNIENYK.V K.AGLAYADIFTGLYSAVAVLAALR.R R.LIPSLATGAPLDNWFDR.G R.LIIVPVAITAVSGDALAK.A R.GTVELGGYGEPLIR.I K.TSGYTFIVDPVTGVPALGANGLPR.S R.GTNSTLSAFIR.G K.EYNTNIGGVPDVAVER.E R.SALGTEGLTAFVGNPR.Q K.AGAIIDTIGATTNWTLEASR.G R.VSLQVQPTSDHNFYASYSGFK.G R.GVGNVPAIAPGSPDAAVASFLPEQVDSYEVGYK.G K.YVTKPLQEFSLR.I K.WTASGTLAYSTPVGDGEIR.F R.QNYLGGSPVFGAGVFPAPSTNFDGSR.K R.GPGTLYGR.N R.LTLSTALGYDAQYK.E R.GGFGDNLNGLNENKDVWAGR.G R.GGFGDNLNGLNENYK.D
YP_617908	Sala_2870	hypothetical protein	36.29%	2	R.VPEGTPPGEYR.A R.AVPDAVAATAAPK.P R.YTEBEIQQGTTIDEAER.V R.SVYGDIEVTRPGVAEPLLVAR.G R.VDGLGAEAAIGK.A R.GTEVVLNIGAEPATYR.I K.PASAGVSIALTPYGITIPVIVR.V R.MTAAGGLAEAEADANDVER.A R.GJAVYPEVAGR.Q R.AALSMIAFSFR.R K.AWVSEDEGAANFDLTR.T R.IAPETVNLVDSR.A R.TAALIDTLPVGEAFDWVEK.V R.VAELQTLTISEMQK.R R.LTAWSDALGDIESFNTLEER.Q R.HLAGVYGIHR.C R.AGADPVATHVDAR.V R.PAATPAAATPPVVRPQNNALIGSSVDVGR.M R.FDVVAIGNAIVDLVAR.A R.ALAETQDPEAAAR.I R.ADDALIEAELTK.G R.ALGVAYETPAK.D R.GSHGALAIQGGVR.T R.ALGVAYETPAKDGAPTAR.C R.LIDGAEAEER.L R.TEVPPEIETVDDTTGAGDLFAAGFLSGLAERG.P K.VAFTLSDAFIIEH.H R.EIIAQVGR.A R.LYAMGPAIEMSGGSAANTLAGMAALGER.C R.TMNTFLGASHLLDR.V R.KVAFTLSDAFIIEH.H R.IAPQVLLVTR.G R.TMNTFLGASHLLDR.V R.CAFIQVADDQLGAVFTHDLR.A R.ALIAEGLDFILFANEVEIR.A R.NAPLAADAIEWGRTR.R R.ASPQDADTVLAK.G K.TSFEPLGPVTR.N R.TAEGAFAPVAIAAAR.A R.NFVIGGVAAGTALAQLLAADGAPVR.L R.NFALGQQLGR.G R.VADAIQALLSR.P R.EADVVAIAEAHR.N K.AETLAGLAGLDLVLTCTSANR.N R.VAGQEAERHPYGGVPEIAAR.A R.WPLDPAEAER.G R.JAEGDPHAPVLPRLVGSAPHFVAGL.K.S K.LLGLGYPGPAVER.I R.LATTIDDAAGEAFDK.T R.IAEGDPHAPVLP.P R.LATTIDDAAGEAFDK.TAK.L R.AFVAVGVAANGAIR.T K.ALAHAANKPLJAVNHLEGHLSR.L K.LAAGEADATLLAAGLER.L R.LDAEIFSEGDHAGHVIVTDAGVVAALGHR.L R.ELDAALDAGTIDVAVHSLKDVETLR.D R.LRPLDVLTR.G R.ADDAANTALLAEDHAPTHR.A R.SPVAAYAEWQADGVL.R R.EGIAAQKISELPHGAR.L K.ISELPHGAR.L R.LAGPGLGALASPAYAVGPATAEAR.A R.GHLSVAISAAVAQAAGAWR.V K.TIDTSRDPVTLER.Q.R.T R.TQLDALAPQLVGR.S R.ITLQAESASGNAR.A K.AAEGAPLVIAPVDGAGALAAAR.V R.GLSGLYLDQQLR.L R.WLTDASAPAAR.T R.FSDDDQNAVK.T R.AEGLVAVAVR.R R.ALDLIETAILEPR.D R.LRFQDDQNAVK.T R.ELGELFVVR.A K.AGVDPILLIAGDAVK.A R.VIAGQADK.A R.SSEGSGLWTGLR.R R.RALDLIETAILEPR.D K.AIAEVEAMPGVDAAGEWLIDAR.R R.RVLAAGQADK.A R.DSPAALAEK.T R.IEALDPLDPLALDQLSEER.M R.LGLGATIDPEYGGAGLNYSYGLIAR.E K.MWITNSPIADVFWVAK.S K.LANMLTEIALGTQALR.V R.ASVTGEIVMDGVEGEDALLPHVSGLK.G R.LIDEGHLAPDMISFLK.R R.PLANQVQLK.L K.QFRPLAANQVQLK.L R.VTSAFLDER.F R.SYAESELLPR.V R.HAVNLETVNTYEGTHDVHALLGR.A R.FDREIMSEMGR.L R.DMHGNGISADYHVIR.H R.LIDEGHLAPDMISFLK.N R.SACSVQSSLVHPINAYGSEEQKR.N R.DVTGSAGHIDMALLDSQAVLANQAANFLASGVAPK.R R.LANRDELIPLLAAK.I R.ALLADADVNIENYK.V K.AGLAYADIFTGLYSAVAVLAALR.R R.LIPSLATGAPLDNWFDR.G R.LIIVPVAITAVSGDALAK.A R.GTVELGGYGEPLIR.I K.TSGYTFIVDPVTGVPALGANGLPR.S R.GTNSTLSAFIR.G K.EYNTNIGGVPDVAVER.E R.SALGTEGLTAFVGNPR.Q K.AGAIIDTIGATTNWTLEASR.G R.VSLQVQPTSDHNFYASYSGFK.G R.GVGNVPAIAPGSPDAAVASFLPEQVDSYEVGYK.G K.YVTKPLQEFSLR.I K.WTASGTLAYSTPVGDGEIR.F R.QNYLGGSPVFGAGVFPAPSTNFDGSR.K R.GPGTLYGR.N R.LTLSTALGYDAQYK.E R.GGFGDNLNGLNENKDVWAGR.G R.GGFGDNLNGLNENYK.D
YP_617910	Sala_2872	PfkB	70.78%	17	R.VPEGTPPGEYR.A R.AVPDAVAATAAPK.P R.YTEBEIQQGTTIDEAER.V R.SVYGDIEVTRPGVAEPLLVAR.G R.VDGLGAEAAIGK.A R.GTEVVLNIGAEPATYR.I K.PASAGVSIALTPYGITIPVIVR.V R.MTAAGGLAEAEADANDVER.A R.GJAVYPEVAGR.Q R.AALSMIAFSFR.R K.AWVSEDEGAANFDLTR.T R.IAPETVNLVDSR.A R.TAALIDTLPVGEAFDWVEK.V R.VAELQTLTISEMQK.R R.LTAWSDALGDIESFNTLEER.Q R.HLAGVYGIHR.C R.AGADPVATHVDAR.V R.PAATPAAATPPVVRPQNNALIGSSVDVGR.M R.FDVVAIGNAIVDLVAR.A R.ALAETQDPEAAAR.I R.ADDALIEAELTK.G R.ALGVAYETPAK.D R.GSHGALAIQGGVR.T R.ALGVAYETPAKDGAPTAR.C R.LIDGAEAEER.L R.TEVPPEIETVDDTTGAGDLFAAGFLSGLAERG.P K.VAFTLSDAFIIEH.H R.EIIAQVGR.A R.LYAMGPAIEMSGGSAANTLAGMAALGER.C R.TMNTFLGASHLLDR.V R.KVAFTLSDAFIIEH.H R.IAPQVLLVTR.G R.TMNTFLGASHLLDR.V R.CAFIQVADDQLGAVFTHDLR.A R.ALIAEGLDFILFANEVEIR.A R.NAPLAADAIEWGRTR.R R.ASPQDADTVLAK.G K.TSFEPLGPVTR.N R.TAEGAFAPVAIAAAR.A R.NFVIGGVAAGTALAQLLAADGAPVR.L R.NFALGQQLGR.G R.VADAIQALLSR.P R.EADVVAIAEAHR.N K.AETLAGLAGLDLVLTCTSANR.N R.VAGQEAERHPYGGVPEIAAR.A R.WPLDPAEAER.G R.JAEGDPHAPVLPRLVGSAPHFVAGL.K.S K.LLGLGYPGPAVER.I R.LATTIDDAAGEAFDK.T R.IAEGDPHAPVLP.P R.LATTIDDAAGEAFDK.TAK.L R.AFVAVGVAANGAIR.T K.ALAHAANKPLJAVNHLEGHLSR.L K.LAAGEADATLLAAGLER.L R.LDAEIFSEGDHAGHVIVTDAGVVAALGHR.L R.ELDAALDAGTIDVAVHSLKDVETLR.D R.LRPLDVLTR.G R.ADDAANTALLAEDHAPTHR.A R.SPVAAYAEWQADGVL.R R.EGIAAQKISELPHGAR.L K.ISELPHGAR.L R.LAGPGLGALASPAYAVGPATAEAR.A R.GHLSVAISAAVAQAAGAWR.V K.TIDTSRDPVTLER.Q.R.T R.TQLDALAPQLVGR.S R.ITLQAESASGNAR.A K.AAEGAPLVIAPVDGAGALAAAR.V R.GLSGLYLDQQLR.L R.WLTDASAPAAR.T R.FSDDDQNAVK.T R.AEGLVAVAVR.R R.ALDLIETAILEPR.D R.LRFQDDQNAVK.T R.ELGELFVVR.A K.AGVDPILLIAGDAVK.A R.VIAGQADK.A R.SSEGSGLWTGLR.R R.RALDLIETAILEPR.D K.AIAEVEAMPGVDAAGEWLIDAR.R R.RVLAAGQADK.A R.DSPAALAEK.T R.IEALDPLDPLALDQLSEER.M R.LGLGATIDPEYGGAGLNYSYGLIAR.E K.MWITNSPIADVFWVAK.S K.LANMLTEIALGTQALR.V R.ASVTGEIVMDGVEGEDALLPHVSGLK.G R.LIDEGHLAPDMISFLK.R R.PLANQVQLK.L K.QFRPLAANQVQLK.L R.VTSAFLDER.F R.SYAESELLPR.V R.HAVNLETVNTYEGTHDVHALLGR.A R.FDREIMSEMGR.L R.DMHGNGISADYHVIR.H R.LIDEGHLAPDMISFLK.N R.SACSVQSSLVHPINAYGSEEQKR.N R.DVTGSAGHIDMALLDSQAVLANQAANFLASGVAPK.R R.LANRDELIPLLAAK.I R.ALLADADVNIENYK.V K.AGLAYADIFTGLYSAVAVLAALR.R R.LIPSLATGAPLDNWFDR.G R.LIIVPVAITAVSGDALAK.A R.GTVELGGYGEPLIR.I K.TSGYTFIVDPVTGVPALGANGLPR.S R.GTNSTLSAFIR.G K.EYNTNIGGVPDVAVER.E R.SALGTEGLTAFVGNPR.Q K.AGAIIDTIGATTNWTLEASR.G R.VSLQVQPTSDHNFYASYSGFK.G R.GVGNVPAIAPGSPDAAVASFLPEQVDSYEVGYK.G K.YVTKPLQEFSLR.I K.WTASGTLAYSTPVGDGEIR.F R.QNYLGGSPVFGAGVFPAPSTNFDGSR.K R.GPGTLYGR.N R.LTLSTALGYDAQYK.E R.GGFGDNLNGLNENKDVWAGR.G R.GGFGDNLNGLNENYK.D
YP_617911	Sala_2873	Membrane protein involved in the export of O-antigen and teichoic acid-like protein	8.07%	3	R.VPEGTPPGEYR.A R.AVPDAVAATAAPK.P R.YTEBEIQQGTTIDEAER.V R.SVYGDIEVTRPGVAEPLLVAR.G R.VDGLGAEAAIGK.A R.GTEVVLNIGAEPATYR.I K.PASAGVSIALTPYGITIPVIVR.V R.MTAAGGLAEAEADANDVER.A R.GJAVYPEVAGR.Q R.AALSMIAFSFR.R K.AWVSEDEGAANFDLTR.T R.IAPETVNLVDSR.A R.TAALIDTLPVGEAFDWVEK.V R.VAELQTLTISEMQK.R R.LTAWSDALGDIESFNTLEER.Q R.HLAGVYGIHR.C R.AGADPVATHVDAR.V R.PAATPAAATPPVVRPQNNALIGSSVDVGR.M R.FDVVAIGNAIVDLVAR.A R.ALAETQDPEAAAR.I R.ADDALIEAELTK.G R.ALGVAYETPAK.D R.GSHGALAIQGGVR.T R.ALGVAYETPAKDGAPTAR.C R.LIDGAEAEER.L R.TEVPPEIETVDDTTGAGDLFAAGFLSGLAERG.P K.VAFTLSDAFIIEH.H R.EIIAQVGR.A R.LYAMGPAIEMSGGSAANTLAGMAALGER.C R.TMNTFLGASHLLDR.V R.KVAFTLSDAFIIEH.H R.IAPQVLLVTR.G R.TMNTFLGASHLLDR.V R.CAFIQVADDQLGAVFTHDLR.A R.ALIAEGLDFILFANEVEIR.A R.NAPLAADAIEWGRTR.R R.ASPQDADTVLAK.G K.TSFEPLGPVTR.N R.TAEGAFAPVAIAAAR.A R.NFVIGGVAAGTALAQLLAADGAPVR.L R.NFALGQQLGR.G R.VADAIQALLSR.P R.EADVVAIAEAHR.N K.AETLAGLAGLDLVLTCTSANR.N R.VAGQEAERHPYGGVPEIAAR.A R.WPLDPAEAER.G R.JAEGDPHAPVLPRLVGSAPHFVAGL.K.S K.LLGLGYPGPAVER.I R.LATTIDDAAGEAFDK.T R.IAEGDPHAPVLP.P R.LATTIDDAAGEAFDK.TAK.L R.AFVAVGVAANGAIR.T K.ALAHAANKPLJAVNHLEGHLSR.L K.LAAGEADATLLAAGLER.L R.LDAEIFSEGDHAGHVIVTDAGVVAALGHR.L R.ELDAALDAGTIDVAVHSLKDVETLR.D R.LRPLDVLTR.G R.ADDAANTALLAEDHAPTHR.A R.SPVAAYAEWQADGVL.R R.EGIAAQKISELPHGAR.L K.ISELPHGAR.L R.LAGPGLGALASPAYAVGPATAEAR.A R.GHLSVAISAAVAQAAGAWR.V K.TIDTSRDPVTLER.Q.R.T R.TQLDALAPQLVGR.S R.ITLQAESASGNAR.A K.AAEGAPLVIAPVDGAGALAAAR.V R.GLSGLYLDQQLR.L R.WLTDASAPAAR.T R.FSDDDQNAVK.T R.AEGLVAVAVR.R R.ALDLIETAILEPR.D R.LRFQDDQNAVK.T R.ELGELFVVR.A K.AGVDPILLIAGDAVK.A R.VIAGQADK.A R.SSEGSGLWTGLR.R R.RALDLIETAILEPR.D K.AIAEVEAMPGVDAAGEWLIDAR.R R.RVLAAGQADK.A R.DSPAALAEK.T R.IEALDPLDPLALDQLSEER.M R.LGLGATIDPEYGGAGLNYSYGLIAR.E K.MWITNSPIADVFWVAK.S K.LANMLTEIALGTQALR.V R.ASVTGEIVMDGVEGEDALLPHVSGLK.G R.LIDEGHLAPDMISFLK.R R.PLANQVQLK.L K.QFRPLAANQVQLK.L R.VTSAFLDER.F R.SYAESELLPR.V R.HAVNLETVNTYEGTHDVHALLGR.A R.FDREIMSEMGR.L R.DMHGNGISADYHVIR.H R.LIDEGHLAPDMISFLK.N R.SACSVQSSLVHPINAYGSEEQKR.N R.DVTGSAGHIDMALLDSQAVLANQAANFLASGVAPK.R R.LANRDELIPLLAAK.I R.ALLADADVNIENYK.V K.AGLAYADIFTGLYSAVAVLAALR.R R.LIPSLATGAPLDNWFDR.G R.LIIVPVAITAVSGDALAK.A R.GTVELGGYGEPLIR.I K.TSGYTFIVDPVTGVPALGANGLPR.S R.GTNSTLSAFIR.G K.EYNTNIGGVPDVAVER.E R.SALGTEGLTAFVGNPR.Q K.AGAIIDTIGATTNWTLEASR.G R.VSLQVQPTSDHNFYASYSGFK.G R.GVGNVPAIAPGSPDAAVASFLPEQVDSYEVGYK.G K.YVTKPLQEFSLR.I K.WTASGTLAYSTPVGDGEIR.F R.QNYLGGSPVFGAGVFPAPSTNFDGSR.K R.GPGTLYGR.N R.LTLSTALGYDAQYK.E R.GGFGDNLNGLNENKDVWAGR.G R.GGFGDNLNGLNENYK.D
YP_617912	Sala_2874	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (NAD(P)+)	30.30%	6	R.VPEGTPPGEYR.A R.AVPDAVAATAAPK.P R.YTEBEIQQGTTIDEAER.V R.SVYGDIEVTRPGVAEPLLVAR.G R.VDGLGAEAAIGK.A R.GTEVVLNIGAEPATYR.I K.PASAGVSIALTPYGITIPVIVR.V R.MTAAGGLAEAEADANDVER.A R.GJAVYPEVAGR.Q R.AALSMIAFSFR.R K.AWVSEDEGAANFDLTR.T R.IAPETVNLVDSR.A R.TAALIDTLPVGEAFDWVEK.V R.VAELQTLTISEMQK.R R.LTAWSDALGDIESFNTLEER.Q R.HLAGVYGIHR.C R.AGADPVATHVDAR.V R.PAATPAAATPPVVRPQNNALIGSSVDVGR.M R.FDVVAIGNAIVDLVAR.A R.ALAETQDPEAAAR.I R.ADDALIEAELTK.G R.ALGVAYETPAK.D R.GSHGALAIQGGVR.T R.ALGVAYETPAKDGAPTAR.C R.LIDGAEAEER.L R.TEVPPEIETVDDTTGAGDLFAAGFLSGLAERG.P K.VAFTLSDAFIIEH.H R.EIIAQVGR.A R.LYAMGPAIEMSGGSAANTLAGMAALGER.C R.TMNTFLGASHLLDR.V R.KVAFTLSDAFIIEH.H R.IAPQVLLVTR.G R.TMNTFLGASHLLDR.V R.CAFIQVADDQLGAVFTHDLR.A R.ALIAEGLDFILFANEVEIR.A R.NAPLAADAIEWGRTR.R R.ASPQDADTVLAK.G K.TSFEPLGPVTR.N R.TAEGAFAPVAIAAAR.A R.NFVIGGVAAGTALAQLLAADGAPVR.L R.NFALGQQLGR.G R.VADAIQALLSR.P R.EADVVAIAEAHR.N K.AETLAGLAGLDLVLTCTSANR.N R.VAGQEAERHPYGGVPEIAAR.A R.WPLDPAEAER.G R.JAEGDPHAPVLPRLVGSAPHFVAGL.K.S K.LLGLGYPGPAVER.I R.LATTIDDAAGEAFDK.T R.IAEGDPHAPVLP.P R.LATTIDDAAGEAFDK.TAK.L R.AFVAVGVAANGAIR.T K.ALAHAANKPLJAVNHLEGHLSR.L K.LAAGEADATLLAAGLER.L R.LDAEIFSEGDHAGHVIVTDAGVVAALGHR.L R.ELDAALDAGTIDVAVHSLKDVETLR.D R.LRPLDVLTR.G R.ADDAANTALLAEDHAPTHR.A R.SPVAAYAEWQADGVL.R R.EGIAAQKISELPHGAR.L K.ISELPHGAR.L R.LAGPGLGALASPAYAVGPATAEAR.A R.GHLSVAISAAVAQAAGAWR.V K.TIDTSRDPVTLER.Q.R.T R.TQLDALAPQLVGR.S R.ITLQAESASGNAR.A K.AAEGAPLVIAPVDGAGALAAAR.V R.GLSGLYLDQQLR.L R.WLTDASAPAAR.T R.FSDDDQNAVK.T R.AEGLVAVAVR.R R.ALDLIETAILEPR.D R.LRFQDDQNAVK.T R.ELGELFVVR.A K.AGVDPILLIAGDAVK.A R.VIAGQADK.A R.SSEGSGLWTGLR.R R.RALDLIETAILEPR.D K.AIAEVEAMPGVDAAGEWLIDAR.R R.RVLAAGQADK.A R.DSPAALAEK.T R.IEALDPLDPLALDQLSEER.M R.LGLGATIDPEYGGAGLNYSYGLIAR.E K.MWITNSPIADVFWVAK.S K.LANMLTEIALGTQALR.V R.ASVTGEIVMDGVEGEDALLPHVSGLK.G R.LIDEGHLAPDMISFLK.R R.PLANQVQLK.L K.QFRPLAANQVQLK.L R.VTSAFLDER.F R.SYAESELLPR.V R.HAVNLETVNTYEGTHDVHALLGR.A R.FDREIMSEMGR.L R.DMHGNGISADYHVIR.H R.LIDEGHLAPDMISFLK.N R.SACSVQSSLVHPINAYGSEEQKR.N R.DVTGSAGHIDMALLDSQAVLANQAANFLASGVAPK.R R.LANRDELIPLLAAK.I R.ALLADADVNIENYK.V K.AGLAYADIFTGLYSAVAVLAALR.R R.LIPSLATGAPLDNWFDR.G R.LIIVPVAITAVSGDALAK.A R.GTVELGGYGEPLIR.I K.TSGYTFIVDPVTGVPALGANGLPR.S R.GTNSTLSAFIR.G K.EYNTNIGGVPDVAVER.E R.SALGTEGLTAFVGNPR.Q K.AGAIIDTIGATTNWTLEASR.G R.VSLQVQPTSDHNFYASYSGFK.G R.GVGNVPAIAPGSPDAAVASFLPEQVDSYEVGYK.G K.YVTKPLQEFSLR.I K.WTASGTLAYSTPVGDGEIR.F R.QNYLGGSPVFGAGVFPAPSTNFDGSR.K R.GPGTLYGR.N R.LTLSTALGYDAQYK.E R.GGFGDNLNGLNENKDVWAGR.G R.GGFGDNLNGLNENYK.D
YP_617914	Sala_2876	porphobilinogen deaminase	43.81%	8	R.VPEGTPPGEYR.A R.AVPDAVAATAAPK.P R.YTEBEIQQGTTIDEAER.V R.SVYGDIEVTRPGVAEPLLVAR.G R.VDGLGAEAAIGK.A R.GTEVVLNIGAEPATYR.I K.PASAGVSIALTPYGITIPVIVR.V R.MTAAGGLAEAEADANDVER.A R.GJAVYPEVAGR.Q R.AALSMIAFSFR.R K.AWVSEDEGAANFDLTR.T R.IAPETVNLVDSR.A R.TAALIDTLPVGEAFDWVEK.V R.VAELQTLTISEMQK.R R.LTAWSDALGDIESFNTLEER.Q R.HLAGVYGIHR.C R.AGADPVATHVDAR.V R.PAATPAAATPPVVRPQNNALIGSSVDVGR.M R.FDVVAIGNAIVDLVAR.A R.ALAETQDPEAAAR.I R.ADDALIEAELTK.G R.ALGVAYETPAK.D R.GSHGALAIQGGVR.T R.ALGVAYETPAKDGAPTAR.C R.LIDGAEAEER.L R.TEVPPEIETVDDTTGAGDLFAAGFLSGLAERG.P K.VAFTLSDAFIIEH.H R.EIIAQVGR.A R.LYAMGPAIEMSGGSAANTLAGMAALGER.C R.TMNTFLGASHLLDR.V R.KVAFTLSDAFIIEH.H R.IAPQVLLVTR.G R.TMNTFLGASHLLDR.V R.CAFIQVADDQLGAVFTHDLR.A R.ALIAEGLDFILFANEVEIR.A R.NAPLAADAIEWGRTR.R R.ASPQDADTVLAK.G K.TSFEPLGPVTR.N R.TAEGAFAPVAIAAAR.A R.NFVIGGVAAGTALAQLLAADGAPVR.L R.NFALGQQLGR.G R.VADAIQALLSR.P R.EADVVAIAEAHR.N K.AETLAGLAGLDLVLTCTSANR.N R.VAGQEAERHPYGGVPEIAAR.A R.WPLDPAEAER.G R.JAEGDPHAPVLPRLVGSAPHFVAGL.K.S K.LLGLGYPGPAVER.I R.LATTIDDAAGEAFDK.T R.IAEGDPHAPVLP.P R.LATTIDDAAGEAFDK.TAK.L R.AFVAVGVAANGAIR.T K.ALAHAANKPLJAVNHLEGHLSR.L K.LAAGEADATLLAAGLER.L R.LDAEIFSEGDHAGHVIVTDAGVVAALGHR.L R.ELDAALDAGTIDVAVHSLKDVETLR.D R.LRPLDVLTR.G R.ADDAANTALLAEDHAPTHR.A R.SPVAAYAEWQADGVL.R R.EGIAAQKISELPHGAR.L K.ISELPHGAR.L R.LAGPGLGALASPAYAVGPATAEAR.A R.GHLSVAISAAVAQAAGAWR.V K.TIDTSRDPVTLER.Q.R.T R.TQLDALAPQLVGR.S R.ITLQAESASGNAR.A K.AAEGAPLVIAPVDGAGALAAAR.V R.GLSGLYLDQQLR.L R.WLTDASAPAAR.T R.FSDDDQNAVK.T R.AEGLVAVAVR.R R.ALDLIETAILEPR.D R.LRFQDDQNAVK.T R.ELGELFVVR.A K.AGVDPILLIAGDAVK.A R.VIAGQADK.A R.SSEGSGLWTGLR.R R.RALDLIETAILEPR.D K.AIAEVEAMPGVDAAGEWLIDAR.R R.RVLAAGQADK.A R.DSPAALAEK.T R.IEALDPLDPLALDQLSEER.M R.LGLGATIDPEYGGAGLNYSYGLIAR.E K.MWITNSPIADVFWVAK.S K.LANMLTEIALGTQALR.V R.ASVTGEIVMDGVEGEDALLPHVSGLK.G R.LIDEGHLAPDMISFLK.R R.PLANQVQLK.L K.QFRPLAANQVQLK.L R.VTSAFLDER.F R.SYAESELLPR.V R.HAVNLETVNTYEGTHDVHALLGR.A R.FDREIMSEMGR.L R.DMHGNGISADYHVIR.H R.LIDEGHLAPDMISFLK.N R.SACSVQSSLVHPINAYGSEEQKR.N R.DVTGSAGHIDMALLDSQAVLANQAANFLASGVAPK.R R.LANRDELIPLLAAK.I R.ALLADADVNIENYK.V K.AGLAYADIFTGLYSAVAVLAALR.R R.LIPSLATGAPLDNWFDR.G R.LIIVPVAITAVSGDALAK.A R.GTVELGGYGEPLIR.I K.TSGYTFIVDPVTGVPALGANGLPR.S R.GTNSTLSAFIR.G K.EYNTNIGGVPDVAVER.E R.SALGTEGLTAFVGNPR.Q K.AGAIIDTIGATTNWTLEASR.G R.VSLQVQPTSDHNFYASYSGFK.G R.GVGNVPAIAPGSPDAAVASFLPEQVDSYEVGYK.G K.YVTKPLQEFSLR.I K.WTASGTLAYSTPVGDGEIR.F R.QNYLGGSPVFGAGVFPAPSTNFDGSR.K R.GPGTLYGR.N R.LTLSTALGYDAQYK.E R.GGFGDNLNGLNENKDVWAGR.G R.GGFGDNLNGLNENYK.D
YP_617915	Sala_2877	uroporphyrinogen-III synthase	20.52%	2	R.VPEGTPPGEYR.A R.AVPDAVAATAAPK.P R.YTEBEIQQGTTIDEAER.V R.SVYGDIEVTRPGVAEPLLVAR.G R.VDGLGAEAAIGK.A R.GTEVVLNIGAEPATYR.I K.PASAGVSIALTPYGITIPVIVR.V R.MTAAGGLAEAEADANDVER.A R.GJAVYPEVAGR.Q R.AALSMIAFSFR.R K.AWVSEDEGAANFDLTR.T R.IAPETVNLVDSR.A R.TAALIDTLPVGEAFDWVEK.V R.VAELQTLTISEMQK.R R.LTAWSDALGDIESFNTLEER.Q R.HLAGVYGIHR.C R.AGADPVATHVDAR.V R.PAATPAAATPPVVRPQNNALIGSSVDVGR.M R.FDVVAIGNAIVDLVAR.A R.ALAETQDPEAAAR.I R.ADDALIEAELTK.G R.ALGVAYETPAK.D R.GSHGALAIQGGVR.T R.ALGVAYETPAKDGAPTAR.C R.LIDGAEAEER.L R.TEVPPEIETVDDTTGAGDLFAAGFLSGLAERG.P K.VAFTLSDAFIIEH.H R.EIIAQVGR.A R.LYAMGPAIEMSGGSAANTLAGMAALGER.C R.TMNTFLGASHLLDR.V R.KVAFTLSDAFIIEH.H R.IAPQVLLVTR.G R.TMNTFLGASHLLDR

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.THQFEIPNPYIDQK.G K.GLLGYYLDATADTLFDV.R.I R.GVGQQDPVSGFQGVGIYLDVYLNRPQAALVDIYEVER.I R.GGLNDPKQEIEYGLAMNVSALSDDTVTLR.S R.LAEDMAAGDR.L R.IGLESYLVFR.E R.IIDEAEFVDESYR.R R.VALNQVLLANQVGGTVPLEETYSLSAEVR.Q R.ALVDQTDPAR.W R.AQLTEDHFFLELQFR.V R.MTFANMLGTLDLHLVKG.A K.VDLTLPNGVR.F R.GLEIDPANVTAIAR.G R.VVHLSGDKPTSDAASWR.A R.AEHAIIFLIAR.G R.GGSVYQSDANR.D R.AFVSPNFVHVR.V R.HSAQNIAFHEVGR.Q R.IVQALQSVGAASFVELSAPFGHDSFLDVPALDR.I R.LGSAIVIASAAR.H R.IVAGALGGGR. R.FTLVSDFDWLYPTAESR.R R.AQAMLLDHLGIA.R R.VVYLANPNPTGLATR.E R.VGAVPVEADDRDFATVDALLAAVTDR.T R.YGFVYEAAR.R K.LSANENPLGTGEK.A R.IGVGYASADVIAALHR.I R.AGQAQVAAALGDDDFVNR.S R.AWLAAELESIGNHGVR.V R.AFAAVQSPDALS.R.Y R.MTIGTEETR.G R.WLPGQIPQALR.M R.YPDPGSVELR.A R.LMDAGYVVR.W K.SAGADGRPLK.L R.LYAGLPQNVLFIDQYAEYLPDEDDGGLEAK.T R.AFAAVQSPDALS.R.Y R.VVPSATNLLVLFEGAVSAETVYHR.L R.VICGSGDELHLAGTYAGPGDEILYVR.Y R.LMDAGYVVR.W R.IRLPFNVTR.A K.TRPNVFRVTR.T K.IHGLAERIGWGYASADVIAALHR.I R.RVGAVPVEADDRDFATVDALLAAVTDR.T R.DFATDVALLAAVTDR.T K.IHGLAER.I R.VAIVGLIGSSVAR.A R.SIIEQGDDAAPPDFGR.K R.FNEDLTLVQAIR.R R.LPGVAVAGYDASDAVR.V K.ALPHDAVIPAHPVAGTENSPPAAGFATLFDGR.W R.WCVLTPPAGAPQAVTAVTSFWQALGAR.V R.DVFLANKDAVLAQLQR.F R.ALGCDADAVGAAAVADADLVVAVPVGR.M K.ARLPGVAVAGYDASDAVR.V R.IAASDPVMMWR.D K.EELFAIPVWQAAAR.F K.GRPLFAEGR.V R.AAANALNPEALLESVAL. R.FYGLIPVDRDGGGK.A R.SNATEVAWAAR.R R.DVTIVTDAVR.S K.TDAIVVVTGGGR.I R.VTVQIVTANVTR.A R.TEGDDVPLASLPLALVDIDFVGDRA R.IJLGFALNR.L R.IGVVFQDFR.L R.IAGVGEEDLAGPVGEMSLWIGLER.A R.AVIARPQLLVADEPTGNVDPDMAMR.L R.VPPLIAELR.D R.HSWFQQAAPPDPPDVPVTEAAR.G R.DAQTIVYSWTKPPVR.V R.VVVDTAIGPAGR.T R.QWSNLVAELEDAIAVEAAR.G R.ATGQPVTFNFGVGLSHETLAEGR.A R.LPLSDVAIGTVANLGGVAEMLYTGENRNR.L R.DALYSLEAAIAR.D R.VDQIGGGPDFR.R R.LGNVAVYLFGR.D R.DHADLAAAFDAGGIVHSPYR.T R.NGEHSEILTDR.L R.LSLSSGELAR.L R.GVSFATDGLR.F R.FGVISGMIETAENLAK.D R.SGLGWGDDILVELNEAFQVLAVLK.G K.FGGALSSMSAGALGAILK.A K.GWGWADDDSRNEILNVGSGISLGHPIGATGGR.I R.MGIGPVPAVER.L R.AGNLTHDR.L R.VDDVVFSGYNGEAPAIHWSWLAAGLPLEVPYQLDR.R K.GDPVIFAHDEGYR.A K.GLFDDELVPVEPQK.K K.GLFDDELVPVEPQK.K K.GDPVIFAHDEGYRADASLETGK.L R.IJASGALPFAVTFEPDVGSDLSLQTR.A R.DAAQAALAE.L R.ALADSAELLDAGHAALR.A R.WHLANALIPDATVR.A R.LAARPIDEEQR.A R.IILNIFEGAAEQVIAAR.G R.FTDAEIVPHHR.W R.VLGSALATGAGVPLSSGLR.M K.GRVLGSALATGAGVPLSSGLR.M K.AIEGASQLTQTIHLR. R.NGSFPTPDGYIDTTGAR.L R.SNVDITTEELVLMMAAQR.N R.LNGITQFTQGSYESSK.T K.AQGDIFASSPTQSTK.M K.KQDYLDCLLVSLMK.M R.TVIESDGAIVHTVQ.Q R.TEGPVAVEPHIEDPKNSTIFQYQPK.L K.QLIASLHGHQPVLIEAAR.S R.IADDAQDFHVD. R.AVEHVDVPLGPGSSK.L K.LAVVEFAGQR.I R.DKSIAAPNFDLLAGVSLR.V K.SIAAAPNFDLLAGVSLR.V K.GEIVSVDGR.Y R.SGAEQLSFAEWGAAAPAFWR.Y R.ADDELVQRF.F R.GQLGGEREELTDAEDR.F R.AAASVAFPALESVANQFAR.S R.QLTAINDVLR.E R.STDAPEPAAEGEDKEAPL.V R.EKEGFGGIDNVYFTSLVIQ. R.SVNLVLAEQDPAASLTSQGGK.Q K.VGTVSVNDR.F K.EGFGGIDNVYFTSLVIQ. R.TVVTQAVGNVR.A K.KMPKQLSERTLSLK.K R.NANDGISLAQTADSAAGSISDILVR.M R.LTSAVDNLSTVNLAEASK.S R.AALQTEVTAIISQDIATR.T R.ELAVQSANGNTGTTDR.A R.ANLGAQQR.L R.INAKDDAAGLAIATR.M
YP_617921	Sala_2883	transcriptional regulator, TetR family	11.85%	2	
YP_617922	Sala_2884	hypothetical protein	48.82%	5	
YP_617923	Sala_2885	Methionine biosynthesis MetW	33.85%	5	
YP_617924	Sala_2886	homoserine O-acetyltransferase	27.08%	6	
YP_617925	Sala_2887	histidinol-phosphate aminotransferase	80.86%	24	
YP_617926	Sala_2888	Prephenate dehydrogenase	59.33%	10	
YP_617927	Sala_2889	phospholipid/glycerol acyltransferase	24.28%	4	
YP_617928	Sala_2890	protein of unknown function DUF218	19.32%	3	
YP_617929	Sala_2891	protein of unknown function DUF214	12.96%	2	
YP_617930	Sala_2892	ABC transporter related	29.11%	4	
YP_617931	Sala_2893	Zinc finger/thioredoxin putative	26.38%	4	
YP_617933	Sala_2895	L-carnitine dehydratase/bile acid-inducible protein F	41.00%	10	
YP_617934	Sala_2896	Acetyl-CoA C-acetyltransferase	47.52%	11	
YP_617935	Sala_2897	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	20.87%	7	
YP_617939	Sala_2901	transcriptional regulator, MarR family	14.29%	2	
YP_617948	Sala_2910	protein of unknown function DUF1078-like protein	31.27%	5	
YP_617956	Sala_2918	flagellar motor protein	26.13%	4	
YP_617965	Sala_2927	hypothetical protein	40.22%	3	
YP_617966	Sala_2928	Flagellar motor switch FLIN	25.23%	3	
YP_617967	Sala_2929	surface presentation of antigens (SPOA) protein	21.15%	4	
YP_617968	Sala_2930	flagellar basal body-associated protein FILL	39.80%	6	
YP_617973	Sala_2935	flagellar motor switch protein FLIG	7.58%	2	
YP_617976	Sala_2938	flagellin-like protein	62.13%	15	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.DDAAGLAIATR.M R.MRELAVQSQANGTNGTDR.A R.VASQMQSQAMER.L R.IEDADFSVESTNLAAGILQAQSTAMLAQANQSTQGVMMNLLR. R.VASQMQSQAMER.L R.VASQMQSQAMER.L R.GLTQAIR.N K.RINAAKDDAAGLAIATR.M R.ANLAGQQRNLTSAVDNLTSTVTNLAESK.S R.AEGLTYSQFMHGVK.L K.VMADLAMNEGGVFTAIVAQAQ.A R.KVMADLAMNEGGVFTAIVAQAQ.A K.LAGIELDRK.V K.LAGIELDR.K K.AGGQAYR.D R.GTSLVSEADAHAHVR.L R.TNRGTSLVSEADAHAHVR.L R.LISHNSK.Y R.FKFTASGK.V K.VKHGVAGK.R
YP_617977	Sala_2939	ribosomal protein L20	42.98%	6	R.DGIIEEYGAERPEAR.Q R.WVGATGHPTLLGGKPATR.A R.WVGATGHPTLLGGK.P R.RLLDEAPR.D R.LEDVIEGLACDH. R.AIADYLELPLTDTSVR.R K.LVANLITTSADRV.V R.VNASELTELVTDSIQPTDAVNDK.V R.AGESEVMNIIGDVAGR.F R.GQDVFVQPTNFANDNLMELLIINDALRR.A R.TLVAPLLGEAIK.R R.ITAVVPYFGYAR.Q K.LISGNSNLP.LAR.A R.TLVAPLLGEAIK.R R.FGDKMLNVSPOVGGVVR.A R.FADEEVFVEIHENVR.G R.GQDVFVQPTNFANDNLMELLIINDALR.R R.ERAGESEVMNIIGDVAGR.F K.RLDNAPLAIADK.R K.NLMVSPDVGWVR.A R.RFADEEVFVEIHENVR.G R.LDNAPLAIADK.R R.AIADYLELPLTDTSVRR.F R.IADETSVSLFD. R.GQDVFVQPTNFANDNLMELLIINDALRR.A R.FCLIDIDVDSAGTLCAAGALK.A K.RLDNAPLAIADK.R K.AAGAEVYVYCTHGVLSGGAVAR.V R.LDNAPLAIADK.R R.GQDVFVQPTNFANDNLMELLIINDALR.R R.DADGSLYNIVALLDGGR.V R.VFAGPLPDIIVEWR.G R.AATLAEALADTADGGPAMLVGSVER.D R.VAETGLPLJLNR.I R.DADLILPELQLIGYPPELVKPALAER.A R.LTDWEAER.V R.GVTLMALS.NK.F R.FTSQASLDDAAGCAR.M K.FGPHLLTGNK.S K.DQDSLPPYEDLR.M R.LDTIPIVPAVEAFDQMLAGSFADADEVITEENVQSR.I K.LGTPICEDGWL.PK.V R.LGTSDPVPEVTDLAPLVSIDFAR.F R.EQGIPIALAA.LAR.L K.AALDIDWADPWHALTAAVK.E R.SKEDYVAGIR.A R.FRLDHDAPIEWTDLIR.G R.KPADAPVPEGVAPHWR.F R.LGSLGMASLR.E R.GEDHVSNTAAQVQMFALGASPPAFPAHEALLVGTGK.L R.FDEAELALLNQK.I R.DHSPMAELLPLIAK.E R.GPQHFEPTTMSDPVVR.R R.FAPSPGHLHGVNR.T R.ADLAWLGLDIDAEER.Q K.ILHHIDHAAVDRPLPAIDEAR.W K.LVSTADTGFYVTK.K R.KHVEK.E K.LVSTADTGFYVTK.N K.IKLVSTADTGFYVTK.K K.HVEFEAK.I R.FAALPAWEQAMILAGTER.L R.EIDAGNVTPLVAGQR.L K.DPDASASASSEVR.F R.PAQDGVTHMITTITADNQASWGLFR.G R.ETHFAGAHATEYLAR.I K.DAEPLTPKDPDASASASSEVR.F R.MIAALLAR.P R.SKDAEPLTPK.D R.DWGAELER.T R.TPLFERETHFAGAHATEYLAR.I R.YCNLLQCEHFADQCIAER.A R.SKDAEPLTPKDPDASASASSEVR.F R.PAQDGVTHMITTITADNQASWGLFR.G R.MIAALLAR.P R.FRFPVADGPAVTALIAACPLDR.N R.DWGAELERTPLFER.E K.VLAPLIVDAVLGAGLDILEK.I R.TGTFSSFDMGFTPDIVTLAK.S R.LADPSSGLDAPAAILLVETVQEGEGLNAASAEWLR.R K.QDFLDTFEEVILKPR.G R.GNNHAFVYATAALR.H R.VMFTGPTTNAVEAAIK.L R.LADPSSGLDAPAAILLVETVQEGEGLNAASAEWLR.R R.HFWSADDFQR.D R.IAAEHGFVR.G K.QALLDYIAADGIAHGLDLHTDAK.Q R.GGAGVPLSHVAHEPYDYDGPEVDTAELLEQR.L K.AQGVVWHDQGGK.Y K.SLSGMGLPFALTLRPELDQWSPGHEGNTFR.G K.RGGAGVPLSHVAHEPYDYDGPEVDTAELLEQR.L K.IREAMATDYAVAAE. R.VMFTGPTTNAVEAAIK.L R.TGTFSSFDMGFTPDIVTLAK.S K.AHSGALLIVDDIQAGCGR.T R.YLDFLSCGSLNYGHNHPILK.Q R.EVHDESGAYPADPELAREV.AAD. R.EVHDESGAYPADPELAREV.A K.GTGTIEDLATGEVHALRPGVMYALDDHDR.H R.MHYQNHLAEVLLK.G R.MLLKDDGMGFSFHVTLFAGSEL.M R.HIVRETDLTACGVFNPPVTGR.E K.GTGTIEDLATGEVHALR.P R.SDGWASAR.M R.LDPVHVHSEWTDAPISAR.Q R.ANAFLVYNAVSNR.L K.AACNLLADPALDADTIVTEPQSNR.S K.KQEVQVDEESLAEHLAHR.H R.FLLGDEVYIHQSR.L R.QAAAFDRDGYVLEDIFSADAEVFLQK.A R.SIFEIHAQSPVMAR.L R.HGIVAPTQK.P R.ALSMSVLLAENTPHNPLMVIQSGSR.T K.QEVQVDEESLAEHLAHR.H R.MQDLYPSR.Q R.DGYVLEDIFSADAEVFLQK.A R.LNYPKPGK.G
YP_617978	Sala_2940	ribosomal protein L35	59.70%	5	
YP_617979	Sala_2941	Histidinol-phosphate phosphatase, putative, inositol monophosphatase	21.92%	5	
YP_617980	Sala_2942	ribose-phosphate pyrophosphokinase	79.42%	25	
YP_617981	Sala_2943	NAD+ synthetase	37.05%	12	
YP_617983	Sala_2945	glutamyl-tRNA synthetase	55.35%	14	
YP_617985	Sala_2947	ribosomal protein L33	81.82%	5	
YP_617986	Sala_2948	transcriptional regulator, MarR family	21.38%	2	
YP_617987	Sala_2949	L-2,4-diaminobutyric acid acetyltransferase	70.31%	14	
YP_617988	Sala_2950	Diaminobutyrate--2-oxoglutarate aminotransferase	68.05%	19	
YP_617989	Sala_2951	Ectoine synthase	87.59%	8	
YP_617990	Sala_2952	Ectoine hydroxylase	88.56%	26	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_617991	Sala_2953	amino acid-binding ACT	75.83%	31	K.PRPVFLAR.R R.EFYWHSDFETWHVEDGMGR.M R.LEKPFVGEK.P R.TYLTVCGETPDDHYLSLKK.K R.SIFEIHAQSPVMAR.L R.EFYWHSDFETWHVEDGMGR.M R.ALSMSVLLAENTPHNGPLMVIPGSHR.T R.ALSMSVLLAENTPHNGPLMVIPGSHR.T .MQDLYPSR.Q K.PGTVLDFCNLMHGSNGNITFPPL.A K.GREFYWHSDFETWHVEDGMGR.M R.TYLTVCGETPDDHYLSLKK.K R.RGEPAALR.V K.IGGTSMATATLFDNVLIAGR.S R.ELLAGIGEHAHSAHSTALLR.D K.SSNANTITHYLSASAAVANK.A K.GYDAAILDALAR.H R.NTFREDEGLTVTDYVSDVPR.V K.TGAPGVYGHFVDDDDADAWRR.A R.TNYDVADQLANLGMIAHPGAGR.G R.FGLKQLATVR.E R.QVQALQFFEQDHWGVK.G R.IGEFAAIDL.R K.AIADLQGHYPAISAQPVAMVSVIGSDISRPLVPDALAR.A R.DRDVNALFVLDLWDQDRL.S R.ALDAAGVTMIAMQHQR.N K.TGAPGVYGHFVDDDDADAWRR.R R.FVVSAYAGHTDLLLENKK.T R.GYTEFTSR.L R.NVDVQLVDPD.R R.SGADLYNR.I R.HKLVIVSK.S R.EDEGLTVTDYVSDVPR.V R.EAIHKEFHLSADPK.L R.FVVSAYAGHTDLLLENK.K K.AIADLQGHYPAISAQPVAMVSVIGSDISR.P R.TNYDVADQLANLGMIAHPGAGR.G R.IDAVTACLDDLAR.L R.DTLPVITGYAGCEGMVR.R R.VEIVTGLR.Q K.LLWVSK.S K.EFHLSADPK.L K.DQLATVR.E R.TTPVAALLDPAGEPPENR. R.SAAPALEDAASPLR.R R.ALLTGAQEPPIVDITSLAAR.R K.LVAHYAPVAEALPDRR.A R.EAASDPALAEAR.H R.EAAELDVPIGTVSR.L R.GVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.RGVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.GAAATATGTAQGAAGAVR.D R.AAEEQSAAPPAR.S R.AELPPTLFGAPILVDR.G K.EVAPVILPGPGLTGGAAQALIGIGWQLTSK.A R.GDVAAPLIYTALDYLSDR.D R.KTAIVVAPGR.G R.GQPTVSELDGADR.F R.FADLADFDQR.R R.SEATDIFLSQTSR.Q R.LYGHAGSDVQGAFLPK.A R.TPAGWIEAQFR.H R.WLGPVDTKLVAAVGGAK.R R.VVVFEPALYMR.D R.DLHEEGGLWTSIYEPAGEGTPIR.F R.ANSPSDERK.A R.DIRGIIAVPSNGR.D R.ADAPDGAIGLSR.S K.ALIEADEARDPLLK.G R.QVPGQPTMDMLSFASSEDPISGGR.H R.IAADDSPFLGR.A K.GAALMIEGQWMSAADVADAVQEIATLAR.Q R.ITGSQSEALMVFVEQTPDKK.I R.GEAATLFFSNGQYTNPMVIR.I R.EIVVAGEDVGP.K K.FLGALEGR.L R.LLWALADLMAHR.E R.GEGFTIGSSGHEGNAVAVALR.A R.FGVGVHGDGDLAIVTYGNGYLSR.Q K.VIGSKPLAIPQSTIASHLK.A R.SVEQVVAALLER.E R.LAEEVDYIVR.L K.GPIFAELLADEINR.T R.FIVLATQNPKEQGVYLPPEALDR.F R.FNSPAGDFGVTVADAAAAGAAIDVIATVR.L K.LVVDYPADEERR.I K.TLLAQAFAR.A K.TQAALLEAMQER.R K.LVDVYPADEER.R R.VLSAAAEIEGR.S R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.RVTINGEPHVMSPR.F R.ASGLDFGR.I K.GPIFAELLADEINRTPPK.T R.APSGSLNLPQWATLITGEAWQAVR.Q R.AGQEPEDVPPALPAPWDRR.F R.FGVGALYSLGIPR.E R.TIGLDDQLFLGLAIGYADEDAAVNQWVPR.A R.APIDEADWKGFGT. R.APIDEADWK.G R.SVDPALKEIFAAQR.A R.FALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.LTSLDGAVSLR.T R.GRFALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.TSAGTDQLR.F R.VKDGGTDVYVWAPNETR.A K.DGGTDVYVWAPNETR.A K.FENTSDNAYK.V R.RDFIQNALSVANLDV. R.GHNYGLVEALALNGALDPAALDSAGR.T K.VTPIRSELLEIFAHSR.K R.RLHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GHLYAQPPYK.V R.LHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GSSAALAAADAALAAEAEDAEDAEASDGLPAATAR.K R.VTFQASTDFK.N R.ELAFNSGVR.I K.WTITAAGGGYVLEK.R R.VEAQELIAHEIFER.L R.GVSDHHAIDAAPLASQEAR.R R.RELAFNSGVR.I R.HAEHVSHDLFYEGGIAAFV.K.Y R.DRHVQAILPK.K R.DGGTHLAAR.A K.TPLPDPJAISSEER.D R.NKTLPPDJAISSEER.D R.FEHGDVAAPLR.V K.EVGTILQALGTGIRDEFNIEK.L R.HVQAILPK.K R.GIPTIHAEEGVSAEIVMTQLHAGGK.F R.AAEWLNAER.A R.SEVYLKDDSALENYLDGGIDALMLETGGAR.S R.MTEWLEENPAYK.A K.NVTEFDKELEHR.Y K.IVIMTDADVGAHIR.T R.LMGDEVEPR.R
YP_617992	Sala_2954	major facilitator superfamily MFS_1	8.50%	2	R.TTPVAALLDPAGEPPENR. R.SAAPALEDAASPLR.R
YP_617994	Sala_2956	putative transmembrane anti-sigma factor	21.70%	3	R.ALLTGAQEPPIVDITSLAAR.R K.LVAHYAPVAEALPDRR.A R.EAASDPALAEAR.H
YP_617995	Sala_2957	RNA polymerase, sigma-24 subunit, ECF subfamily	27.16%	3	R.EAAELDVPIGTVSR.L R.GVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.RGVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S
YP_617997	Sala_2959	hypothetical protein	9.71%	2	R.GAAATATGTAQGAAGAVR.D R.AAEEQSAAPPAR.S
YP_617999	Sala_2961	putative acyl-carrier protein	31.43%	6	R.AELPPTLFGAPILVDR.G K.EVAPVILPGPGLTGGAAQALIGIGWQLTSK.A R.GDVAAPLIYTALDYLSDR.D R.KTAIVVAPGR.G R.GQPTVSELDGADR.F R.FADLADFDQR.R R.SEATDIFLSQTSR.Q R.LYGHAGSDVQGAFLPK.A R.TPAGWIEAQFR.H R.WLGPVDTKLVAAVGGAK.R R.VVVFEPALYMR.D R.DLHEEGGLWTSIYEPAGEGTPIR.F R.ANSPSDERK.A R.DIRGIIAVPSNGR.D R.ADAPDGAIGLSR.S K.ALIEADEARDPLLK.G R.QVPGQPTMDMLSFASSEDPISGGR.H R.IAADDSPFLGR.A K.GAALMIEGQWMSAADVADAVQEIATLAR.Q R.ITGSQSEALMVFVEQTPDKK.I R.GEAATLFFSNGQYTNPMVIR.I R.EIVVAGEDVGP.K K.FLGALEGR.L R.LLWALADLMAHR.E R.GEGFTIGSSGHEGNAVAVALR.A R.FGVGVHGDGDLAIVTYGNGYLSR.Q K.VIGSKPLAIPQSTIASHLK.A R.SVEQVVAALLER.E R.LAEEVDYIVR.L K.GPIFAELLADEINR.T R.FIVLATQNPKEQGVYLPPEALDR.F R.FNSPAGDFGVTVADAAAAGAAIDVIATVR.L K.LVVDYPADEERR.I K.TLLAQAFAR.A K.TQAALLEAMQER.R K.LVDVYPADEER.R R.VLSAAAEIEGR.S R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.RVTINGEPHVMSPR.F R.ASGLDFGR.I K.GPIFAELLADEINRTPPK.T R.APSGSLNLPQWATLITGEAWQAVR.Q R.AGQEPEDVPPALPAPWDRR.F R.FGVGALYSLGIPR.E R.TIGLDDQLFLGLAIGYADEDAAVNQWVPR.A R.APIDEADWKGFGT. R.APIDEADWK.G R.SVDPALKEIFAAQR.A R.FALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.LTSLDGAVSLR.T R.GRFALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.TSAGTDQLR.F R.VKDGGTDVYVWAPNETR.A K.DGGTDVYVWAPNETR.A K.FENTSDNAYK.V R.RDFIQNALSVANLDV. R.GHNYGLVEALALNGALDPAALDSAGR.T K.VTPIRSELLEIFAHSR.K R.RLHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GHLYAQPPYK.V R.LHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GSSAALAAADAALAAEAEDAEDAEASDGLPAATAR.K R.VTFQASTDFK.N R.ELAFNSGVR.I K.WTITAAGGGYVLEK.R R.VEAQELIAHEIFER.L R.GVSDHHAIDAAPLASQEAR.R R.RELAFNSGVR.I R.HAEHVSHDLFYEGGIAAFV.K.Y R.DRHVQAILPK.K R.DGGTHLAAR.A K.TPLPDPJAISSEER.D R.NKTLPPDJAISSEER.D R.FEHGDVAAPLR.V K.EVGTILQALGTGIRDEFNIEK.L R.HVQAILPK.K R.GIPTIHAEEGVSAEIVMTQLHAGGK.F R.AAEWLNAER.A R.SEVYLKDDSALENYLDGGIDALMLETGGAR.S R.MTEWLEENPAYK.A K.NVTEFDKELEHR.Y K.IVIMTDADVGAHIR.T R.LMGDEVEPR.R
YP_618000	Sala_2962	Transketolase, central region	49.66%	21	R.GVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.RGVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.GAAATATGTAQGAAGAVR.D R.AAEEQSAAPPAR.S R.AELPPTLFGAPILVDR.G K.EVAPVILPGPGLTGGAAQALIGIGWQLTSK.A R.GDVAAPLIYTALDYLSDR.D R.KTAIVVAPGR.G R.GQPTVSELDGADR.F R.FADLADFDQR.R R.SEATDIFLSQTSR.Q R.LYGHAGSDVQGAFLPK.A R.TPAGWIEAQFR.H R.WLGPVDTKLVAAVGGAK.R R.VVVFEPALYMR.D R.DLHEEGGLWTSIYEPAGEGTPIR.F R.ANSPSDERK.A R.DIRGIIAVPSNGR.D R.ADAPDGAIGLSR.S K.ALIEADEARDPLLK.G R.QVPGQPTMDMLSFASSEDPISGGR.H R.IAADDSPFLGR.A K.GAALMIEGQWMSAADVADAVQEIATLAR.Q R.ITGSQSEALMVFVEQTPDKK.I R.GEAATLFFSNGQYTNPMVIR.I R.EIVVAGEDVGP.K K.FLGALEGR.L R.LLWALADLMAHR.E R.GEGFTIGSSGHEGNAVAVALR.A R.FGVGVHGDGDLAIVTYGNGYLSR.Q K.VIGSKPLAIPQSTIASHLK.A R.SVEQVVAALLER.E R.LAEEVDYIVR.L K.GPIFAELLADEINR.T R.FIVLATQNPKEQGVYLPPEALDR.F R.FNSPAGDFGVTVADAAAAGAAIDVIATVR.L K.LVVDYPADEERR.I K.TLLAQAFAR.A K.TQAALLEAMQER.R K.LVDVYPADEER.R R.VLSAAAEIEGR.S R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.RVTINGEPHVMSPR.F R.ASGLDFGR.I K.GPIFAELLADEINRTPPK.T R.APSGSLNLPQWATLITGEAWQAVR.Q R.AGQEPEDVPPALPAPWDRR.F R.FGVGALYSLGIPR.E R.TIGLDDQLFLGLAIGYADEDAAVNQWVPR.A R.APIDEADWKGFGT. R.APIDEADWK.G R.SVDPALKEIFAAQR.A R.FALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.LTSLDGAVSLR.T R.GRFALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.TSAGTDQLR.F R.VKDGGTDVYVWAPNETR.A K.DGGTDVYVWAPNETR.A K.FENTSDNAYK.V R.RDFIQNALSVANLDV. R.GHNYGLVEALALNGALDPAALDSAGR.T K.VTPIRSELLEIFAHSR.K R.RLHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GHLYAQPPYK.V R.LHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GSSAALAAADAALAAEAEDAEDAEASDGLPAATAR.K R.VTFQASTDFK.N R.ELAFNSGVR.I K.WTITAAGGGYVLEK.R R.VEAQELIAHEIFER.L R.GVSDHHAIDAAPLASQEAR.R R.RELAFNSGVR.I R.HAEHVSHDLFYEGGIAAFV.K.Y R.DRHVQAILPK.K R.DGGTHLAAR.A K.TPLPDPJAISSEER.D R.NKTLPPDJAISSEER.D R.FEHGDVAAPLR.V K.EVGTILQALGTGIRDEFNIEK.L R.HVQAILPK.K R.GIPTIHAEEGVSAEIVMTQLHAGGK.F R.AAEWLNAER.A R.SEVYLKDDSALENYLDGGIDALMLETGGAR.S R.MTEWLEENPAYK.A K.NVTEFDKELEHR.Y K.IVIMTDADVGAHIR.T R.LMGDEVEPR.R
YP_618003	Sala_2965	ATPase associated with various cellular activities, AAA_3	65.44%	15	R.GVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.RGVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.GAAATATGTAQGAAGAVR.D R.AAEEQSAAPPAR.S R.AELPPTLFGAPILVDR.G K.EVAPVILPGPGLTGGAAQALIGIGWQLTSK.A R.GDVAAPLIYTALDYLSDR.D R.KTAIVVAPGR.G R.GQPTVSELDGADR.F R.FADLADFDQR.R R.SEATDIFLSQTSR.Q R.LYGHAGSDVQGAFLPK.A R.TPAGWIEAQFR.H R.WLGPVDTKLVAAVGGAK.R R.VVVFEPALYMR.D R.DLHEEGGLWTSIYEPAGEGTPIR.F R.ANSPSDERK.A R.DIRGIIAVPSNGR.D R.ADAPDGAIGLSR.S K.ALIEADEARDPLLK.G R.QVPGQPTMDMLSFASSEDPISGGR.H R.IAADDSPFLGR.A K.GAALMIEGQWMSAADVADAVQEIATLAR.Q R.ITGSQSEALMVFVEQTPDKK.I R.GEAATLFFSNGQYTNPMVIR.I R.EIVVAGEDVGP.K K.FLGALEGR.L R.LLWALADLMAHR.E R.GEGFTIGSSGHEGNAVAVALR.A R.FGVGVHGDGDLAIVTYGNGYLSR.Q K.VIGSKPLAIPQSTIASHLK.A R.SVEQVVAALLER.E R.LAEEVDYIVR.L K.GPIFAELLADEINR.T R.FIVLATQNPKEQGVYLPPEALDR.F R.FNSPAGDFGVTVADAAAAGAAIDVIATVR.L K.LVVDYPADEERR.I K.TLLAQAFAR.A K.TQAALLEAMQER.R K.LVDVYPADEER.R R.VLSAAAEIEGR.S R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.RVTINGEPHVMSPR.F R.ASGLDFGR.I K.GPIFAELLADEINRTPPK.T R.APSGSLNLPQWATLITGEAWQAVR.Q R.AGQEPEDVPPALPAPWDRR.F R.FGVGALYSLGIPR.E R.TIGLDDQLFLGLAIGYADEDAAVNQWVPR.A R.APIDEADWKGFGT. R.APIDEADWK.G R.SVDPALKEIFAAQR.A R.FALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.LTSLDGAVSLR.T R.GRFALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.TSAGTDQLR.F R.VKDGGTDVYVWAPNETR.A K.DGGTDVYVWAPNETR.A K.FENTSDNAYK.V R.RDFIQNALSVANLDV. R.GHNYGLVEALALNGALDPAALDSAGR.T K.VTPIRSELLEIFAHSR.K R.RLHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GHLYAQPPYK.V R.LHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GSSAALAAADAALAAEAEDAEDAEASDGLPAATAR.K R.VTFQASTDFK.N R.ELAFNSGVR.I K.WTITAAGGGYVLEK.R R.VEAQELIAHEIFER.L R.GVSDHHAIDAAPLASQEAR.R R.RELAFNSGVR.I R.HAEHVSHDLFYEGGIAAFV.K.Y R.DRHVQAILPK.K R.DGGTHLAAR.A K.TPLPDPJAISSEER.D R.NKTLPPDJAISSEER.D R.FEHGDVAAPLR.V K.EVGTILQALGTGIRDEFNIEK.L R.HVQAILPK.K R.GIPTIHAEEGVSAEIVMTQLHAGGK.F R.AAEWLNAER.A R.SEVYLKDDSALENYLDGGIDALMLETGGAR.S R.MTEWLEENPAYK.A K.NVTEFDKELEHR.Y K.IVIMTDADVGAHIR.T R.LMGDEVEPR.R
YP_618007	Sala_2969	nitroreductase	52.34%	7	R.GVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.RGVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.GAAATATGTAQGAAGAVR.D R.AAEEQSAAPPAR.S R.AELPPTLFGAPILVDR.G K.EVAPVILPGPGLTGGAAQALIGIGWQLTSK.A R.GDVAAPLIYTALDYLSDR.D R.KTAIVVAPGR.G R.GQPTVSELDGADR.F R.FADLADFDQR.R R.SEATDIFLSQTSR.Q R.LYGHAGSDVQGAFLPK.A R.TPAGWIEAQFR.H R.WLGPVDTKLVAAVGGAK.R R.VVVFEPALYMR.D R.DLHEEGGLWTSIYEPAGEGTPIR.F R.ANSPSDERK.A R.DIRGIIAVPSNGR.D R.ADAPDGAIGLSR.S K.ALIEADEARDPLLK.G R.QVPGQPTMDMLSFASSEDPISGGR.H R.IAADDSPFLGR.A K.GAALMIEGQWMSAADVADAVQEIATLAR.Q R.ITGSQSEALMVFVEQTPDKK.I R.GEAATLFFSNGQYTNPMVIR.I R.EIVVAGEDVGP.K K.FLGALEGR.L R.LLWALADLMAHR.E R.GEGFTIGSSGHEGNAVAVALR.A R.FGVGVHGDGDLAIVTYGNGYLSR.Q K.VIGSKPLAIPQSTIASHLK.A R.SVEQVVAALLER.E R.LAEEVDYIVR.L K.GPIFAELLADEINR.T R.FIVLATQNPKEQGVYLPPEALDR.F R.FNSPAGDFGVTVADAAAAGAAIDVIATVR.L K.LVVDYPADEERR.I K.TLLAQAFAR.A K.TQAALLEAMQER.R K.LVDVYPADEER.R R.VLSAAAEIEGR.S R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.RVTINGEPHVMSPR.F R.ASGLDFGR.I K.GPIFAELLADEINRTPPK.T R.APSGSLNLPQWATLITGEAWQAVR.Q R.AGQEPEDVPPALPAPWDRR.F R.FGVGALYSLGIPR.E R.TIGLDDQLFLGLAIGYADEDAAVNQWVPR.A R.APIDEADWKGFGT. R.APIDEADWK.G R.SVDPALKEIFAAQR.A R.FALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.LTSLDGAVSLR.T R.GRFALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.TSAGTDQLR.F R.VKDGGTDVYVWAPNETR.A K.DGGTDVYVWAPNETR.A K.FENTSDNAYK.V R.RDFIQNALSVANLDV. R.GHNYGLVEALALNGALDPAALDSAGR.T K.VTPIRSELLEIFAHSR.K R.RLHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GHLYAQPPYK.V R.LHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GSSAALAAADAALAAEAEDAEDAEASDGLPAATAR.K R.VTFQASTDFK.N R.ELAFNSGVR.I K.WTITAAGGGYVLEK.R R.VEAQELIAHEIFER.L R.GVSDHHAIDAAPLASQEAR.R R.RELAFNSGVR.I R.HAEHVSHDLFYEGGIAAFV.K.Y R.DRHVQAILPK.K R.DGGTHLAAR.A K.TPLPDPJAISSEER.D R.NKTLPPDJAISSEER.D R.FEHGDVAAPLR.V K.EVGTILQALGTGIRDEFNIEK.L R.HVQAILPK.K R.GIPTIHAEEGVSAEIVMTQLHAGGK.F R.AAEWLNAER.A R.SEVYLKDDSALENYLDGGIDALMLETGGAR.S R.MTEWLEENPAYK.A K.NVTEFDKELEHR.Y K.IVIMTDADVGAHIR.T R.LMGDEVEPR.R
YP_618008	Sala_2970	hypothetical protein	26.35%	4	R.GVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.RGVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.GAAATATGTAQGAAGAVR.D R.AAEEQSAAPPAR.S R.AELPPTLFGAPILVDR.G K.EVAPVILPGPGLTGGAAQALIGIGWQLTSK.A R.GDVAAPLIYTALDYLSDR.D R.KTAIVVAPGR.G R.GQPTVSELDGADR.F R.FADLADFDQR.R R.SEATDIFLSQTSR.Q R.LYGHAGSDVQGAFLPK.A R.TPAGWIEAQFR.H R.WLGPVDTKLVAAVGGAK.R R.VVVFEPALYMR.D R.DLHEEGGLWTSIYEPAGEGTPIR.F R.ANSPSDERK.A R.DIRGIIAVPSNGR.D R.ADAPDGAIGLSR.S K.ALIEADEARDPLLK.G R.QVPGQPTMDMLSFASSEDPISGGR.H R.IAADDSPFLGR.A K.GAALMIEGQWMSAADVADAVQEIATLAR.Q R.ITGSQSEALMVFVEQTPDKK.I R.GEAATLFFSNGQYTNPMVIR.I R.EIVVAGEDVGP.K K.FLGALEGR.L R.LLWALADLMAHR.E R.GEGFTIGSSGHEGNAVAVALR.A R.FGVGVHGDGDLAIVTYGNGYLSR.Q K.VIGSKPLAIPQSTIASHLK.A R.SVEQVVAALLER.E R.LAEEVDYIVR.L K.GPIFAELLADEINR.T R.FIVLATQNPKEQGVYLPPEALDR.F R.FNSPAGDFGVTVADAAAAGAAIDVIATVR.L K.LVVDYPADEERR.I K.TLLAQAFAR.A K.TQAALLEAMQER.R K.LVDVYPADEER.R R.VLSAAAEIEGR.S R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.RVTINGEPHVMSPR.F R.ASGLDFGR.I K.GPIFAELLADEINRTPPK.T R.APSGSLNLPQWATLITGEAWQAVR.Q R.AGQEPEDVPPALPAPWDRR.F R.FGVGALYSLGIPR.E R.TIGLDDQLFLGLAIGYADEDAAVNQWVPR.A R.APIDEADWKGFGT. R.APIDEADWK.G R.SVDPALKEIFAAQR.A R.FALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.LTSLDGAVSLR.T R.GRFALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.TSAGTDQLR.F R.VKDGGTDVYVWAPNETR.A K.DGGTDVYVWAPNETR.A K.FENTSDNAYK.V R.RDFIQNALSVANLDV. R.GHNYGLVEALALNGALDPAALDSAGR.T K.VTPIRSELLEIFAHSR.K R.RLHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GHLYAQPPYK.V R.LHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GSSAALAAADAALAAEAEDAEDAEASDGLPAATAR.K R.VTFQASTDFK.N R.ELAFNSGVR.I K.WTITAAGGGYVLEK.R R.VEAQELIAHEIFER.L R.GVSDHHAIDAAPLASQEAR.R R.RELAFNSGVR.I R.HAEHVSHDLFYEGGIAAFV.K.Y R.DRHVQAILPK.K R.DGGTHLAAR.A K.TPLPDPJAISSEER.D R.NKTLPPDJAISSEER.D R.FEHGDVAAPLR.V K.EVGTILQALGTGIRDEFNIEK.L R.HVQAILPK.K R.GIPTIHAEEGVSAEIVMTQLHAGGK.F R.AAEWLNAER.A R.SEVYLKDDSALENYLDGGIDALMLETGGAR.S R.MTEWLEENPAYK.A K.NVTEFDKELEHR.Y K.IVIMTDADVGAHIR.T R.LMGDEVEPR.R
YP_618009	Sala_2971	hypothetical protein	9.64%	2	R.GVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.RGVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S
YP_618010	Sala_2972	DNA gyrase, B subunit	57.34%	39	R.GVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.RGVHDVIDEAVTQIAGDGAAVEAGALR.S R.GAAATATGTAQGAAGAVR.D R.AAEEQSAAPPAR.S R.AELPPTLFGAPILVDR.G K.EVAPVILPGPGLTGGAAQALIGIGWQLTSK.A R.GDVAAPLIYTALDYLSDR.D R.KTAIVVAPGR.G R.GQPTVSELDGADR.F R.FADLADFDQR.R R.SEATDIFLSQTSR.Q R.LYGHAGSDVQGAFLPK.A R.TPAGWIEAQFR.H R.WLGPVDTKLVAAVGGAK.R R.VVVFEPALYMR.D R.DLHEEGGLWTSIYEPAGEGTPIR.F R.ANSPSDERK.A R.DIRGIIAVPSNGR.D R.ADAPDGAIGLSR.S K.ALIEADEARDPLLK.G R.QVPGQPTMDMLSFASSEDPISGGR.H R.IAADDSPFLGR.A K.GAALMIEGQWMSAADVADAVQEIATLAR.Q R.ITGSQSEALMVFVEQTPDKK.I R.GEAATLFFSNGQYTNPMVIR.I R.EIVVAGEDVGP.K K.FLGALEGR.L R.LLWALADLMAHR.E R.GEGFTIGSSGHEGNAVAVALR.A R.FGVGVHGDGDLAIVTYGNGYLSR.Q K.VIGSKPLAIPQSTIASHLK.A R.SVEQVVAALLER.E R.LAEEVDYIVR.L K.GPIFAELLADEINR.T R.FIVLATQNPKEQGVYLPPEALDR.F R.FNSPAGDFGVTVADAAAAGAAIDVIATVR.L K.LVVDYPADEERR.I K.TLLAQAFAR.A K.TQAALLEAMQER.R K.LVDVYPADEER.R R.VLSAAAEIEGR.S R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.IQFTPLMFGDILGSLNLFQTSSTLTK.G R.RVTINGEPHVMSPR.F R.ASGLDFGR.I K.GPIFAELLADEINRTPPK.T R.APSGSLNLPQWATLITGEAWQAVR.Q R.AGQEPEDVPPALPAPWDRR.F R.FGVGALYSLGIPR.E R.TIGLDDQLFLGLAIGYADEDAAVNQWVPR.A R.APIDEADWKGFGT. R.APIDEADWK.G R.SVDPALKEIFAAQR.A R.FALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.LTSLDGAVSLR.T R.GRFALETPGGGALTPVQAEIGR.V R.TSAGTDQLR.F R.VKDGGTDVYVWAPNETR.A K.DGGTDVYVWAPNETR.A K.FENTSDNAYK.V R.RDFIQNALSVANLDV. R.GHNYGLVEALALNGALDPAALDSAGR.T K.VTPIRSELLEIFAHSR.K R.RLHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GHLYAQPPYK.V R.LHLLAAEQAEYAHPAR.L K.GSSAALAAADAALAAEAEDAEDAEASDGLPAATAR.K R.VTFQASTDFK.N R.ELAFNSGVR.I K.WTITAAGGGYVLEK.R R.VEAQELIAHEIFER.L R.GVSDHHAIDAAPLASQEAR.R R.RELAFNSGVR.I R.HAEHVSHDLFYEGGIAAFV.K.Y R.DRHVQAILPK.K R.DGGTHLAAR.A K.TPLPDPJAISSEER.D R.NKTLPPDJAISSEER.D R.FEHGDVAAPLR.V K.EVGTILQALGTGIRDEFNIEK.L R.HVQAILPK.K R.GIPTIHAEEGVSAEIVMTQLHAGGK.F R.AAEWLNAER.A R.SEVYLKDDSALENYLDGGIDALMLETGGAR.S R.MTEWLEENPAYK.A K.NVTEFDKELEHR.Y K.IVIMTDADVGAHIR.T R.LMGDEVEPR.R

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.QPNANAYGADSIK.V K.GAMDIASLPGK.L K.DKLVSSSEVR.Q R.YKGLGEMNAEQWLETTLDPSNR.S R.DFIQTNALSVANLDV. K.GLGEMNAEQWLETTLDPSNR.S R.TLLTFFYR.Q R.MTEWLEENPAYAK.A R.EGLTAVSVK.L K.WITTAGSGVYTLKRW.W K.YTDHKGDIYR.C R.TKYDSGSGWPSYAPANAEEVTEHR.D R.CATCEGLHGHVFPDGGPTGLR.Y R.GSTLDPWVAAGITDLLQTAVENTGTGR.A R.GGVSVQPYGITR.V R.YSPTADQALGR.A R.VPPRPAPVPEAD R.SAFAYSVNTVAAL.L R.AAVFAVENYGTGR.R R.AADGTVFLSLGPNYGR.W R.DVYTSNYNR.A R.AATASIQANTPPVQVQALVSLDRDGAVR.A R.ERQASNNK.S K.LGDEIGFSAVANMAR.R R.LLGLTGTPEQIAAAK.A R.VAPLFTVDPAR.D R.IGGPFTLDQNGR.T K.AFYVTNKVPGSAPDR.Y R.VAPLFTVDPADTPEALKPFVAR.Y R.DTPEALKPFVAR.Y K.ATSALQDDPTLINTR.N R.TGQLLALLDQADADAPK.R R.TGQLLALLDQADADAPK.E R.GGYFLQAVENR.D R.GGYFLQAVENRDNK.A R.NVDGTETALMIVTK.R R.RGETALILAVQSK.N R.GANPKTDHVAGMSAR.D R.NGMTPLMHAALLNYTDGADELLK.Q R.GETALILAVQSK.N R.EYGFYFGRN. R.DGNKATSALQDDPTLINTR.N K.APVQANR.R R.TGQLLALLDQADADAPKREYGFYFGRN. R.NVDGTETALMIVTK.R K.REYGFYFGRN. R.GANPKTDHVAGMSAR.D R.DDRGTQLLALLDQADADAPK.R K.GADPAJADRNGMPLMHAALLNYTDGADELLK.Q K.GADPAIADR.N K.IGTIADLIAYR.N R.EGYVTTGISAGDR.A R.AGHTASVDIAR.L K.GRDDIVTPGHVFLIAR.D R.LDDLIPFAR.R R.DLDSPGWNPETAETLR.K R.HETAFTTSIEAR.E K.GPVDPDGVTLVR.M R.AAGLHANSLS.D R.NKIDGSVNLQK.G R.KLENWLANGSDLSPMASPEEIIAEAR.N R.AIVADGTMRS.S R.VDALGLELMSR.N R.TVAVAIDASK.G R.AIVADGTMRS.S R.NWGTREHATFTTSIEAR.E R.MFLVDDDEHRENGDLVIAQMATPDAINFMATHGR.G R.SALDAEGHSHETVTVGALVEPAIAALAADSGR.F R.GETHYFEVVSNEAR.G R.FYSHLNDMLLDGVR.S R.LSPNGDQGVDSAPER.L R.DNSLRDDYGGPVENR.I R.AGFDGVQLHGANGYLIDQFLR.D R.VVHVSFNDKPPVSASATR.A R.TGAEWAADNPQTWYSPGEGYIDYVPLEAA. R.IVAQLWHMGR.V R.LEYEVARPLEGPEIR.V R.AGPGFVPELAR.E R.EVTEALISVWGADR.V R.GPLILNSDYTAALAEIASGIADAIAGFR.P R.PFIANPDLVER.I R.IRTGAEWAADNPQTWYSPGEGYIDYVPLEAA. K.RAGFDGVQLHGANGYLIDQFLR.D R.DDYGGPVENR.I R.LFPIAAAALDALGIAFLELREPGDGTGFR.T R.GPLILNSDYTAALAEIASGIADAIAGFRPFIANPDLVER.I R.AALAPLIAASAAFDGFPALDDAAR.R R.AALAPLIAASAAFDGFPALDDAARR.T R.DMVDWAFADIDAR.M R.ATDFMYSK.R R.ALALLALFNGNAPHAAL.L R.EAAAGPANDSALHQR.A K.APEGSSQVDYSIAGR.I R.GLADLLAAVDAAIR.S K.SSLFNALTGAR.Q K.IANFYGVTVR.K R.LSHELGVPIVTVAVR.K K.AGHASFADGRPLSLIDLPGTYSLTPASLDEAVTR.D R.IASGLEAVTPIGFNHDIALLIPAMAAR.E R.AAIVSETPVR.R K.VILIGNLADPEIK.S R.TEWHNVINGEGLGVVER.Y R.IATSEQWKR.M K.ERTEWHNVINGEGLGVVER.Y R.GGGGDSWNQGGSSGGWQGGSSGGGGGAPGGRRPFDLDDDDVDF. K.VYVEGSLR.T K.LTVEAPALAPHIAPK.G K.VGDELGGHVTGHVDAVGR.I R.DADGWFVAVDASAETLAR.T R.MFTGIITDIGTIR.S R.IVAVEPVGDSVK.L R.MFTGIITDIGTIR.S K.GRDADGWFVAVDASAETLAR.T R.ALKVGDELGGHVTGHVDAVGR.I K.AQIYFENWTADR.S K.VDVGGLSDFWAYIR.E R.FADSLGEYDSTEADRVTR.E R.ETLGEAAEAVK.Q R.GTLYLVDSGGQYADGTTDITR.T R.DQVDSGLFDYVGVVQSSVAEWLGSVSAQGR.V R.HAWLTFGGSGAGTAAVLFK.A R.GEDVSHTPVGLAFALLHADATADLFIAEK.I R.VGYDPWLHGIDWVR.G R.SAFEGALAGLAGK.K K.WMEEVAPQGGDELGAALK.L R.DLVDSLLSSAEADWLDAYHAAVFEK.L R.AVAIIFALENAGVQVER.H R.CSQDLIAR.Q K.GASLVAVDKNPDAWDDQAPSNAPVSYDTALAGQSAVEK.R R.GLDGFIVPISDEHMSEYVYAYQR.M K.VAVDPDRAVAIIFALENAGVQVER.H K.NQVELSSTR.A R.TIAGPAPSAEHR.R R.QYLWADQVYAGHTGHGVGTYLAVHGPQR.I R.IAKPAGGQAGTEPLHAGMILSNPEYK.A K.GLDTVMTALDSIAWTFNIR.G K.GHIALATAR.F
YP_618013	Sala_2975	Protein-methionine-S-oxide reductase	42.96%	3	
YP_618014	Sala_2976	Penicillin-binding protein 1A	22.95%	11	
YP_618017	Sala_2979	electron transport protein SCO1/SenC	32.09%	6	
YP_618018	Sala_2980	Ankyrin	80.29%	20	
YP_618019	Sala_2981	3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase	52.12%	17	
YP_618020	Sala_2982	Riboflavin synthase	43.97%	3	
YP_618022	Sala_2984	NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase	63.71%	16	
YP_618023	Sala_2985	RpsU-divergently transcribed	23.64%	5	
YP_618025	Sala_2987	ferrous iron transport protein B	25.04%	9	
YP_618026	Sala_2988	single-strand binding protein	59.54%	6	
YP_618028	Sala_2990	riboflavin synthase, alpha subunit	40.49%	8	
YP_618030	Sala_2992	hypothetical protein	38.31%	4	
YP_618032	Sala_2994	peptidase M24	83.72%	33	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_618033	Sala_2995	Oligopeptidase B	64.06%	27	R.SAFEGALAGLGGK.V R.EAGGALKDLSFDITSAAGPINALPHYK.V K.PAGGGAGTEEPHAGMILSNPEGYK.A K.KVAVDPDR.A K.DLSFDITSAAGPINALPHYK.V R.IENLVVVPQEDGAEEMLFGETITFAPAR.D R.HRDPVAVLPK.A K.NPVDAAWDDQAPSNAPVSVYDTALAGQSAVEK.R K.DLSFDITSAAGPINALPHYKVDETTNR.R R.IAKPAGGGAGTEEPHAGMILSNPEGYK.A R.GLDGFIIVPISDEHMSEYVGAQAQR.M R.DWLAACAAPLDR.T K.WMEEVAPQGGDELGAALK.L K.LSPGMDEAMRDWLAACAAPLDR.T K.VQEIIPGYSQDYITTEVVSPLSR.D K.TLSDPWFWR.D K.AAFDYMVSPYDVAQA.A R.IATASIDKPGEWTTLIPGSDHSYITGLSIFR.D R.TNTFNDFDVAK.G R.TNDSLLLR.T R.DPGYPTIDDADILDYVK.A R.RYDAPLTPGR.I R.LAEVSVSPDGK.L R.EDGLDQVDR.R R.WGALREDAEYAVLTLQGVK. R.GMIYIAHVR.G K.EADIGFVGIK.T R.IKEDSSVPQK.D R.DYFVLEAR.E R.YDAPLTPGR.I K.LDGSAPMHLVYGSYGR.V K.AENYFDAAMKPHADLVTLFQEMK.G R.LDYESMTPDYVDYVAVSGTLETLK.V R.IRFPYATYVAGLDNPEYHQDK.L R.EGLYHTNDEHPNR.I R.NLETGELLDPVPTLSSLVWTANNDAIYGLANENWR.T R.KPVAGGETQLLDEVAMSDGKDYFR.L K.AYPPMLVAGLNDPR.V R.VPPGFSTTR.L K.TAANDYVIATGDNETSEVLLPADNPEAPMQLVSPR.R K.LMAFSDNCSER.F R.FGIDPAGALFDDVAANVAGAETAGIAGR.F R.FNETIPGIPGSLLEVER.L R.VLFDWDLR.H R.FVDAALER.E R.FRDIVSGTEK.M R.LIDAYAR.F R.FGGSPVQAVPDLVVR.R R.YYNELAAGAAK.S K.LSAEFGDIAR.R K.AWLSEQLAGANWLV.R.A R.AADDHGVAEHR.A R.AILGLGYPOETSFR.G R.ALANPSIILLDEPFAGIDPLSISDIR.D R.RLEELDEFGLTR.L R.GIGVITDHNVR.E R.EDAATGNGLAVISIAK.S K.VLLAGSAPAEVADPEVR.R R.LRDAAMALSGER.R R.VVLSVSLVSGK.G R.VVLSVSLVSGKGEVGLLPGAGK.T R.GMTVAQNIKAVLEAEPKVAR.E R.ALANPSIILLDEPFAGIDPLSISDIRDLVADLK.T R.LEELDEFGLTR.L R.ASNITQDVLVAR.A R.YGYDAPYAAAR.L K.FAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.GVVGDTLSEKDAYAIGR.S R.LVEGVGGAFR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.I R.LLVAIDQLAQSGVAR.G R.IDIVDAYVDR.L K.ASQALFDR.V R.AEAVDEAALAR.L R.IGAIIDQGR.V R.LIEAATK.L R.VAQLGGTPLMWK.T R.IDIVDAYVDR.LVEGVGGAFR.I R.GGMAMPVNTPEMR.F K.SLDFGVAFDGDDR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.VIWDGQLLQYAAAVLTDLPATVIADVK.A R.KFAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.IDIVDAYVDR.L R.FQVDEVK.F R.VGEALQLSR.R R.LTEGADYFADTPGRDDVFR.H R.VAGIDLDR.Q R.TIDWILL.N R.ELFPAGLTLDDK.A R.RVGEALQLSR.R R.LQHVDAHNR.R R.DIELPFPQFVFGSITTELDTQVAR.L K.AHLGGMGIGHVAR.Q K.AIADGADVETLAR.A R.AEAAIVGGFSDVYVALADADSLER.L R.NAVLSAEQR.T R.VADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D R.EADGLALSSR.N R.DLDFGIDLAPAR.E K.RVADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D K.LGVFNVSAPGTDQAK.V R.AAVGVAVLPLGAAVEADAVAVRPA. K.IAELGLELPK.P R.VALMLVAIQGALGGDWAR.V R.DGQVTRG.L K.VANGASELFEKLFGEVGR.H K.VANGASELFEK.L K.IAELGLELPKPAAPVAAYPAVEHGGMVVYSGQLPFR.D R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618035	Sala_2997	HAD-superfamily hydrolase subfamily 1A, variant 3	41.38%	6	R.FGIDPAGALFDDVAANVAGAETAGIAGR.F R.FNETIPGIPGSLLEVER.L R.VLFDWDLR.H R.FVDAALER.E R.FRDIVSGTEK.M R.LIDAYAR.F R.FGGSPVQAVPDLVVR.R R.YYNELAAGAAK.S K.LSAEFGDIAR.R K.AWLSEQLAGANWLV.R.A R.AADDHGVAEHR.A R.AILGLGYPOETSFR.G R.ALANPSIILLDEPFAGIDPLSISDIR.D R.RLEELDEFGLTR.L R.GIGVITDHNVR.E R.EDAATGNGLAVISIAK.S K.VLLAGSAPAEVADPEVR.R R.LRDAAMALSGER.R R.VVLSVSLVSGK.G R.VVLSVSLVSGKGEVGLLPGAGK.T R.GMTVAQNIKAVLEAEPKVAR.E R.ALANPSIILLDEPFAGIDPLSISDIRDLVADLK.T R.LEELDEFGLTR.L R.ASNITQDVLVAR.A R.YGYDAPYAAAR.L K.FAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.GVVGDTLSEKDAYAIGR.S R.LVEGVGGAFR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.I R.LLVAIDQLAQSGVAR.G R.IDIVDAYVDR.L K.ASQALFDR.V R.AEAVDEAALAR.L R.IGAIIDQGR.V R.LIEAATK.L R.VAQLGGTPLMWK.T R.IDIVDAYVDR.LVEGVGGAFR.I R.GGMAMPVNTPEMR.F K.SLDFGVAFDGDDR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.VIWDGQLLQYAAAVLTDLPATVIADVK.A R.KFAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.IDIVDAYVDR.L R.FQVDEVK.F R.VGEALQLSR.R R.LTEGADYFADTPGRDDVFR.H R.VAGIDLDR.Q R.TIDWILL.N R.ELFPAGLTLDDK.A R.RVGEALQLSR.R R.LQHVDAHNR.R R.DIELPFPQFVFGSITTELDTQVAR.L K.AHLGGMGIGHVAR.Q K.AIADGADVETLAR.A R.AEAAIVGGFSDVYVALADADSLER.L R.NAVLSAEQR.T R.VADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D R.EADGLALSSR.N R.DLDFGIDLAPAR.E K.RVADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D K.LGVFNVSAPGTDQAK.V R.AAVGVAVLPLGAAVEADAVAVRPA. K.IAELGLELPK.P R.VALMLVAIQGALGGDWAR.V R.DGQVTRG.L K.VANGASELFEKLFGEVGR.H K.VANGASELFEK.L K.IAELGLELPKPAAPVAAYPAVEHGGMVVYSGQLPFR.D R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618037	Sala_2999	RNA polymerase, sigma 54 subunit, RpoN	10.95%	4	R.FGGSPVQAVPDLVVR.R R.YYNELAAGAAK.S K.LSAEFGDIAR.R K.AWLSEQLAGANWLV.R.A R.AADDHGVAEHR.A R.AILGLGYPOETSFR.G R.ALANPSIILLDEPFAGIDPLSISDIR.D R.RLEELDEFGLTR.L R.GIGVITDHNVR.E R.EDAATGNGLAVISIAK.S K.VLLAGSAPAEVADPEVR.R R.LRDAAMALSGER.R R.VVLSVSLVSGK.G R.VVLSVSLVSGKGEVGLLPGAGK.T R.GMTVAQNIKAVLEAEPKVAR.E R.ALANPSIILLDEPFAGIDPLSISDIRDLVADLK.T R.LEELDEFGLTR.L R.ASNITQDVLVAR.A R.YGYDAPYAAAR.L K.FAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.GVVGDTLSEKDAYAIGR.S R.LVEGVGGAFR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.I R.LLVAIDQLAQSGVAR.G R.IDIVDAYVDR.L K.ASQALFDR.V R.AEAVDEAALAR.L R.IGAIIDQGR.V R.LIEAATK.L R.VAQLGGTPLMWK.T R.IDIVDAYVDR.LVEGVGGAFR.I R.GGMAMPVNTPEMR.F K.SLDFGVAFDGDDR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.VIWDGQLLQYAAAVLTDLPATVIADVK.A R.KFAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.IDIVDAYVDR.L R.FQVDEVK.F R.VGEALQLSR.R R.LTEGADYFADTPGRDDVFR.H R.VAGIDLDR.Q R.TIDWILL.N R.ELFPAGLTLDDK.A R.RVGEALQLSR.R R.LQHVDAHNR.R R.DIELPFPQFVFGSITTELDTQVAR.L K.AHLGGMGIGHVAR.Q K.AIADGADVETLAR.A R.AEAAIVGGFSDVYVALADADSLER.L R.NAVLSAEQR.T R.VADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D R.EADGLALSSR.N R.DLDFGIDLAPAR.E K.RVADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D K.LGVFNVSAPGTDQAK.V R.AAVGVAVLPLGAAVEADAVAVRPA. K.IAELGLELPK.P R.VALMLVAIQGALGGDWAR.V R.DGQVTRG.L K.VANGASELFEKLFGEVGR.H K.VANGASELFEK.L K.IAELGLELPKPAAPVAAYPAVEHGGMVVYSGQLPFR.D R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618038	Sala_3000	ABC transporter related	67.16%	13	R.AADDHGVAEHR.A R.AILGLGYPOETSFR.G R.ALANPSIILLDEPFAGIDPLSISDIR.D R.RLEELDEFGLTR.L R.GIGVITDHNVR.E R.EDAATGNGLAVISIAK.S K.VLLAGSAPAEVADPEVR.R R.LRDAAMALSGER.R R.VVLSVSLVSGK.G R.VVLSVSLVSGKGEVGLLPGAGK.T R.GMTVAQNIKAVLEAEPKVAR.E R.ALANPSIILLDEPFAGIDPLSISDIRDLVADLK.T R.LEELDEFGLTR.L R.ASNITQDVLVAR.A R.YGYDAPYAAAR.L K.FAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.GVVGDTLSEKDAYAIGR.S R.LVEGVGGAFR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.I R.LLVAIDQLAQSGVAR.G R.IDIVDAYVDR.L K.ASQALFDR.V R.AEAVDEAALAR.L R.IGAIIDQGR.V R.LIEAATK.L R.VAQLGGTPLMWK.T R.IDIVDAYVDR.LVEGVGGAFR.I R.GGMAMPVNTPEMR.F K.SLDFGVAFDGDDR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.VIWDGQLLQYAAAVLTDLPATVIADVK.A R.KFAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.IDIVDAYVDR.L R.FQVDEVK.F R.VGEALQLSR.R R.LTEGADYFADTPGRDDVFR.H R.VAGIDLDR.Q R.TIDWILL.N R.ELFPAGLTLDDK.A R.RVGEALQLSR.R R.LQHVDAHNR.R R.DIELPFPQFVFGSITTELDTQVAR.L K.AHLGGMGIGHVAR.Q K.AIADGADVETLAR.A R.AEAAIVGGFSDVYVALADADSLER.L R.NAVLSAEQR.T R.VADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D R.EADGLALSSR.N R.DLDFGIDLAPAR.E K.RVADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D K.LGVFNVSAPGTDQAK.V R.AAVGVAVLPLGAAVEADAVAVRPA. K.IAELGLELPK.P R.VALMLVAIQGALGGDWAR.V R.DGQVTRG.L K.VANGASELFEKLFGEVGR.H K.VANGASELFEK.L K.IAELGLELPKPAAPVAAYPAVEHGGMVVYSGQLPFR.D R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618039	Sala_3001	Phosphomannomutase	56.52%	24	R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.GVVGDTLSEKDAYAIGR.S R.LVEGVGGAFR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.I R.LLVAIDQLAQSGVAR.G R.IDIVDAYVDR.L K.ASQALFDR.V R.AEAVDEAALAR.L R.IGAIIDQGR.V R.LIEAATK.L R.VAQLGGTPLMWK.T R.IDIVDAYVDR.LVEGVGGAFR.I R.GGMAMPVNTPEMR.F K.SLDFGVAFDGDDR.I R.VMTDDGWWLLR.A R.VIWDGQLLQYAAAVLTDLPATVIADVK.A R.KFAIVDEVLD.R.L R.IGWDAGNAGAPVIEK.L R.IGEMAAAGDWEAGETAEI.R.IDIVDAYVDR.L R.FQVDEVK.F R.VGEALQLSR.R R.LTEGADYFADTPGRDDVFR.H R.VAGIDLDR.Q R.TIDWILL.N R.ELFPAGLTLDDK.A R.RVGEALQLSR.R R.LQHVDAHNR.R R.DIELPFPQFVFGSITTELDTQVAR.L K.AHLGGMGIGHVAR.Q K.AIADGADVETLAR.A R.AEAAIVGGFSDVYVALADADSLER.L R.NAVLSAEQR.T R.VADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D R.EADGLALSSR.N R.DLDFGIDLAPAR.E K.RVADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D K.LGVFNVSAPGTDQAK.V R.AAVGVAVLPLGAAVEADAVAVRPA. K.IAELGLELPK.P R.VALMLVAIQGALGGDWAR.V R.DGQVTRG.L K.VANGASELFEKLFGEVGR.H K.VANGASELFEK.L K.IAELGLELPKPAAPVAAYPAVEHGGMVVYSGQLPFR.D R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618040	Sala_3002	ATPases involved in chromosome partitioning-like protein	37.88%	9	R.VGEALQLSR.R R.LTEGADYFADTPGRDDVFR.H R.VAGIDLDR.Q R.TIDWILL.N R.ELFPAGLTLDDK.A R.RVGEALQLSR.R R.LQHVDAHNR.R R.DIELPFPQFVFGSITTELDTQVAR.L K.AHLGGMGIGHVAR.Q K.AIADGADVETLAR.A R.AEAAIVGGFSDVYVALADADSLER.L R.NAVLSAEQR.T R.VADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D R.EADGLALSSR.N R.DLDFGIDLAPAR.E K.RVADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D K.LGVFNVSAPGTDQAK.V R.AAVGVAVLPLGAAVEADAVAVRPA. K.IAELGLELPK.P R.VALMLVAIQGALGGDWAR.V R.DGQVTRG.L K.VANGASELFEKLFGEVGR.H K.VANGASELFEK.L K.IAELGLELPKPAAPVAAYPAVEHGGMVVYSGQLPFR.D R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618041	Sala_3003	pantoate--beta-alanine ligase	36.56%	7	R.AEAAIVGGFSDVYVALADADSLER.L R.NAVLSAEQR.T R.VADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D R.EADGLALSSR.N R.DLDFGIDLAPAR.E K.RVADHVVSIFVNTQFGPNEDFAAYPR.D K.LGVFNVSAPGTDQAK.V R.AAVGVAVLPLGAAVEADAVAVRPA. K.IAELGLELPK.P R.VALMLVAIQGALGGDWAR.V R.DGQVTRG.L K.VANGASELFEKLFGEVGR.H K.VANGASELFEK.L K.IAELGLELPKPAAPVAAYPAVEHGGMVVYSGQLPFR.D R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618044	Sala_3006	Endoribonuclease L-PSP	79.87%	8	R.AAVGVAVLPLGAAVEADAVAVRPA. K.IAELGLELPK.P R.VALMLVAIQGALGGDWAR.V R.DGQVTRG.L K.VANGASELFEKLFGEVGR.H K.VANGASELFEK.L K.IAELGLELPKPAAPVAAYPAVEHGGMVVYSGQLPFR.D R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618045	Sala_3007	hypothetical protein	60.56%	9	R.LIEQYRPPVAVFIDDLAGHHR.S R.LHFVGEPAIAGK.I R.IEDASFANAK.R R.IDQLALHDFHAPVIGSR.G R.LAEKIPAPAPQV. R.SVAEEAPEVWR.L K.IAASPHAHAR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.QYPIPGALAAAMAAGAEADIVLTVNGPEHQQR.I R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618048	Sala_3010	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	48.06%	12	R.IYEGTTIQQLVIK.N R.YITNAPFADVILVIMAR.T K.SILFGTEQQK.A K.NAHVSAFLVPR.D R.ELVAPAPYR.S R.DAPVSIKHPDGK.M K.AFGERTIASFOLQMLADSK.A R.VVQIHGGAGYK.E R.LSVAASVGYK.R K.MGQAGSQIADVILEHDVHVDGALLGEEGIGFR.A R.LIPAEDQLEELGRVDDILAEMR.D R.AAMQSLDNGR.L R.AFDHLLCQLR.S R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R
YP_618049	Sala_3011	Aspartyl/Asparaginyl beta-hydroxylase	14.73%	4	R.SGFDWAEAVEAATDAIR.A R.AEQFLADTER.A R.GNVAALLAMAEKLR.R



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_618067	Sala_3030	succinate dehydrogenase, cytochrome b subunit	17.01%	2	R.LNGEAFDGK.L K.DLVGNKNGDPLDAALR.K R.TYGVTLR.G R.QNSTRWALFTHNIVHTDQLDFTFVGR.Y R.FGSQYGR.F R.DISVTPGR.S K.PMDLLLYASYSR.G K.CCAATYVDSVNPFIGLNPNPGVPTPTNNIIR.V
YP_618069	Sala_3032	succinate dehydrogenase, flavoprotein subunit	54.47%	26	K.WTFPMAVSIFHR.V R.HFLDAGAGYELR.T R.LGNSLIDLWVGR.A R.HASGSPITAEVR.T R.LKELLTGAQQPLPK.D K.IIDHIYDVTWVAGGSGLR.A R.GEGGYLTNSSEGR.F R.EAPAAVLELPHAGVPPFR.N R.SQAVLATGGYGR.C R.AGLPLQDMFVQFHPTGIYGAGVLITEGAR.G K.DSADLALR.L K.GSDWLGDDAIEYMVR.E R.TGHAMHLALYQSSLK.Y R.HADIHVSDR.S K.IFAGVTLTR.Q K.HSVAVFDGWGGK.G R.GVGPADHIYHLHDHIDPAVLAER.L K.ELTTPGAAQQPLPK.D R.NADGTIYQRPFGGHMQNMGGPPVQR.T R.AMSAHAAVFR.T R.TDELMAEGK.E R.LPGITESGK.I R.AGLPLQDMFVQFHPTGIYGAGVLITEGAR.G R.NADGTIYQRPFGGHMQNMGGPPVQR.T R.NADGTIYQR.P R.LDYRPVHEYTLSDDAEYIKPK.A R.GVIALCMEDSGSHR.F R.GAHAHEDFNDR.D R.AAQILVDFLPGGAK.V K.AIEQLGFVNPQAR.A K.AIEQLGFVNPQAR.A R.AAQILVDFLPGGAKVDEEDNVLPTLVER.Q K.VDDEDNVLPTLVER.Q K.GFLEALAEAGLTLPELNAPNGNYR.Y R.FADYFYANSQDEAISAYLTSLSAER.A K.IALITENSQAQK.N K.GFGWAAELNLQDVYAK.L K.NVQDQLLA.A K.ASLITYMNGLLAIGLLNSK.A R.VALVTGANTGIGQGFALADAGADIAAAGR.S K.GVNVNAIAPGYIATNTAALQADETR.S R.IDILVNNAGIIR.R R.KADNFAADLSSVAVQPLVDTVLAEFGR.I R.WGDPADIGGAAVFLASR.A R.AGSSFAASGAGDYDWDALDGAALLHLSGITPALGR.S R.DLSLVLGQVFSGEEDR.R R.AVLSELGSDILYGNHR.D K.AGQPSGNTNAWIPDL DAGTALIDLINRPAVLQQEGQR.A R.YNDLTENVDR.L R.NYENNHYGR.T R.LAGLAWTDADR.T R.ITSGNPLDFR.A R.GIDVSNYTIDEDNLIADLDNVYRTER.Y R.DSISAVDVVAEDIAKFPDQNLAESLQR.I K.SNVDYTIAGPLAYDPVDRLEAQAGVYTPQLLNLA.R K.FPVLVDFGQIEDPSSFVLAEFR.D R.FGDFVDPNNGGQAR.V R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.APDFETALPSK.H K.AAQPAWAATNPQR.R R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E K.VIADSKGDIQR.G K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.GEYTGAGPGIDVYSMR.Q R.LVEANMNQLAEMLSSEHGK.V R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E.V R.QIDHHIVGGAAGSAR.F R.SAFGDTNQHGMGVK.F R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.GFTLQHEK.G R.APDFETALPSKHQYGNVAIFR.N R.VQAMGGAK.N K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.FWTKVKTVTAR.W R.VDGTIPPALR.G R.FYESHGELR.V R.KGADLTALTIGATDLR.F R.LTLELVGGQALVR.R R.RLTLELVGGQALVR.R R.FSGEGEEWDR.R R.PAPAESPATAEAAASATDGAR.V R.DAGEGARADAMR.Y K.GADLTALTIGATDLR.F R.MYITDPADADLVGR.A R.NHSSAPFEPVYGYSR.A R.IVNDALQFGGYYLKDYPYER.F R.IVNDALQFGGYYLKD.Y R.DRQFGQVADFNQTFMLADMATDLEAAR.A R.ITPFAENEWEASHYVVDVWK.A K.VTANAPDKSR.F R.FAMAGLDGGR.L R.VHSILEGTNQVMR.M R.VGAEGDGR.F K.AAGELFGAIYVAEESGGIGLGR.L K.VTANAPDK.S K.IASYCLTEPGSGSDAALK.T R.LNIGACSLGGAQR.C R.DGDHYVLNGTK.Q R.CLDEAITYR.D R.ALLYMAAK.V K.RLATDNGSR.I K.RDGDHYVLNGTK.Q K.LGWNASPTAQVIFEDCRVPVENR.V K.DTPGLSFGAPEK.L R.IGGILGELSAVAPPAATR.H R.VGVFLALIGAR.L R.ADDGIEAVTIEHSEGR.G R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L R.ALIIDKNSPK.W K.WRADDGIEAVTIEHSEGR.G R.LFASDRYEDILAALEADGGEWAER.E R.VWQMHDFIEGVR.A K.EGAVMHDFAENAEQYVIGSR.V R.LDGAELALGLATHYLPSEK.L R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L K.AIHANLQAMIDALLK.W R.LNHLFTYPK.P R.VVQHESLVDEAVK.T K.AFAGADIK.E R.MMDAEAEER.S K.LGVAPGMGGSQR.L R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.CAVLTGSGDK.A R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.GAVTLVLRPQALNALNSGVLDLIAFAAFEADESQR.C R.MTYETLVEGR.G K.EMADKPAADFYLEDFFSK.W K.DMVNAAFETLQGLYER.R K.AVIHAGDAGAGQAAK.I
YP_618070	Sala_3033	transcriptional regulator, LacI family	20.80%	6	R.AAQILVDFLPGGAK.V K.AIEQLGFVNPQAR.A K.AIEQLGFVNPQAR.A R.AAQILVDFLPGGAKVDEEDNVLPTLVER.Q K.VDDEDNVLPTLVER.Q K.GFLEALAEAGLTLPELNAPNGNYR.Y R.FADYFYANSQDEAISAYLTSLSAER.A K.IALITENSQAQK.N K.GFGWAAELNLQDVYAK.L K.NVQDQLLA.A K.ASLITYMNGLLAIGLLNSK.A R.VALVTGANTGIGQGFALADAGADIAAAGR.S K.GVNVNAIAPGYIATNTAALQADETR.S R.IDILVNNAGIIR.R R.KADNFAADLSSVAVQPLVDTVLAEFGR.I R.WGDPADIGGAAVFLASR.A R.AGSSFAASGAGDYDWDALDGAALLHLSGITPALGR.S R.DLSLVLGQVFSGEEDR.R R.AVLSELGSDILYGNHR.D K.AGQPSGNTNAWIPDL DAGTALIDLINRPAVLQQEGQR.A R.YNDLTENVDR.L R.NYENNHYGR.T R.LAGLAWTDADR.T R.ITSGNPLDFR.A R.GIDVSNYTIDEDNLIADLDNVYRTER.Y R.DSISAVDVVAEDIAKFPDQNLAESLQR.I K.SNVDYTIAGPLAYDPVDRLEAQAGVYTPQLLNLA.R K.FPVLVDFGQIEDPSSFVLAEFR.D R.FGDFVDPNNGGQAR.V R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.APDFETALPSK.H K.AAQPAWAATNPQR.R R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E K.VIADSKGDIQR.G K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.GEYTGAGPGIDVYSMR.Q R.LVEANMNQLAEMLSSEHGK.V R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E.V R.QIDHHIVGGAAGSAR.F R.SAFGDTNQHGMGVK.F R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.GFTLQHEK.G R.APDFETALPSKHQYGNVAIFR.N R.VQAMGGAK.N K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.FWTKVKTVTAR.W R.VDGTIPPALR.G R.FYESHGELR.V R.KGADLTALTIGATDLR.F R.LTLELVGGQALVR.R R.RLTLELVGGQALVR.R R.FSGEGEEWDR.R R.PAPAESPATAEAAASATDGAR.V R.DAGEGARADAMR.Y K.GADLTALTIGATDLR.F R.MYITDPADADLVGR.A R.NHSSAPFEPVYGYSR.A R.IVNDALQFGGYYLKDYPYER.F R.IVNDALQFGGYYLKD.Y R.DRQFGQVADFNQTFMLADMATDLEAAR.A R.ITPFAENEWEASHYVVDVWK.A K.VTANAPDKSR.F R.FAMAGLDGGR.L R.VHSILEGTNQVMR.M R.VGAEGDGR.F K.AAGELFGAIYVAEESGGIGLGR.L K.VTANAPDK.S K.IASYCLTEPGSGSDAALK.T R.LNIGACSLGGAQR.C R.DGDHYVLNGTK.Q R.CLDEAITYR.D R.ALLYMAAK.V K.RLATDNGSR.I K.RDGDHYVLNGTK.Q K.LGWNASPTAQVIFEDCRVPVENR.V K.DTPGLSFGAPEK.L R.IGGILGELSAVAPPAATR.H R.VGVFLALIGAR.L R.ADDGIEAVTIEHSEGR.G R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L R.ALIIDKNSPK.W K.WRADDGIEAVTIEHSEGR.G R.LFASDRYEDILAALEADGGEWAER.E R.VWQMHDFIEGVR.A K.EGAVMHDFAENAEQYVIGSR.V R.LDGAELALGLATHYLPSEK.L R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L K.AIHANLQAMIDALLK.W R.LNHLFTYPK.P R.VVQHESLVDEAVK.T K.AFAGADIK.E R.MMDAEAEER.S K.LGVAPGMGGSQR.L R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.CAVLTGSGDK.A R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.GAVTLVLRPQALNALNSGVLDLIAFAAFEADESQR.C R.MTYETLVEGR.G K.EMADKPAADFYLEDFFSK.W K.DMVNAAFETLQGLYER.R K.AVIHAGDAGAGQAAK.I
YP_618071	Sala_3034	protein of unknown function DUF1124, sugar phosphate isomerase putative	36.87%	5	R.AAQILVDFLPGGAK.V K.AIEQLGFVNPQAR.A K.AIEQLGFVNPQAR.A R.AAQILVDFLPGGAKVDEEDNVLPTLVER.Q K.VDDEDNVLPTLVER.Q K.GFLEALAEAGLTLPELNAPNGNYR.Y R.FADYFYANSQDEAISAYLTSLSAER.A K.IALITENSQAQK.N K.GFGWAAELNLQDVYAK.L K.NVQDQLLA.A K.ASLITYMNGLLAIGLLNSK.A R.VALVTGANTGIGQGFALADAGADIAAAGR.S K.GVNVNAIAPGYIATNTAALQADETR.S R.IDILVNNAGIIR.R R.KADNFAADLSSVAVQPLVDTVLAEFGR.I R.WGDPADIGGAAVFLASR.A R.AGSSFAASGAGDYDWDALDGAALLHLSGITPALGR.S R.DLSLVLGQVFSGEEDR.R R.AVLSELGSDILYGNHR.D K.AGQPSGNTNAWIPDL DAGTALIDLINRPAVLQQEGQR.A R.YNDLTENVDR.L R.NYENNHYGR.T R.LAGLAWTDADR.T R.ITSGNPLDFR.A R.GIDVSNYTIDEDNLIADLDNVYRTER.Y R.DSISAVDVVAEDIAKFPDQNLAESLQR.I K.SNVDYTIAGPLAYDPVDRLEAQAGVYTPQLLNLA.R K.FPVLVDFGQIEDPSSFVLAEFR.D R.FGDFVDPNNGGQAR.V R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.APDFETALPSK.H K.AAQPAWAATNPQR.R R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E K.VIADSKGDIQR.G K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.GEYTGAGPGIDVYSMR.Q R.LVEANMNQLAEMLSSEHGK.V R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E.V R.QIDHHIVGGAAGSAR.F R.SAFGDTNQHGMGVK.F R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.GFTLQHEK.G R.APDFETALPSKHQYGNVAIFR.N R.VQAMGGAK.N K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.FWTKVKTVTAR.W R.VDGTIPPALR.G R.FYESHGELR.V R.KGADLTALTIGATDLR.F R.LTLELVGGQALVR.R R.RLTLELVGGQALVR.R R.FSGEGEEWDR.R R.PAPAESPATAEAAASATDGAR.V R.DAGEGARADAMR.Y K.GADLTALTIGATDLR.F R.MYITDPADADLVGR.A R.NHSSAPFEPVYGYSR.A R.IVNDALQFGGYYLKDYPYER.F R.IVNDALQFGGYYLKD.Y R.DRQFGQVADFNQTFMLADMATDLEAAR.A R.ITPFAENEWEASHYVVDVWK.A K.VTANAPDKSR.F R.FAMAGLDGGR.L R.VHSILEGTNQVMR.M R.VGAEGDGR.F K.AAGELFGAIYVAEESGGIGLGR.L K.VTANAPDK.S K.IASYCLTEPGSGSDAALK.T R.LNIGACSLGGAQR.C R.DGDHYVLNGTK.Q R.CLDEAITYR.D R.ALLYMAAK.V K.RLATDNGSR.I K.RDGDHYVLNGTK.Q K.LGWNASPTAQVIFEDCRVPVENR.V K.DTPGLSFGAPEK.L R.IGGILGELSAVAPPAATR.H R.VGVFLALIGAR.L R.ADDGIEAVTIEHSEGR.G R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L R.ALIIDKNSPK.W K.WRADDGIEAVTIEHSEGR.G R.LFASDRYEDILAALEADGGEWAER.E R.VWQMHDFIEGVR.A K.EGAVMHDFAENAEQYVIGSR.V R.LDGAELALGLATHYLPSEK.L R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L K.AIHANLQAMIDALLK.W R.LNHLFTYPK.P R.VVQHESLVDEAVK.T K.AFAGADIK.E R.MMDAEAEER.S K.LGVAPGMGGSQR.L R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.CAVLTGSGDK.A R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.GAVTLVLRPQALNALNSGVLDLIAFAAFEADESQR.C R.MTYETLVEGR.G K.EMADKPAADFYLEDFFSK.W K.DMVNAAFETLQGLYER.R K.AVIHAGDAGAGQAAK.I
YP_618072	Sala_3035	2-deoxy-D-gluconate 3-dehydrogenase	45.42%	5	R.AAQILVDFLPGGAK.V K.AIEQLGFVNPQAR.A K.AIEQLGFVNPQAR.A R.AAQILVDFLPGGAKVDEEDNVLPTLVER.Q K.VDDEDNVLPTLVER.Q K.GFLEALAEAGLTLPELNAPNGNYR.Y R.FADYFYANSQDEAISAYLTSLSAER.A K.IALITENSQAQK.N K.GFGWAAELNLQDVYAK.L K.NVQDQLLA.A K.ASLITYMNGLLAIGLLNSK.A R.VALVTGANTGIGQGFALADAGADIAAAGR.S K.GVNVNAIAPGYIATNTAALQADETR.S R.IDILVNNAGIIR.R R.KADNFAADLSSVAVQPLVDTVLAEFGR.I R.WGDPADIGGAAVFLASR.A R.AGSSFAASGAGDYDWDALDGAALLHLSGITPALGR.S R.DLSLVLGQVFSGEEDR.R R.AVLSELGSDILYGNHR.D K.AGQPSGNTNAWIPDL DAGTALIDLINRPAVLQQEGQR.A R.YNDLTENVDR.L R.NYENNHYGR.T R.LAGLAWTDADR.T R.ITSGNPLDFR.A R.GIDVSNYTIDEDNLIADLDNVYRTER.Y R.DSISAVDVVAEDIAKFPDQNLAESLQR.I K.SNVDYTIAGPLAYDPVDRLEAQAGVYTPQLLNLA.R K.FPVLVDFGQIEDPSSFVLAEFR.D R.FGDFVDPNNGGQAR.V R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.APDFETALPSK.H K.AAQPAWAATNPQR.R R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E K.VIADSKGDIQR.G K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.GEYTGAGPGIDVYSMR.Q R.LVEANMNQLAEMLSSEHGK.V R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E.V R.QIDHHIVGGAAGSAR.F R.SAFGDTNQHGMGVK.F R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.GFTLQHEK.G R.APDFETALPSKHQYGNVAIFR.N R.VQAMGGAK.N K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.FWTKVKTVTAR.W R.VDGTIPPALR.G R.FYESHGELR.V R.KGADLTALTIGATDLR.F R.LTLELVGGQALVR.R R.RLTLELVGGQALVR.R R.FSGEGEEWDR.R R.PAPAESPATAEAAASATDGAR.V R.DAGEGARADAMR.Y K.GADLTALTIGATDLR.F R.MYITDPADADLVGR.A R.NHSSAPFEPVYGYSR.A R.IVNDALQFGGYYLKDYPYER.F R.IVNDALQFGGYYLKD.Y R.DRQFGQVADFNQTFMLADMATDLEAAR.A R.ITPFAENEWEASHYVVDVWK.A K.VTANAPDKSR.F R.FAMAGLDGGR.L R.VHSILEGTNQVMR.M R.VGAEGDGR.F K.AAGELFGAIYVAEESGGIGLGR.L K.VTANAPDK.S K.IASYCLTEPGSGSDAALK.T R.LNIGACSLGGAQR.C R.DGDHYVLNGTK.Q R.CLDEAITYR.D R.ALLYMAAK.V K.RLATDNGSR.I K.RDGDHYVLNGTK.Q K.LGWNASPTAQVIFEDCRVPVENR.V K.DTPGLSFGAPEK.L R.IGGILGELSAVAPPAATR.H R.VGVFLALIGAR.L R.ADDGIEAVTIEHSEGR.G R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L R.ALIIDKNSPK.W K.WRADDGIEAVTIEHSEGR.G R.LFASDRYEDILAALEADGGEWAER.E R.VWQMHDFIEGVR.A K.EGAVMHDFAENAEQYVIGSR.V R.LDGAELALGLATHYLPSEK.L R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L K.AIHANLQAMIDALLK.W R.LNHLFTYPK.P R.VVQHESLVDEAVK.T K.AFAGADIK.E R.MMDAEAEER.S K.LGVAPGMGGSQR.L R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.CAVLTGSGDK.A R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.GAVTLVLRPQALNALNSGVLDLIAFAAFEADESQR.C R.MTYETLVEGR.G K.EMADKPAADFYLEDFFSK.W K.DMVNAAFETLQGLYER.R K.AVIHAGDAGAGQAAK.I
YP_618073	Sala_3036	PRB	21.05%	3	R.AAQILVDFLPGGAK.V K.AIEQLGFVNPQAR.A K.AIEQLGFVNPQAR.A R.AAQILVDFLPGGAKVDEEDNVLPTLVER.Q K.VDDEDNVLPTLVER.Q K.GFLEALAEAGLTLPELNAPNGNYR.Y R.FADYFYANSQDEAISAYLTSLSAER.A K.IALITENSQAQK.N K.GFGWAAELNLQDVYAK.L K.NVQDQLLA.A K.ASLITYMNGLLAIGLLNSK.A R.VALVTGANTGIGQGFALADAGADIAAAGR.S K.GVNVNAIAPGYIATNTAALQADETR.S R.IDILVNNAGIIR.R R.KADNFAADLSSVAVQPLVDTVLAEFGR.I R.WGDPADIGGAAVFLASR.A R.AGSSFAASGAGDYDWDALDGAALLHLSGITPALGR.S R.DLSLVLGQVFSGEEDR.R R.AVLSELGSDILYGNHR.D K.AGQPSGNTNAWIPDL DAGTALIDLINRPAVLQQEGQR.A R.YNDLTENVDR.L R.NYENNHYGR.T R.LAGLAWTDADR.T R.ITSGNPLDFR.A R.GIDVSNYTIDEDNLIADLDNVYRTER.Y R.DSISAVDVVAEDIAKFPDQNLAESLQR.I K.SNVDYTIAGPLAYDPVDRLEAQAGVYTPQLLNLA.R K.FPVLVDFGQIEDPSSFVLAEFR.D R.FGDFVDPNNGGQAR.V R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.APDFETALPSK.H K.AAQPAWAATNPQR.R R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E K.VIADSKGDIQR.G K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.GEYTGAGPGIDVYSMR.Q R.LVEANMNQLAEMLSSEHGK.V R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E.V R.QIDHHIVGGAAGSAR.F R.SAFGDTNQHGMGVK.F R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.GFTLQHEK.G R.APDFETALPSKHQYGNVAIFR.N R.VQAMGGAK.N K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.FWTKVKTVTAR.W R.VDGTIPPALR.G R.FYESHGELR.V R.KGADLTALTIGATDLR.F R.LTLELVGGQALVR.R R.RLTLELVGGQALVR.R R.FSGEGEEWDR.R R.PAPAESPATAEAAASATDGAR.V R.DAGEGARADAMR.Y K.GADLTALTIGATDLR.F R.MYITDPADADLVGR.A R.NHSSAPFEPVYGYSR.A R.IVNDALQFGGYYLKDYPYER.F R.IVNDALQFGGYYLKD.Y R.DRQFGQVADFNQTFMLADMATDLEAAR.A R.ITPFAENEWEASHYVVDVWK.A K.VTANAPDKSR.F R.FAMAGLDGGR.L R.VHSILEGTNQVMR.M R.VGAEGDGR.F K.AAGELFGAIYVAEESGGIGLGR.L K.VTANAPDK.S K.IASYCLTEPGSGSDAALK.T R.LNIGACSLGGAQR.C R.DGDHYVLNGTK.Q R.CLDEAITYR.D R.ALLYMAAK.V K.RLATDNGSR.I K.RDGDHYVLNGTK.Q K.LGWNASPTAQVIFEDCRVPVENR.V K.DTPGLSFGAPEK.L R.IGGILGELSAVAPPAATR.H R.VGVFLALIGAR.L R.ADDGIEAVTIEHSEGR.G R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L R.ALIIDKNSPK.W K.WRADDGIEAVTIEHSEGR.G R.LFASDRYEDILAALEADGGEWAER.E R.VWQMHDFIEGVR.A K.EGAVMHDFAENAEQYVIGSR.V R.LDGAELALGLATHYLPSEK.L R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L K.AIHANLQAMIDALLK.W R.LNHLFTYPK.P R.VVQHESLVDEAVK.T K.AFAGADIK.E R.MMDAEAEER.S K.LGVAPGMGGSQR.L R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.CAVLTGSGDK.A R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.GAVTLVLRPQALNALNSGVLDLIAFAAFEADESQR.C R.MTYETLVEGR.G K.EMADKPAADFYLEDFFSK.W K.DMVNAAFETLQGLYER.R K.AVIHAGDAGAGQAAK.I
YP_618078	Sala_3041	TonB-dependent receptor	21.27%	9	R.AAQILVDFLPGGAK.V K.AIEQLGFVNPQAR.A K.AIEQLGFVNPQAR.A R.AAQILVDFLPGGAKVDEEDNVLPTLVER.Q K.VDDEDNVLPTLVER.Q K.GFLEALAEAGLTLPELNAPNGNYR.Y R.FADYFYANSQDEAISAYLTSLSAER.A K.IALITENSQAQK.N K.GFGWAAELNLQDVYAK.L K.NVQDQLLA.A K.ASLITYMNGLLAIGLLNSK.A R.VALVTGANTGIGQGFALADAGADIAAAGR.S K.GVNVNAIAPGYIATNTAALQADETR.S R.IDILVNNAGIIR.R R.KADNFAADLSSVAVQPLVDTVLAEFGR.I R.WGDPADIGGAAVFLASR.A R.AGSSFAASGAGDYDWDALDGAALLHLSGITPALGR.S R.DLSLVLGQVFSGEEDR.R R.AVLSELGSDILYGNHR.D K.AGQPSGNTNAWIPDL DAGTALIDLINRPAVLQQEGQR.A R.YNDLTENVDR.L R.NYENNHYGR.T R.LAGLAWTDADR.T R.ITSGNPLDFR.A R.GIDVSNYTIDEDNLIADLDNVYRTER.Y R.DSISAVDVVAEDIAKFPDQNLAESLQR.I K.SNVDYTIAGPLAYDPVDRLEAQAGVYTPQLLNLA.R K.FPVLVDFGQIEDPSSFVLAEFR.D R.FGDFVDPNNGGQAR.V R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.APDFETALPSK.H K.AAQPAWAATNPQR.R R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E K.VIADSKGDIQR.G K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.GEYTGAGPGIDVYSMR.Q R.LVEANMNQLAEMLSSEHGK.V R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E.V R.QIDHHIVGGAAGSAR.F R.SAFGDTNQHGMGVK.F R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.GFTLQHEK.G R.APDFETALPSKHQYGNVAIFR.N R.VQAMGGAK.N K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.FWTKVKTVTAR.W R.VDGTIPPALR.G R.FYESHGELR.V R.KGADLTALTIGATDLR.F R.LTLELVGGQALVR.R R.RLTLELVGGQALVR.R R.FSGEGEEWDR.R R.PAPAESPATAEAAASATDGAR.V R.DAGEGARADAMR.Y K.GADLTALTIGATDLR.F R.MYITDPADADLVGR.A R.NHSSAPFEPVYGYSR.A R.IVNDALQFGGYYLKDYPYER.F R.IVNDALQFGGYYLKD.Y R.DRQFGQVADFNQTFMLADMATDLEAAR.A R.ITPFAENEWEASHYVVDVWK.A K.VTANAPDKSR.F R.FAMAGLDGGR.L R.VHSILEGTNQVMR.M R.VGAEGDGR.F K.AAGELFGAIYVAEESGGIGLGR.L K.VTANAPDK.S K.IASYCLTEPGSGSDAALK.T R.LNIGACSLGGAQR.C R.DGDHYVLNGTK.Q R.CLDEAITYR.D R.ALLYMAAK.V K.RLATDNGSR.I K.RDGDHYVLNGTK.Q K.LGWNASPTAQVIFEDCRVPVENR.V K.DTPGLSFGAPEK.L R.IGGILGELSAVAPPAATR.H R.VGVFLALIGAR.L R.ADDGIEAVTIEHSEGR.G R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L R.ALIIDKNSPK.W K.WRADDGIEAVTIEHSEGR.G R.LFASDRYEDILAALEADGGEWAER.E R.VWQMHDFIEGVR.A K.EGAVMHDFAENAEQYVIGSR.V R.LDGAELALGLATHYLPSEK.L R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L K.AIHANLQAMIDALLK.W R.LNHLFTYPK.P R.VVQHESLVDEAVK.T K.AFAGADIK.E R.MMDAEAEER.S K.LGVAPGMGGSQR.L R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.CAVLTGSGDK.A R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.GAVTLVLRPQALNALNSGVLDLIAFAAFEADESQR.C R.MTYETLVEGR.G K.EMADKPAADFYLEDFFSK.W K.DMVNAAFETLQGLYER.R K.AVIHAGDAGAGQAAK.I
YP_618086	Sala_3049	methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase	47.08%	18	R.AAQILVDFLPGGAK.V K.AIEQLGFVNPQAR.A K.AIEQLGFVNPQAR.A R.AAQILVDFLPGGAKVDEEDNVLPTLVER.Q K.VDDEDNVLPTLVER.Q K.GFLEALAEAGLTLPELNAPNGNYR.Y R.FADYFYANSQDEAISAYLTSLSAER.A K.IALITENSQAQK.N K.GFGWAAELNLQDVYAK.L K.NVQDQLLA.A K.ASLITYMNGLLAIGLLNSK.A R.VALVTGANTGIGQGFALADAGADIAAAGR.S K.GVNVNAIAPGYIATNTAALQADETR.S R.IDILVNNAGIIR.R R.KADNFAADLSSVAVQPLVDTVLAEFGR.I R.WGDPADIGGAAVFLASR.A R.AGSSFAASGAGDYDWDALDGAALLHLSGITPALGR.S R.DLSLVLGQVFSGEEDR.R R.AVLSELGSDILYGNHR.D K.AGQPSGNTNAWIPDL DAGTALIDLINRPAVLQQEGQR.A R.YNDLTENVDR.L R.NYENNHYGR.T R.LAGLAWTDADR.T R.ITSGNPLDFR.A R.GIDVSNYTIDEDNLIADLDNVYRTER.Y R.DSISAVDVVAEDIAKFPDQNLAESLQR.I K.SNVDYTIAGPLAYDPVDRLEAQAGVYTPQLLNLA.R K.FPVLVDFGQIEDPSSFVLAEFR.D R.FGDFVDPNNGGQAR.V R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.APDFETALPSK.H K.AAQPAWAATNPQR.R R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E K.VIADSKGDIQR.G K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.GEYTGAGPGIDVYSMR.Q R.LVEANMNQLAEMLSSEHGK.V R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E.V R.QIDHHIVGGAAGSAR.F R.SAFGDTNQHGMGVK.F R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.GFTLQHEK.G R.APDFETALPSKHQYGNVAIFR.N R.VQAMGGAK.N K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.FWTKVKTVTAR.W R.VDGTIPPALR.G R.FYESHGELR.V R.KGADLTALTIGATDLR.F R.LTLELVGGQALVR.R R.RLTLELVGGQALVR.R R.FSGEGEEWDR.R R.PAPAESPATAEAAASATDGAR.V R.DAGEGARADAMR.Y K.GADLTALTIGATDLR.F R.MYITDPADADLVGR.A R.NHSSAPFEPVYGYSR.A R.IVNDALQFGGYYLKDYPYER.F R.IVNDALQFGGYYLKD.Y R.DRQFGQVADFNQTFMLADMATDLEAAR.A R.ITPFAENEWEASHYVVDVWK.A K.VTANAPDKSR.F R.FAMAGLDGGR.L R.VHSILEGTNQVMR.M R.VGAEGDGR.F K.AAGELFGAIYVAEESGGIGLGR.L K.VTANAPDK.S K.IASYCLTEPGSGSDAALK.T R.LNIGACSLGGAQR.C R.DGDHYVLNGTK.Q R.CLDEAITYR.D R.ALLYMAAK.V K.RLATDNGSR.I K.RDGDHYVLNGTK.Q K.LGWNASPTAQVIFEDCRVPVENR.V K.DTPGLSFGAPEK.L R.IGGILGELSAVAPPAATR.H R.VGVFLALIGAR.L R.ADDGIEAVTIEHSEGR.G R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L R.ALIIDKNSPK.W K.WRADDGIEAVTIEHSEGR.G R.LFASDRYEDILAALEADGGEWAER.E R.VWQMHDFIEGVR.A K.EGAVMHDFAENAEQYVIGSR.V R.LDGAELALGLATHYLPSEK.L R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L K.AIHANLQAMIDALLK.W R.LNHLFTYPK.P R.VVQHESLVDEAVK.T K.AFAGADIK.E R.MMDAEAEER.S K.LGVAPGMGGSQR.L R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.CAVLTGSGDK.A R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.GAVTLVLRPQALNALNSGVLDLIAFAAFEADESQR.C R.MTYETLVEGR.G K.EMADKPAADFYLEDFFSK.W K.DMVNAAFETLQGLYER.R K.AVIHAGDAGAGQAAK.I
YP_618087	Sala_3050	hypothetical protein	56.21%	9	R.AAQILVDFLPGGAK.V K.AIEQLGFVNPQAR.A K.AIEQLGFVNPQAR.A R.AAQILVDFLPGGAKVDEEDNVLPTLVER.Q K.VDDEDNVLPTLVER.Q K.GFLEALAEAGLTLPELNAPNGNYR.Y R.FADYFYANSQDEAISAYLTSLSAER.A K.IALITENSQAQK.N K.GFGWAAELNLQDVYAK.L K.NVQDQLLA.A K.ASLITYMNGLLAIGLLNSK.A R.VALVTGANTGIGQGFALADAGADIAAAGR.S K.GVNVNAIAPGYIATNTAALQADETR.S R.IDILVNNAGIIR.R R.KADNFAADLSSVAVQPLVDTVLAEFGR.I R.WGDPADIGGAAVFLASR.A R.AGSSFAASGAGDYDWDALDGAALLHLSGITPALGR.S R.DLSLVLGQVFSGEEDR.R R.AVLSELGSDILYGNHR.D K.AGQPSGNTNAWIPDL DAGTALIDLINRPAVLQQEGQR.A R.YNDLTENVDR.L R.NYENNHYGR.T R.LAGLAWTDADR.T R.ITSGNPLDFR.A R.GIDVSNYTIDEDNLIADLDNVYRTER.Y R.DSISAVDVVAEDIAKFPDQNLAESLQR.I K.SNVDYTIAGPLAYDPVDRLEAQAGVYTPQLLNLA.R K.FPVLVDFGQIEDPSSFVLAEFR.D R.FGDFVDPNNGGQAR.V R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.APDFETALPSK.H K.AAQPAWAATNPQR.R R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E K.VIADSKGDIQR.G K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.GEYTGAGPGIDVYSMR.Q R.LVEANMNQLAEMLSSEHGK.V R.VGVSTDEAHYGPVVEAHK.E.V R.QIDHHIVGGAAGSAR.F R.SAFGDTNQHGMGVK.F R.VWVGVGIVNPVVPVAVHSFGGWK.R R.GFTLQHEK.G R.APDFETALPSKHQYGNVAIFR.N R.VQAMGGAK.N K.NHGVMPDADLQVNDLTGAAGFSAGER.C K.FWTKVKTVTAR.W R.VDGTIPPALR.G R.FYESHGELR.V R.KGADLTALTIGATDLR.F R.LTLELVGGQALVR.R R.RLTLELVGGQALVR.R R.FSGEGEEWDR.R R.PAPAESPATAEAAASATDGAR.V R.DAGEGARADAMR.Y K.GADLTALTIGATDLR.F R.MYITDPADADLVGR.A R.NHSSAPFEPVYGYSR.A R.IVNDALQFGGYYLKDYPYER.F R.IVNDALQFGGYYLKD.Y R.DRQFGQVADFNQTFMLADMATDLEAAR.A R.ITPFAENEWEASHYVVDVWK.A K.VTANAPDKSR.F R.FAMAGLDGGR.L R.VHSILEGTNQVMR.M R.VGAEGDGR.F K.AAGELFGAIYVAEESGGIGLGR.L K.VTANAPDK.S K.IASYCLTEPGSGSDAALK.T R.LNIGACSLGGAQR.C R.DGDHYVLNGTK.Q R.CLDEAITYR.D R.ALLYMAAK.V K.RLATDNGSR.I K.RDGDHYVLNGTK.Q K.LGWNASPTAQVIFEDCRVPVENR.V K.DTPGLSFGAPEK.L R.IGGILGELSAVAPPAATR.H R.VGVFLALIGAR.L R.ADDGIEAVTIEHSEGR.G R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L R.ALIIDKNSPK.W K.WRADDGIEAVTIEHSEGR.G R.LFASDRYEDILAALEADGGEWAER.E R.VWQMHDFIEGVR.A K.EGAVMHDFAENAEQYVIGSR.V R.LDGAELALGLATHYLPSEK.L R.FAMPETGIGLFPDVGWYLR.L K.AIHANLQAMIDALLK.W R.LNHLFTYPK.P R.VVQHESLVDEAVK.T K.AFAGADIK.E R.MMDAEAEER.S K.LGVAPGMGGSQR.L R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.CAVLTGSGDK.A R.LFQILAATEDKAEGMAAFIEK.R R.GAVTLVLRPQALNALNSGVLDLIAFAAFEADESQR.C R.MTYETLVEGR.G K.EMADKPAADFYLEDFFSK.W K.DMVNAAFETLQGLYER.R K.AVIHAGDAGAGQAAK.I
YP_618089	Sala_3052	Endoribonuclease L-PSP	23.08%	2	R.AAQILVDFLPGGAK.V



Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_618094	Sala_3057	Inorganic diphosphatase	68.54%	9	R.SNIEATAK.G R.ELYEAFVADKDKGR.D K.GLVAVDAPVSGGIAAANAGTLTFMVGTEEGFAR.A R.ELYEAFVADKDKGRDFAIIR.T R.AYDLSSEALTR.A K.GGFAALMLK.D R.YPANYGFPIHTLGGDGDPLDALVVAR.S R.SPIVAGAVVK.C K.ASGALFVDR.F K.LNGWGDVDEAKR.I R.IDLIPAGDSPDPSLNVLEVPVIGGEPVKYEFDK.A R.IDLIPAGDSPDPSLNVLEVPVIGGEPVK.Y K.LLCVFNK.T K.LNGWGDVDEAKR K.DVASYTDMPPIVQQJEHFFTHYK.D R.DFSGSGLFGTLK.G R.LIFLESGLTFEVQDVPATTGVAR.A R.LSIGLEDPADLIADLER.G R.ASTILYDVTADLK.A R.LGVITTYDPLVGAIAELIRPETR.L R.VLHPALAGDGGHAIWAR.D R.LGGGLVNPVWR.A R.HGENGLVIANWLAAR.G R.WTDPDLV.L R.GVLTMDNTWATLPLPALAHGVDVAMSLTK.Y K.LFGADVALLDGLLAK.W R.SLPHSELFNADGTWK.R R.IVLYDSDPK.S .MDALVSTDWLER.E R.MQSLGLDGSR.I K.DDVAVYDGSWLEWGADAATPK.A R.AEYEAHGIPGAVFMDLADLDTSSAIENMAPPAEK.F .MDALVSTDWLERELGASDLR.V R.TKEQMLANDSGAEQVVDAR.P R.SLPHSELFNADGTWK.G R.TKEQMLANDSGAEQVVDARPAAR.F R.TKEQMLANDSGAEQVVDARPAAR.F R.PGLAPGHIPGSR.S R.MQSLGLDGSR.I .MDALVSTDWLERELGASDLR.V .MDALVSTDWLER.E R.VVPTQPDASTAPAPAR.R R.AAPVGPALDEAPEAAPPR.A R.LQPEDDGRAPGVQPADNGLPPVAPGER.R R.FAADHVAVGFALNLLNQSSEATGLMVR.I R.RAPATDAPR.A R.RGPPPTAPPTAPPTAPPR.P R.IALGQGSAMTEPVLGR.F R.APGVQPADNGLPPVAPGER.R R.GGIPIDVFWQSGPPAGLWLPDQGVAPYR.G R.IGGWYPR.G R.AGELYVR.F R.ERFVGDVAVIER.L K.LLLEGATPAQVDK.V K.HGFEIAPLLK.A R.EITDQEIER.T R.LPFDGLAFER.E K.EMGLVDELAGEDSLAADAIAFAR.A R.VAEIEEPR.K R.GGPMFWAGLEGTDK.I R.ASDIDVWYGYWVYPR.G R.GGPMFWAGLEGTDKIVAALK.H K.LMFGSQSAAQR.H K.LGLLPGAGGTQR.L R.KNYDASAAK.G R.IVGEAATMTSTGDPVPAPK.A K.VGIIGAGTMGGIMMFLQK.G K.RNPSESPR.V K.AKEMGLVDELAGEDSLAADAIAFAR.A K.AALADDVSK.A R.VAEIEEPR.K R.HIFFAER.Q R.GPDFNAVLSIEVASK.P K.TAPDALATAMATGK.K K.NYDASAAK.G K.KQAGFYDYDEK.R K.DGEIAVIIWNPVWALSWHVR.Q R.GFAPYANLACVCAEATR.L R.CAGATTIAGADISEFGKPPR.G K.VAVVAGVCDGFIGNR.M K.TAPDALATAMATGK.I K.REITDQEIER.T K.GIPCTIVEMAQDALDR.G K.AALADDVSKAIVR.C R.LPFDGLAFEREQFMK.L R.IVGEAATMTSTGDPVPAPK.A R.ILEEGKAQR.A R.IENIRDALCAEGR.W K.TAPDALATAMATGK.K K.LLEVVRGEK.T K.IVAALK.H K.EMGLVDELAGEDSLAADAIAFAR.A K.AKEMGLVDELAGEDSLAADAIAFAR.A R.DTGVFVAGGNVFLTRPAQPVR.M R.IEGKPFVQLQR.I R.IFGPLGMVDTGFK.V K.VAADQHR.L R.IDDFDADYTMDSFIAALAK.I R.PGEALKDAIFR.I R.LDRAHAFHK.D R.LDRIPAFLEAK.Y R.HTAGLYGFQER.T K.VAAQQLTSSGVR.V K.VAIIITGAGSGIGR.A R.FGEGTIAVAANISSKDDLQNLVNETR.A K.ATAEAMAEQGA.V R.LIAFLPATLPEQTR.T R.VIDGTASSAHAK.A K.FAGGQSNPTTK.I R.KPFGPLPSAHAVDR.E R.GLLDLSIIAETIPLDR.I K.LGATDVVVALSDDAAK.Q R.IAADPIPEKR.E K.KLGATDVVVALSDDAAK.Q K.GGVVDAIEAVGRPASLAVASLR.R R.LVDVYLR.G R.IADGPDEVHAR.A K.HSPAADPGFSSGDIQVSR. K.TIAEQSIWEQR.I R.TIGVAEEALEK.M R.IERDSDDIINGTK.W K.VQAPNMLQIIDDIAQAHGAGGVSEDFGLAK.A K.VIQVVEDLKAEAK.A K.WWSSGAGDPR.C R.VNAEEAMLLGEGR.G K.AAGIWNLFMPPR.S R.SAFIWNTEPAVASSDATIETRI R.IGFASEVFNCSADPTGNMEVFRH.Y K.VRPAPTYEQDAQDAGDRK.V R.HAQQSMVPLDAPGVTKR.R R.SPLDSFGIWMPLGALLK.F K.AYGGAGLTPER.T K.FGTTEEQKHYLNQIAR.G R.NLTPSPFLTSVGAVALAK.A K.AQQLDEGSEGA.L R.WLPATASGEAIVALAIDEGAK.H K.TDGGITLFAVPK.D
YP_618096	Sala_3059	cystathionine beta-lyase	44.75%	10	
YP_618098	Sala_3061	3-mercaptopyruvate sulfurtransferase	59.14%	16	
YP_618099	Sala_3062	hypothetical protein	32.56%	8	
YP_618100	Sala_3063	GTP cyclohydrolase I	28.85%	3	
YP_618105	Sala_3068	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, NAD-binding	59.38%	41	
YP_618106	Sala_3069	beta-lactamase	30.50%	9	
YP_618107	Sala_3070	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	9.36%	2	
YP_618108	Sala_3071	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	15.12%	2	
YP_618109	Sala_3072	aminoglycoside phosphotransferase	13.40%	4	
YP_618110	Sala_3073	Alcohol dehydrogenase, zinc-binding	20.94%	6	
YP_618111	Sala_3074	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	52.68%	14	
YP_618114	Sala_3077	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	11.20%	3	
YP_618115	Sala_3078	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	25.54%	7	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_618116	Sala_3079	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	72.66%	16	R.DSADATGFSR.D R.LIGEFQGLQHR.A K.AGGTQAGR.W K.SPFLLTQALHGLLK.A K.TAQIEEAVADFETR.Y R.KTAQIEEAVADFETR.Y R.IGVPEDMAGAALYLASK.A R.LNFWETYSYHASK.A R.LVTDHLVTAIAPGAFQSDMNK.A K.AAGDYVVDITVVDGSLVHSDLK.T R.EERLDLVNAGAAGWEPFEPFEGWVK.V .MNLDMFGLDGR.I R.DHGDVAK.S K.VINIGSIDGMR.L R.LVTDHLVTAIAPGAFQSDMNK.A R.LDLVNNAGAAGWEPFEPFEGWVK.V K.AAILYLTK.R K.MIVEGYLAAGAAR.V K.AAGTHERPAK.V K.VTTVDVNATEKGLDNTTVK.L K.VAADWMAEFK.K R.VLAELFNISGVEADYTLDEAAR.V R.IITEQVEIAAK.Y K.LFVAEIDNALTLYR.D R.IAEGQILTINAIATLR.N R.GIAGAEADPGLDALSDDTIAFVR.G R.AHDGELLEITGQTR.L R.AIPWVFSWAQAR.T R.YAGLSAQDGHDAIFGR.I K.LKADGIDSAVAALLNAALIAPVLAHTPTEVR.R K.ADGIDSAVAALLNAALIAPVLAHTPTEVR.R R.IGSWGDRDRGNPFVTAETLR.M R.LLEKNPALEASIR.L R.GLVYDTPAFR.D R.DIVTIASGLSASGK.G K.DAIQWIIISK.A R.QGIAEPEATVAALEK.L K.AESLSDLEVVHVLAR.E R.FTAAMDALSDTAFAYR.G R.DAGLDETPGDVVEDAIR.R R.AMTPFAEITLKI K.GQLAGIGALGR.L R.QVLLWQTR.P R.GGGSFAAIR.A R.TMLPGWYTGEEAFAADK.A R.LPYIEPLNLQIEMK.R R.LGKDAIVQWIIISK.A R.IRITTEQVEIAAK.Y R.GFMLFMSLANLAEDR.Q R.DGNPFVTAETLR.M R.AVEVFGHFLATLDMR.Q K.NPALEASIR.L R.ISSWIGGDR.D R.GHQEVMIGVSDSNK.D R.LRPLPIELNLQIEMK.R R.EGGLWSAESR.D R.DVFLPVVPK.L K.YGTIDSAATNLEAMVSASLASLEPEAMGAK.E R.TKSTAIEDLR.A R.DAGLDETPGDVVEDAIR.Q K.ELGVNRPLAAPHWEHSEETAGELAIHAAADV.R.K K.DGGYLTSTWGLHQASAALTPVFEQADTAMQLFHR.G R.TMLPGWYTGEEAFAADK.A R.QNSAVHER.V R.LSATYAATGKPPRPGALK.G R.LSATYAATGKPPR.P R.AYGGDKLFR.Q R.AQPAGTVQGR.I K.YGTIDSAATNLEAMVSASLASLEPEAMGAK.E K.STAIEDLR.A K.SDMIAAR.Y K.GEPIAASDFR.R R.MRDAGLDETPGDVVEDAIR.R R.ILGDVIR.A R.GFMLFMSLANLAEDR.Q R.GFMLFMSLANLAEDR.Q R.FTAAMDALSDTAFAYR.G R.AVEVFGHFLATLDMRQNSAVHER.V R.ALSGIYAR.L K.YGTIDSAATNLEAMVSASLASLEPEAMGAK.E K.GEPIAASDFR.D K.ADGIDSAVAALLNAALIAPVLAHTPTEVR.R R.VEILADVSLDAPSTTVAR.Q R.QVPAFSLVDAQR.Q R.IQNELFDLGDADLTPDAER.G R.ALNPLALTYLNR.L K.SFILPGSSEAAAR.L R.TGDDGTTGLVGGSR.I R.LEEEDAMMAALDALK.S R.SAVAAADR.A R.LSDHLFVLAR.S R.SINGAAGDVLWPKGATR. K.HLFAQNPLGPAVWRP.D R.TDASTCSDPIEALTGR.F R.PVTNGEWQQFDDGGYR.T R.DHVPQALFDRPPLFNYSYEAEGPR.H R.AAPGSAVEYNGK.F K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLR.D R.QISEDDTGVDVAFR.A R.AVVELGSGSSTK.T K.GETHSENSHK.Y R.AYDDPAGVTAAPNLNLIER.I R.LPVYFEADFTQK.V R.IKDIAVLER.A R.ADVHAGLSQTPK.A R.HAADIATIGPGR.A R.DSAEALAAAR.F R.AALGDGSLMLIGIDR.I R.AGGWTFIATWDADAFALLIAEATEFR.S K.LGFFFGSTIGNMVAR.T R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTRSETDLLTR.H R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTR.S R.AALGDGSLMLIGIDR.I K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLRDSAEALAAAR.F K.LGFFFGSTIGNMVAR.T K.FRPAQLVQVEAGVWVK.K R.GLATSDTLATVEAYGR.G R.GFYDWTGDKPVPTR. K.QIVHANDAPGFVNR.V R.VLQSGTGDKP.F R.LAQAPDPAR.F R.ITPVADHAAFPASDLVIEATER.E K.MAQSDADMILLAR.I R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.AIFASVGEHLSATILASNTSSIPTR.L R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.PAPLLVQVEAGVWVK.K R.ITPVADHAAFPASDLVIEATEREIEKR.A R.MIVGIGAGQMAGIAQVSAGAGHVLADLIDLAR.A K.LLEIQEAPYSLAGLGR.C R.VAGTIAGSVIPFR.G R.EVQELDAVLGPDVNEQVQDK.S R.GLIGETIGANAER.R R.YALAVAGTVR.R R.GPAVFIGEAKPNLGLAWPNSVR.V R.GNFAEHTQPSAGNSR.V R.GLTIQIRVPGDGGWNPHPANDQSVR.G
YP_618117	Sala_3080	hypothetical protein	18.60%	2	R.LKDAIVQWIIISK.A R.IRITTEQVEIAAK.Y
YP_618118	Sala_3081	Phosphoenolpyruvate carboxylase	77.62%	61	R.GFMLFMSLANLAEDR.Q R.DGNPFVTAETLR.M R.AVEVFGHFLATLDMR.Q K.NPALEASIR.L R.ISSWIGGDR.D R.GHQEVMIGVSDSNK.D R.LRPLPIELNLQIEMK.R R.EGGLWSAESR.D R.DVFLPVVPK.L K.YGTIDSAATNLEAMVSASLASLEPEAMGAK.E R.TKSTAIEDLR.A R.DAGLDETPGDVVEDAIR.Q K.ELGVNRPLAAPHWEHSEETAGELAIHAAADV.R.K K.DGGYLTSTWGLHQASAALTPVFEQADTAMQLFHR.G R.TMLPGWYTGEEAFAADK.A R.QNSAVHER.V R.LSATYAATGKPPRPGALK.G R.LSATYAATGKPPR.P R.AYGGDKLFR.Q R.AQPAGTVQGR.I K.YGTIDSAATNLEAMVSASLASLEPEAMGAK.E K.STAIEDLR.A K.SDMIAAR.Y K.GEPIAASDFR.R R.MRDAGLDETPGDVVEDAIR.R R.ILGDVIR.A R.GFMLFMSLANLAEDR.Q R.GFMLFMSLANLAEDR.Q R.FTAAMDALSDTAFAYR.G R.AVEVFGHFLATLDMRQNSAVHER.V R.ALSGIYAR.L K.YGTIDSAATNLEAMVSASLASLEPEAMGAK.E K.GEPIAASDFR.D K.ADGIDSAVAALLNAALIAPVLAHTPTEVR.R R.VEILADVSLDAPSTTVAR.Q R.QVPAFSLVDAQR.Q R.IQNELFDLGDADLTPDAER.G R.ALNPLALTYLNR.L K.SFILPGSSEAAAR.L R.TGDDGTTGLVGGSR.I R.LEEEDAMMAALDALK.S R.SAVAAADR.A R.LSDHLFVLAR.S R.SINGAAGDVLWPKGATR. K.HLFAQNPLGPAVWRP.D R.TDASTCSDPIEALTGR.F R.PVTNGEWQQFDDGGYR.T R.DHVPQALFDRPPLFNYSYEAEGPR.H R.AAPGSAVEYNGK.F K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLR.D R.QISEDDTGVDVAFR.A R.AVVELGSGSSTK.T K.GETHSENSHK.Y R.AYDDPAGVTAAPNLNLIER.I R.LPVYFEADFTQK.V R.IKDIAVLER.A R.ADVHAGLSQTPK.A R.HAADIATIGPGR.A R.DSAEALAAAR.F R.AALGDGSLMLIGIDR.I R.AGGWTFIATWDADAFALLIAEATEFR.S K.LGFFFGSTIGNMVAR.T R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTRSETDLLTR.H R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTR.S R.AALGDGSLMLIGIDR.I K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLRDSAEALAAAR.F K.LGFFFGSTIGNMVAR.T K.FRPAQLVQVEAGVWVK.K R.GLATSDTLATVEAYGR.G R.GFYDWTGDKPVPTR. K.QIVHANDAPGFVNR.V R.VLQSGTGDKP.F R.LAQAPDPAR.F R.ITPVADHAAFPASDLVIEATER.E K.MAQSDADMILLAR.I R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.AIFASVGEHLSATILASNTSSIPTR.L R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.PAPLLVQVEAGVWVK.K R.ITPVADHAAFPASDLVIEATEREIEKR.A R.MIVGIGAGQMAGIAQVSAGAGHVLADLIDLAR.A K.LLEIQEAPYSLAGLGR.C R.VAGTIAGSVIPFR.G R.EVQELDAVLGPDVNEQVQDK.S R.GLIGETIGANAER.R R.YALAVAGTVR.R R.GPAVFIGEAKPNLGLAWPNSVR.V R.GNFAEHTQPSAGNSR.V R.GLTIQIRVPGDGGWNPHPANDQSVR.G
YP_618119	Sala_3082	lipoprotein-related protein	23.40%	2	R.VEILADVSLDAPSTTVAR.Q R.QVPAFSLVDAQR.Q
YP_618123	Sala_3086	cobalamin adenosyltransferase	58.03%	8	R.IQNELFDLGDADLTPDAER.G R.ALNPLALTYLNR.L K.SFILPGSSEAAAR.L R.TGDDGTTGLVGGSR.I R.LEEEDAMMAALDALK.S R.SAVAAADR.A R.LSDHLFVLAR.S R.SINGAAGDVLWPKGATR. K.HLFAQNPLGPAVWRP.D R.TDASTCSDPIEALTGR.F R.PVTNGEWQQFDDGGYR.T R.DHVPQALFDRPPLFNYSYEAEGPR.H R.AAPGSAVEYNGK.F K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLR.D R.QISEDDTGVDVAFR.A R.AVVELGSGSSTK.T K.GETHSENSHK.Y R.AYDDPAGVTAAPNLNLIER.I R.LPVYFEADFTQK.V R.IKDIAVLER.A R.ADVHAGLSQTPK.A R.HAADIATIGPGR.A R.DSAEALAAAR.F R.AALGDGSLMLIGIDR.I R.AGGWTFIATWDADAFALLIAEATEFR.S K.LGFFFGSTIGNMVAR.T R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTRSETDLLTR.H R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTR.S R.AALGDGSLMLIGIDR.I K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLRDSAEALAAAR.F K.LGFFFGSTIGNMVAR.T K.FRPAQLVQVEAGVWVK.K R.GLATSDTLATVEAYGR.G R.GFYDWTGDKPVPTR. K.QIVHANDAPGFVNR.V R.VLQSGTGDKP.F R.LAQAPDPAR.F R.ITPVADHAAFPASDLVIEATER.E K.MAQSDADMILLAR.I R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.AIFASVGEHLSATILASNTSSIPTR.L R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.PAPLLVQVEAGVWVK.K R.ITPVADHAAFPASDLVIEATEREIEKR.A R.MIVGIGAGQMAGIAQVSAGAGHVLADLIDLAR.A K.LLEIQEAPYSLAGLGR.C R.VAGTIAGSVIPFR.G R.EVQELDAVLGPDVNEQVQDK.S R.GLIGETIGANAER.R R.YALAVAGTVR.R R.GPAVFIGEAKPNLGLAWPNSVR.V R.GNFAEHTQPSAGNSR.V R.GLTIQIRVPGDGGWNPHPANDQSVR.G
YP_618124	Sala_3087	protein of unknown function DUF323	20.57%	5	R.SINGAAGDVLWPKGATR. K.HLFAQNPLGPAVWRP.D R.TDASTCSDPIEALTGR.F R.PVTNGEWQQFDDGGYR.T R.DHVPQALFDRPPLFNYSYEAEGPR.H R.AAPGSAVEYNGK.F K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLR.D R.QISEDDTGVDVAFR.A R.AVVELGSGSSTK.T K.GETHSENSHK.Y R.AYDDPAGVTAAPNLNLIER.I R.LPVYFEADFTQK.V R.IKDIAVLER.A R.ADVHAGLSQTPK.A R.HAADIATIGPGR.A R.DSAEALAAAR.F R.AALGDGSLMLIGIDR.I R.AGGWTFIATWDADAFALLIAEATEFR.S K.LGFFFGSTIGNMVAR.T R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTRSETDLLTR.H R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTR.S R.AALGDGSLMLIGIDR.I K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLRDSAEALAAAR.F K.LGFFFGSTIGNMVAR.T K.FRPAQLVQVEAGVWVK.K R.GLATSDTLATVEAYGR.G R.GFYDWTGDKPVPTR. K.QIVHANDAPGFVNR.V R.VLQSGTGDKP.F R.LAQAPDPAR.F R.ITPVADHAAFPASDLVIEATER.E K.MAQSDADMILLAR.I R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.AIFASVGEHLSATILASNTSSIPTR.L R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.PAPLLVQVEAGVWVK.K R.ITPVADHAAFPASDLVIEATEREIEKR.A R.MIVGIGAGQMAGIAQVSAGAGHVLADLIDLAR.A K.LLEIQEAPYSLAGLGR.C R.VAGTIAGSVIPFR.G R.EVQELDAVLGPDVNEQVQDK.S R.GLIGETIGANAER.R R.YALAVAGTVR.R R.GPAVFIGEAKPNLGLAWPNSVR.V R.GNFAEHTQPSAGNSR.V R.GLTIQIRVPGDGGWNPHPANDQSVR.G
YP_618125	Sala_3088	hypothetical protein	68.90%	18	R.QISEDDTGVDVAFR.A R.AVVELGSGSSTK.T K.GETHSENSHK.Y R.AYDDPAGVTAAPNLNLIER.I R.LPVYFEADFTQK.V R.IKDIAVLER.A R.ADVHAGLSQTPK.A R.HAADIATIGPGR.A R.DSAEALAAAR.F R.AALGDGSLMLIGIDR.I R.AGGWTFIATWDADAFALLIAEATEFR.S K.LGFFFGSTIGNMVAR.T R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTRSETDLLTR.H R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTR.S R.AALGDGSLMLIGIDR.I K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLRDSAEALAAAR.F K.LGFFFGSTIGNMVAR.T K.FRPAQLVQVEAGVWVK.K R.GLATSDTLATVEAYGR.G R.GFYDWTGDKPVPTR. K.QIVHANDAPGFVNR.V R.VLQSGTGDKP.F R.LAQAPDPAR.F R.ITPVADHAAFPASDLVIEATER.E K.MAQSDADMILLAR.I R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.AIFASVGEHLSATILASNTSSIPTR.L R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.PAPLLVQVEAGVWVK.K R.ITPVADHAAFPASDLVIEATEREIEKR.A R.MIVGIGAGQMAGIAQVSAGAGHVLADLIDLAR.A K.LLEIQEAPYSLAGLGR.C R.VAGTIAGSVIPFR.G R.EVQELDAVLGPDVNEQVQDK.S R.GLIGETIGANAER.R R.YALAVAGTVR.R R.GPAVFIGEAKPNLGLAWPNSVR.V R.GNFAEHTQPSAGNSR.V R.GLTIQIRVPGDGGWNPHPANDQSVR.G
YP_618126	Sala_3089	3-hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase	74.31%	14	R.QISEDDTGVDVAFR.A R.AVVELGSGSSTK.T K.GETHSENSHK.Y R.AYDDPAGVTAAPNLNLIER.I R.LPVYFEADFTQK.V R.IKDIAVLER.A R.ADVHAGLSQTPK.A R.HAADIATIGPGR.A R.DSAEALAAAR.F R.AALGDGSLMLIGIDR.I R.AGGWTFIATWDADAFALLIAEATEFR.S K.LGFFFGSTIGNMVAR.T R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTRSETDLLTR.H R.WFYDTTGSALFEDITALPEYPTR.S R.AALGDGSLMLIGIDR.I K.TPLLLAIDPAAYVPVDSIGDLRDSAEALAAAR.F K.LGFFFGSTIGNMVAR.T K.FRPAQLVQVEAGVWVK.K R.GLATSDTLATVEAYGR.G R.GFYDWTGDKPVPTR. K.QIVHANDAPGFVNR.V R.VLQSGTGDKP.F R.LAQAPDPAR.F R.ITPVADHAAFPASDLVIEATER.E K.MAQSDADMILLAR.I R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.AIFASVGEHLSATILASNTSSIPTR.L R.VLMPLINEAIFALGEGVATMQDIDAGCR.L R.PAPLLVQVEAGVWVK.K R.ITPVADHAAFPASDLVIEATEREIEKR.A R.MIVGIGAGQMAGIAQVSAGAGHVLADLIDLAR.A K.LLEIQEAPYSLAGLGR.C R.VAGTIAGSVIPFR.G R.EVQELDAVLGPDVNEQVQDK.S R.GLIGETIGANAER.R R.YALAVAGTVR.R R.GPAVFIGEAKPNLGLAWPNSVR.V R.GNFAEHTQPSAGNSR.V R.GLTIQIRVPGDGGWNPHPANDQSVR.G
YP_618127	Sala_3090	hypothetical protein	43.90%	5	R.LLEIQEAPYSLAGLGR.C R.VAGTIAGSVIPFR.G R.EVQELDAVLGPDVNEQVQDK.S R.GLIGETIGANAER.R R.YALAVAGTVR.R R.GPAVFIGEAKPNLGLAWPNSVR.V R.GNFAEHTQPSAGNSR.V R.GLTIQIRVPGDGGWNPHPANDQSVR.G
YP_618129	Sala_3092	hypothetical protein	33.00%	3	R.GPAVFIGEAKPNLGLAWPNSVR.V R.GNFAEHTQPSAGNSR.V R.GLTIQIRVPGDGGWNPHPANDQSVR.G

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_618131	Sala_3094	protein of unknown function DUF165	10.08%	2	R.ESAGTGTWLAIR.G R.LAADFMIILGQSPR.L
YP_618132	Sala_3095	acetylglutamate kinase	55.96%	16	K.SGALLDLDR.A R.FFLTDVAGVLDK.S R.IPHAMLEIFTRR.G R.VTDAATAEVAEMVLAKG.I R.SEADPSSGIER.H K.INKEIVGWIAGLGGR.A K.EIVGWJAGLGGR.A K.AETLVEALPYLQR.Y K.RSEADPSSGIER.H K.DANLVLAEK.V R.YAGQTFVIK.Y K.RFFLTDVAGVLDK.S K.QLGIESTFVGGRL.V K.YGGHAMGDPEAQRDFAEDVWLK.A K.YGGHAMGDPEAQR.D K.AVGINPVVHGGPQIGAMLK.Q R.APGLAVLVLDGDPASAVVYVSK.G R.RADIVVAVGR.A R.LAATATQDEVEALLR.Q R.LGDLSGKDAIVGR.S R.IADVAPEFR.A R.LVGDVYAAALGVADAITVPGVGPMTIACLLR.N R.ADIVVAVGR.A K.GDWIKPGAIVDVGINR.L K.ATVAAGMASFEHR.L R.NRPLAANPSAFVAEJAFAR.L R.WVLDHGDALATRPAPDFIASK.Q R.WVLDHGDALATRP.P K.AQADPAEAK.W K.WQPHAVYVSCDGNAAATGAWQK.G K.AAIGGVGALGGYLLGDLIGGR.S R.RAASVADYLAGR.G R.AASVADYLAGR.G R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.TAGTGIDVER.Q R.IAPVTQADVNAAG. R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C R.ERTAGTIDVER.Q K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S K.CAPERTEADYQCNR.R K.IGAPLVLLDR.S R.LGELPQDRDYATAAGHALAVLK.H R.KVDWIDISLDR.G R.VTAEELHLVIAEASK.S R.QLASDPGR.F R.GSVDEIVGVQAR.D R.DDGSLLIAGAMPADQMAERLGLIPLGDR.D K.VHDDLDAMDALEALR.A K.SSVIEESER.A R.FQQIADWTDADVAR.I R.DNLDIQASYLR.G R.IDAQLGAFQGR.I K.LGALLNGLGTR.F R.FRPVPPVAEPAVEAAIPEPTVPPPPAPAPATAK.A K.ADNLLK.K R.FRGLLAALLHAATGR.L R.AHAIDFVVGPPEAPLVAGLADR.L R.IADAIEVGGVR.V R.VLNVATGK.S R.RIADAEVGGVR.V R.IIRPTVGTLEAEATPYVGVFLAGLMLTAEQPK.L R.VGQDGTGPMTGGMGAYSPAVLTPDLEAVAMER.I R.DGALLHAATGR.L R.AEPPTFHHDYALTVVMAAK.G R.TLVAAGGR.V R.CTSADEALALDGFDPVVK.A R.ASIFTAAYR.C R.AIGVPVFGSAAAAR.L R.TIGVTSPTGAIVR.D R.DAGGAIVTSAK.A R.QRLDDVGER.L R.PDLVIVAR.G R.LAFRPEDSIEVIATGK.L K.VARPDVIVAR.G R.VRHDLVLTGAEEQAVITGR.A R.IVRPITVAAGR.W R.GGATSDADFAR.R R.YSDYSIEGAGGYDTWTWK.A R.VDLMNPLALIER.V R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.D R.RNPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.KYTAQASDLLAK.T R.FSGTRPLDPVTGQSTDPDTPVANGGLR.Q K.AGGSWEPGAGVK.F R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.R R.NPNLEQSTPNVITADTIELK.Q R.ISDYQTFDYR.V R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.K K.YTAQASDLLAK.T K.FNANVANPDSLNR.E K.AQHYFDLTAR.F R.NPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.FNMSIDYNIK.I R.ELPGVANIGSAVNNNGSASYDLR.G R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.Y R.PFSNDTLDYSNQFIGSGTSVPSR.F R.NIVLLNGNR.V R.FNIVYQANVSDSVEVYTR.G R.DFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.VDLSLLWR.W K.ADTWTIGLVWQPDFLPR.F K.QSNVAEVL.R.E R.VDATIGANFDGGR.G R.FTLGFDKVDLSLLWR.W R.VAPSDVNGRVDLNNIPLALIER.V R.RTPEVGR.I K.NTVSTIIAPSGSFGGTVVNLNPNPLPSTLR.N R.GNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.GGTDITDWSVEGAYGESENIQTQNYTLQSR.F R.QVNAAGAVPTFATNPNFNFQTPFER.F R.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.FNANVANPDSLNR.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VDATIGANFDDGRGNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.TDPNREVTVTLNR.R K.RDFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VAPSDVNGR.V R.TSLAQVR.A R.TPEVGR.I K.FRGNYSR.A R.NQFCANVAAAGSGLYTPR.F R.FTAECAAAATATGR.T R.FNMSIDYNIK.I R.EVTTLNR.R R.SVKAQHYFDLTAR.F
YP_618134	Sala_3097	Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+)	44.70%	9	R.ADIVVAVGR.A K.GDWIKPGAIVDVGINR.L K.ATVAAGMASFEHR.L R.NRPLAANPSAFVAEJAFAR.L R.WVLDHGDALATRPAPDFIASK.Q R.WVLDHGDALATRP.P K.AQADPAEAK.W K.WQPHAVYVSCDGNAAATGAWQK.G K.AAIGGVGALGGYLLGDLIGGR.S R.RAASVADYLAGR.G R.AASVADYLAGR.G R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.TAGTGIDVER.Q R.IAPVTQADVNAAG. R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C R.ERTAGTIDVER.Q K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S K.CAPERTEADYQCNR.R
YP_618135	Sala_3098	hypothetical protein	33.48%	5	R.IADVAPEFR.A R.LVGDVYAAALGVADAITVPGVGPMTIACLLR.N R.ADIVVAVGR.A K.GDWIKPGAIVDVGINR.L K.ATVAAGMASFEHR.L R.NRPLAANPSAFVAEJAFAR.L R.WVLDHGDALATRPAPDFIASK.Q R.WVLDHGDALATRP.P K.AQADPAEAK.W K.WQPHAVYVSCDGNAAATGAWQK.G K.AAIGGVGALGGYLLGDLIGGR.S R.RAASVADYLAGR.G R.AASVADYLAGR.G R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.TAGTGIDVER.Q R.IAPVTQADVNAAG. R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C R.ERTAGTIDVER.Q K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S K.CAPERTEADYQCNR.R
YP_618138	Sala_3101	OmpA/MotB	74.78%	19	R.IADVAPEFR.A R.LVGDVYAAALGVADAITVPGVGPMTIACLLR.N R.ADIVVAVGR.A K.GDWIKPGAIVDVGINR.L K.ATVAAGMASFEHR.L R.NRPLAANPSAFVAEJAFAR.L R.WVLDHGDALATRPAPDFIASK.Q R.WVLDHGDALATRP.P K.AQADPAEAK.W K.WQPHAVYVSCDGNAAATGAWQK.G K.AAIGGVGALGGYLLGDLIGGR.S R.RAASVADYLAGR.G R.AASVADYLAGR.G R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.TAGTGIDVER.Q R.IAPVTQADVNAAG. R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C R.ERTAGTIDVER.Q K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S K.CAPERTEADYQCNR.R
YP_618139	Sala_3102	protein of unknown function DUF21	29.18%	9	R.IADVAPEFR.A R.LVGDVYAAALGVADAITVPGVGPMTIACLLR.N R.ADIVVAVGR.A K.GDWIKPGAIVDVGINR.L K.ATVAAGMASFEHR.L R.NRPLAANPSAFVAEJAFAR.L R.WVLDHGDALATRPAPDFIASK.Q R.WVLDHGDALATRP.P K.AQADPAEAK.W K.WQPHAVYVSCDGNAAATGAWQK.G K.AAIGGVGALGGYLLGDLIGGR.S R.RAASVADYLAGR.G R.AASVADYLAGR.G R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.TAGTGIDVER.Q R.IAPVTQADVNAAG. R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C R.ERTAGTIDVER.Q K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L R.SALDNVAATLAEYPSYIDVYGHDTSTGSETYNQGLSER.R R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S R.MATLGYESQJK.C K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.L K.IVGAGIGAVAGAGVGYMDQQEK.K R.QGQQLVLMNPGDVTFDLNSAMVK.S K.CAPERTEADYQCNR.R
YP_618140	Sala_3103	hypothetical protein	49.73%	6	R.FQQIADWTDADVAR.I R.DNLDIQASYLR.G R.IDAQLGAFQGR.I K.LGALLNGLGTR.F R.FRPVPPVAEPAVEAAIPEPTVPPPPAPAPATAK.A K.ADNLLK.K R.FRGLLAALLHAATGR.L R.AHAIDFVVGPPEAPLVAGLADR.L R.IADAIEVGGVR.V R.VLNVATGK.S R.RIADAEVGGVR.V R.IIRPTVGTLEAEATPYVGVFLAGLMLTAEQPK.L R.VGQDGTGPMTGGMGAYSPAVLTPDLEAVAMER.I R.DGALLHAATGR.L R.AEPPTFHHDYALTVVMAAK.G R.TLVAAGGR.V R.CTSADEALALDGFDPVVK.A R.ASIFTAAYR.C R.AIGVPVFGSAAAAR.L R.TIGVTSPTGAIVR.D R.DAGGAIVTSAK.A R.QRLDDVGER.L R.PDLVIVAR.G R.LAFRPEDSIEVIATGK.L K.VARPDVIVAR.G R.VRHDLVLTGAEEQAVITGR.A R.IVRPITVAAGR.W R.GGATSDADFAR.R R.YSDYSIEGAGGYDTWTWK.A R.VDLMNPLALIER.V R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.D R.RNPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.KYTAQASDLLAK.T R.FSGTRPLDPVTGQSTDPDTPVANGGLR.Q K.AGGSWEPGAGVK.F R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.R R.NPNLEQSTPNVITADTIELK.Q R.ISDYQTFDYR.V R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.K K.YTAQASDLLAK.T K.FNANVANPDSLNR.E K.AQHYFDLTAR.F R.NPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.FNMSIDYNIK.I R.ELPGVANIGSAVNNNGSASYDLR.G R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.Y R.PFSNDTLDYSNQFIGSGTSVPSR.F R.NIVLLNGNR.V R.FNIVYQANVSDSVEVYTR.G R.DFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.VDLSLLWR.W K.ADTWTIGLVWQPDFLPR.F K.QSNVAEVL.R.E R.VDATIGANFDGGR.G R.FTLGFDKVDLSLLWR.W R.VAPSDVNGRVDLNNIPLALIER.V R.RTPEVGR.I K.NTVSTIIAPSGSFGGTVVNLNPNPLPSTLR.N R.GNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.GGTDITDWSVEGAYGESENIQTQNYTLQSR.F R.QVNAAGAVPTFATNPNFNFQTPFER.F R.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.FNANVANPDSLNR.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VDATIGANFDDGRGNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.TDPNREVTVTLNR.R K.RDFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VAPSDVNGR.V R.TSLAQVR.A R.TPEVGR.I K.FRGNYSR.A R.NQFCANVAAAGSGLYTPR.F R.FTAECAAAATATGR.T R.FNMSIDYNIK.I R.EVTTLNR.R R.SVKAQHYFDLTAR.F
YP_618141	Sala_3104	phosphoribosylamine--glycine ligase	47.69%	13	R.FRGLLAALLHAATGR.L R.AHAIDFVVGPPEAPLVAGLADR.L R.IADAIEVGGVR.V R.VLNVATGK.S R.RIADAEVGGVR.V R.IIRPTVGTLEAEATPYVGVFLAGLMLTAEQPK.L R.VGQDGTGPMTGGMGAYSPAVLTPDLEAVAMER.I R.DGALLHAATGR.L R.AEPPTFHHDYALTVVMAAK.G R.TLVAAGGR.V R.CTSADEALALDGFDPVVK.A R.ASIFTAAYR.C R.AIGVPVFGSAAAAR.L R.TIGVTSPTGAIVR.D R.DAGGAIVTSAK.A R.QRLDDVGER.L R.PDLVIVAR.G R.LAFRPEDSIEVIATGK.L K.VARPDVIVAR.G R.VRHDLVLTGAEEQAVITGR.A R.IVRPITVAAGR.W R.GGATSDADFAR.R R.YSDYSIEGAGGYDTWTWK.A R.VDLMNPLALIER.V R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.D R.RNPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.KYTAQASDLLAK.T R.FSGTRPLDPVTGQSTDPDTPVANGGLR.Q K.AGGSWEPGAGVK.F R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.R R.NPNLEQSTPNVITADTIELK.Q R.ISDYQTFDYR.V R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.K K.YTAQASDLLAK.T K.FNANVANPDSLNR.E K.AQHYFDLTAR.F R.NPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.FNMSIDYNIK.I R.ELPGVANIGSAVNNNGSASYDLR.G R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.Y R.PFSNDTLDYSNQFIGSGTSVPSR.F R.NIVLLNGNR.V R.FNIVYQANVSDSVEVYTR.G R.DFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.VDLSLLWR.W K.ADTWTIGLVWQPDFLPR.F K.QSNVAEVL.R.E R.VDATIGANFDGGR.G R.FTLGFDKVDLSLLWR.W R.VAPSDVNGRVDLNNIPLALIER.V R.RTPEVGR.I K.NTVSTIIAPSGSFGGTVVNLNPNPLPSTLR.N R.GNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.GGTDITDWSVEGAYGESENIQTQNYTLQSR.F R.QVNAAGAVPTFATNPNFNFQTPFER.F R.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.FNANVANPDSLNR.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VDATIGANFDDGRGNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.TDPNREVTVTLNR.R K.RDFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VAPSDVNGR.V R.TSLAQVR.A R.TPEVGR.I K.FRGNYSR.A R.NQFCANVAAAGSGLYTPR.F R.FTAECAAAATATGR.T R.FNMSIDYNIK.I R.EVTTLNR.R R.SVKAQHYFDLTAR.F
YP_618142	Sala_3105	exodeoxyribonuclease VII, large subunit	13.05%	6	R.PDLVIVAR.G R.LAFRPEDSIEVIATGK.L K.VARPDVIVAR.G R.VRHDLVLTGAEEQAVITGR.A R.IVRPITVAAGR.W R.GGATSDADFAR.R R.YSDYSIEGAGGYDTWTWK.A R.VDLMNPLALIER.V R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.D R.RNPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.KYTAQASDLLAK.T R.FSGTRPLDPVTGQSTDPDTPVANGGLR.Q K.AGGSWEPGAGVK.F R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.R R.NPNLEQSTPNVITADTIELK.Q R.ISDYQTFDYR.V R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.K K.YTAQASDLLAK.T K.FNANVANPDSLNR.E K.AQHYFDLTAR.F R.NPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.FNMSIDYNIK.I R.ELPGVANIGSAVNNNGSASYDLR.G R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.Y R.PFSNDTLDYSNQFIGSGTSVPSR.F R.NIVLLNGNR.V R.FNIVYQANVSDSVEVYTR.G R.DFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.VDLSLLWR.W K.ADTWTIGLVWQPDFLPR.F K.QSNVAEVL.R.E R.VDATIGANFDGGR.G R.FTLGFDKVDLSLLWR.W R.VAPSDVNGRVDLNNIPLALIER.V R.RTPEVGR.I K.NTVSTIIAPSGSFGGTVVNLNPNPLPSTLR.N R.GNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.GGTDITDWSVEGAYGESENIQTQNYTLQSR.F R.QVNAAGAVPTFATNPNFNFQTPFER.F R.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.FNANVANPDSLNR.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VDATIGANFDDGRGNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.TDPNREVTVTLNR.R K.RDFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VAPSDVNGR.V R.TSLAQVR.A R.TPEVGR.I K.FRGNYSR.A R.NQFCANVAAAGSGLYTPR.F R.FTAECAAAATATGR.T R.FNMSIDYNIK.I R.EVTTLNR.R R.SVKAQHYFDLTAR.F
YP_618144	Sala_3107	peptidase M23B	13.86%	3	R.VRHDLVLTGAEEQAVITGR.A R.IVRPITVAAGR.W R.GGATSDADFAR.R R.YSDYSIEGAGGYDTWTWK.A R.VDLMNPLALIER.V R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.D R.RNPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.KYTAQASDLLAK.T R.FSGTRPLDPVTGQSTDPDTPVANGGLR.Q K.AGGSWEPGAGVK.F R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.R R.NPNLEQSTPNVITADTIELK.Q R.ISDYQTFDYR.V R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.K K.YTAQASDLLAK.T K.FNANVANPDSLNR.E K.AQHYFDLTAR.F R.NPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.FNMSIDYNIK.I R.ELPGVANIGSAVNNNGSASYDLR.G R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.Y R.PFSNDTLDYSNQFIGSGTSVPSR.F R.NIVLLNGNR.V R.FNIVYQANVSDSVEVYTR.G R.DFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.VDLSLLWR.W K.ADTWTIGLVWQPDFLPR.F K.QSNVAEVL.R.E R.VDATIGANFDGGR.G R.FTLGFDKVDLSLLWR.W R.VAPSDVNGRVDLNNIPLALIER.V R.RTPEVGR.I K.NTVSTIIAPSGSFGGTVVNLNPNPLPSTLR.N R.GNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.GGTDITDWSVEGAYGESENIQTQNYTLQSR.F R.QVNAAGAVPTFATNPNFNFQTPFER.F R.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.FNANVANPDSLNR.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VDATIGANFDDGRGNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.TDPNREVTVTLNR.R K.RDFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VAPSDVNGR.V R.TSLAQVR.A R.TPEVGR.I K.FRGNYSR.A R.NQFCANVAAAGSGLYTPR.F R.FTAECAAAATATGR.T R.FNMSIDYNIK.I R.EVTTLNR.R R.SVKAQHYFDLTAR.F
YP_618145	Sala_3108	TonB-dependent receptor	68.82%	56	R.YSDYSIEGAGGYDTWTWK.A R.VDLMNPLALIER.V R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.D R.RNPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.KYTAQASDLLAK.T R.FSGTRPLDPVTGQSTDPDTPVANGGLR.Q K.AGGSWEPGAGVK.F R.VDALTGAAVTYGADAITGVVNFVTKR.R R.NPNLEQSTPNVITADTIELK.Q R.ISDYQTFDYR.V R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.K K.YTAQASDLLAK.T K.FNANVANPDSLNR.E K.AQHYFDLTAR.F R.NPITGGLDGPSTTPGLFLTNQGR.L R.FNMSIDYNIK.I R.ELPGVANIGSAVNNNGSASYDLR.G R.AIVSGDLGFASPGAVQPIGFALGGEYR.Y R.PFSNDTLDYSNQFIGSGTSVPSR.F R.NIVLLNGNR.V R.FNIVYQANVSDSVEVYTR.G R.DFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.VDLSLLWR.W K.ADTWTIGLVWQPDFLPR.F K.QSNVAEVL.R.E R.VDATIGANFDGGR.G R.FTLGFDKVDLSLLWR.W R.VAPSDVNGRVDLNNIPLALIER.V R.RTPEVGR.I K.NTVSTIIAPSGSFGGTVVNLNPNPLPSTLR.N R.GNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.GGTDITDWSVEGAYGESENIQTQNYTLQSR.F R.QVNAAGAVPTFATNPNFNFQTPFER.F R.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.FNANVANPDSLNR.ECVGYVSNCSFTSGIQEFQFSNR.F K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VDATIGANFDDGRGNAVLSIGYQADPVYQGAR.P R.TDPNREVTVTLNR.R K.RDFAGLEVTSANQITEEDGCHIFR.V K.INDVLTGTLPGDIIAACFDNVAASASDPACTSIR.R R.VAPSDVNGR.V R.TSLAQVR.A R.TPEVGR.I K.FRGNYSR.A R.NQFCANVAAAGSGLYTPR.F R.FTAECAAAATATGR.T R.FNMSIDYNIK.I R.EVTTLNR.R R.SVKAQHYFDLTAR.F

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_618146	Sala_3109	hypothetical protein	21.70%	5	R.RYAVSAK.L R.PLDVPTGQSTDPVANGGLR.Q R.NPMLQSTPYNVITADTIELKQSNVAEEVLR.E R.LSDYQITTFDFRVNGAR.G R.FNLYAQANVEVSDSVEVTRGMFSK.N R.ELPGVAVANGSANNVNGSASYDLRGLGSIR.N K.QSNVAEEVRLPVGAVANGSANNVNGSASYVDLR.G R.IASLSETLRLDPVAAIAAAMDHLGLAVDR.G R.GFAAGEAVVVKPSNIFNPLAR.G R.LEFENYADGFVR.L R.DPVAIAAAMDHLGLAVDR.G K.SGAFAFAGER.Q R.YFASADASYAVPR. R.GAAFVASALGR.R R.GHPFWFTEIEAQTDAIR.G R.GELQALLADPGEALRPVVR.M R.GIAALQAGDHEAAAHQHTAASDPHSGALQR.N R.AVLIFDVWPHMTAGER.E R.HGHALTVLDLPADVPDVL.R.N R.AVQFAGLCQSLQFVLSLPE.SR.D K.LTASPLLSLYR.L R.VGAEAGAGVQQR.N R.A.GLENQANQR.Q R.TLIDALRDVADIVASR.A R.AASATADVVALEEAIATR.H R.AALAAATSEAEAR.V R.GTTVDTAPEVAAAAA.V R.IGQPVFELTSDYGGDVVYR.G R.IALADAEALR.L R.IAAGAPIMVIVPIATAYVDANFK.E R.GSASGDLGAAEAVR.G R.ESIAGTGAVSAELTAAR.A R.APVDGIVTNR.Q R.EFDGSDIDYVAFILGQAGK.G R.LIAIDAYTAPAR.A R.IGYIAQDAPSGSATPFETVLAADAER.A R.DAPHLILLDEPTNHLVDAR.E R.LVLVDGGTAR.E R.EALVQALNGFDGAVLIVSHDR.H R.SYFGQLVISHER.D R.DLLNNVHHLLEGK.V K.LAQISAIR.A R.GILLDSTTEGDP.R.L R.GIGGSIYLDR.Y K.IRIPLNEEGAGGGQIEEYLR.A K.VIDLTHHYVYGR.M R.YGDLSDIDDPYEEGVDRHPVAGLK.V R.YFDIKGEYGLTSK.A R.KKDEGFEGNFTALFK.S R.GAEPVETTPGPMELR.L K.AYAEAIER.G R.SKDVQLWR.Q R.LPGHGEPEELK.S R.AYNGEGIQHIAFACDDLYAAWDR.L R.VGSDYELIAAK.A R.HADWLHAAANE. K.AHLEANGVEVLGPTHHGIFK.S R.VAPLMLEEWSR.T K.SYFFDPNKHRIELACDITDEQYALR.R K.LGGVHHAYR.C K.AGLADLAALVLR.H R.LLLTGDLDPAR.G R.GIAQAEVQVQK.E R.APTEELADALFAWTVAK.H K.E.LSNNINDADALELVAEFR.E R.HGVEVSTGCTAK.A K.VVTRAPTEELADALFAWTVAK.H R.YGENPHQK.A R.LAATAFAHTATYDGTIASWFADQGGK.L K.TIAGGWLAQSR.D K.AALYLPAGPAGR.G K.TLHPAVHSGLLAVR.D R.EAAESHGWASPR.T K.GGATAGIGAGQMN.R K.AGLAMVFTGMR.H K.SNAIVYAK.G K.GAARDIEENIDIGGPAMVR.S R.EAGHSVLVDADITGTFEMDGR.V R.HVAAMDAGHIGIDLVVNLYPFAATVAK.G K.NHAFVIVTEPEDYAAIAEMDANGAMTDLR.K K.AREAAESHGWASPR.T R.DIEIENIDIGGPAMVR.S R.DVEIAAANK.A R.ALLSVSKAGLADLAALVLR.H K.RLAATAFAHTATYDGTIASWFADQGGK.L K.HANPCGVATAASLSQAYDAALK.C K.GGATAGIGAGQMN.R R.ADAADDPAVWVDPANPNR.A R.VLASSQGDNAYAVFR.L R.LDGAKPATLGR.V R.ADGAPIAEAVR.T R.LGGGPLWQFR.T K.VLETSPYADGGNISR.S R.LLILSPNGR.E K.LLGVADPVPDGR.A R.TTAHSTLTLADSNSTAILPGGALGK.G R.NISASITADGLGALL.L R.KVLETSPYADGGNISR.S R.ILFWAAHAPLILSSDLYR.S R.HWLGTGETVSEPAWR.A K.LPLGDLDFASLTVAPAFADYLHSAWLR.D K.AVLLADAAPPPIAR.V K.QQCVSLNATPAK.H R.LEVDGGIDAATAPR.A R.IAPSILSADFAK.L K.GGPGAYADNIR.R R.AISAGADVLVAGTATFK.G R.DVAEDAAADR.C R.AVIDDIVAGFLDAR.D R.GIGVYVGGRL.L K.PVGLLNAAGFYNDLIAFNR.R R.LGLMGAVADSALEAGGVEIGIIEALVGAEVAHR.G R.LAVYCGSATPDDPVYIETAR.H R.PAHAGILLVAGLDDLDDK.M R.LGDVAITAHGADR.A R.SVYSIVSVYQDER.L K.LGATFLDR.A R.ATPTGISAVIDADGR.I R.LAPGDIDFWPGPGR.T R.AIEGLPVVR.A K.GVFEDGEWAPGALDEIATVR.R R.FEIGGPDGAGLTKR.K R.EIGYEQAGFHWNR.F K.YVLGVADVLPALLETANTVYHINPTGR.F R.THLGNKPIYR.Q K.VADQISDSIVDLFLAKDPEAR.V K.AGIAPLEPDAK.S K.VADQISDSIVDLFLAK.D R.NSFLTSEVSEGHDPKQVADQISDSIVDLFLAK.D R.KYVLGVADVLPALLETANTVYHINPTGR.F R.KAGIAPLEPDAK.S R.YANERPVEATAIVSTQHAPGYFHNNGEADK.Y R.NSFLTSEVSEGHDPK.V R.IEALVQLVLR.L R.FEIGGPDGAGLTKR.I R.TDLVCLK.A K.GVFEDGEWAPGALDEIATVR.R
YP_618147	Sala_3110	Aspartyl/Asparaginyl beta-hydroxylase	27.57%	6	
YP_618150	Sala_3113	transcriptional regulator, TetR family	26.17%	3	
YP_618151	Sala_3114	RND efflux system, outer membrane lipoprotein, NodT	15.37%	5	
YP_618152	Sala_3115	secretion protein HlyD	29.55%	7	
YP_618154	Sala_3118	ABC transporter related	23.61%	9	
YP_618155	Sala_3119	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	50.69%	12	
YP_618156	Sala_3120	Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	50.28%	6	
YP_618159	Sala_3123	phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase/IMP cyclohydrolase	64.49%	27	
YP_618160	Sala_3124	3-phytase	13.74%	3	
YP_618163	Sala_3127	Heparinase II/III-like protein	30.57%	12	
YP_618164	Sala_3128	Ribulose-phosphate 3-epimerase	30.04%	5	
YP_618168	Sala_3132	Squalene/phytoene synthase	7.65%	2	
YP_618169	Sala_3133	conserved hypothetical protein 730	52.85%	5	
YP_618170	Sala_3134	amine oxidase	7.72%	3	
YP_618174	Sala_3138	apolipoprotein N-acyltransferase	6.98%	3	
YP_618175	Sala_3139	Methionine adenosyltransferase	84.98%	27	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
					K.NIVAAGLAR.R R.QADGDAFPWER.T R.SAAYTR.Y K.IIVDTYGGASPHGGGAFSGKDPK.V K.IIVDTYGGASPHGGGAFSGK.D R.VACETLTTQLVVLAGEIR.C R.QTAAYGHFGR.Q K.IIVDTYGGASPHGGGAFSGKDPKVD.R.S R.FENNLHGQSPQIAQGVDEGAGK.D K.DEGAGDQGHFYGASDETPDPHPATLDYSHK.I R.RIPDGAALFVYLHPDPWP.K.A R.AGQQDLVDTLLPQJAVPLDGEVTAR.R R.IPDGALAFVYLHPDPWP.K.A R.MMNDGPLDLIAAKL.K.P K.ARAQGHVWVYFR.W R.SVGLTQACEMFFER.A R.SFSAAAADLVSPSAISQTIK.A R.AFIDYVRNLPDDITR. R.MGESLDADVAVR.L R.FVVAGAPSYFAR.H R.AAPAYGLADYEAAR.N R.NIDWPLFLR.L R.IHVVEITFGASGLSHLFHR.N K.VVAPLAAVGGFLDAAGGGGWVVTSNLLVQGGEP.R.K K.NAAAIAAGEMEELTESSVEFIEK.A R.ISNEELVASFNR.Y R.THGGIDQSGPK.T R.DRDSHFIFGVATAILVEDR.A R.AJAPDGHWDLSTR.L K.TDKLFVQEGR.K R.LWLHQANVMNR.L K.EVVPVAMIVGEMEK.L R.NNFGFLNR.T R.NGELSILAEIGVAAK.D R.DSHIFGVATAILVEDR.A R.AGRDAGDVAIVLCAASNMQR.A K.AGILDPEHMAPR.L R.KPTGDIVAVEAVR.L K.VAVNSAAVARPELVADIADR.F R.DAGDPVEAAR.A R.GTLLDLSR.T R.DGYDLALTR.A R.ATVYGDPAQAAR.R R.ALYDGRDLAEIAAGAA. R.RFEDAGVAALLFTDVG.R.D R.VIIGTAAALDPEFVK.S LAALTFPAIDLKAGQVVR.L K.SQAYGLATLER.F R.SVHNALVAAGADTVAVTADPDAVAR.A K.DNVVQVGFHEK.S R.KGDAIPSTK.G R.YGEAHAPMDETITR.C R.HSLDLSNQVK.G R.YGEAHAPMDETITR.C K.TQAPGVDIPALVAK.F R.DSLIPYDEIVQDALR.A R.VLSQVEGTDLSLPEHGHYITFK.T K.FPDEMIVLQNR.F R.LLSLIALDALDAK.A R.NKFEALASNDGLVFFSGALNTLAVALT.I R.YDDQFLAIWQTSGTQSNMNEVIAGLANEALAGR.G R.TESDSIGAIEVPADAYWGAQTER.S R.MPVPIIHALARIK.G R.AGLGELDLPANEPGSSIMPVK.V K.LAGSGTAVGTGLNAPAGFDAAIAELSR.A K.LADAAEAADVAAGR.Y R.YALLAATVAGAYLTR.K R.GNHPHPIAGTIIGAGTLMAAR.R R.GTDSDEVIAR.M R.GVLFVLSVSGAGK.T R.ARGTDSDEVIAR.M R.APVEELLAAGK.D R.VFVLPPTMEELER.R R.APVEELLAAGKDLVDFIDWGAQQLYQEAQDPVVR.V K.MAADGAFLEWAHVFGRH.Y K.DVLFIDWGAQQLYQEAQDPVVR.V R.WNTLPGFDTPLAGAPQNR.D R.GAVNVTASVAEDGQIGQAAYSASK.G K.VAIFDLQEEKK.A K.GGVGMGLPIAR.D R.DALGASVLPK.R K.VAIFDLQEEK.G R.MKLDSTVAVVTGGASGLGAATAR.A K.LDSTVAVVTGGASGLGAATAR.A R.MKLDSTVAVVTGGASGLGAATAR.A R.ILVNCAGTGNAIK.T R.DLASENIR.V K.SAAGMLTLPMDGER.G R.SKEDGSIK.H K.AIAEELGSIFECNVTDASVIDAAFEK.A K.LAGVHPVQLGAADFVDAIAR.N R.LNQHGGAIALGHPLGASGK.L R.EIVPIEIEIPEGR.E R.NAVLASNLPDIPAVTIDR.Q K.LMATLGLVLDATGGY.Y R.VPMSVATLFIK.E R.IHHSVYTAGDPVIMLEELFATEK.A K.HGFTKDDLDAFALES.R R.AGMTIADIDAYEVNEAFAPVPLAWK.Y K.AATEAGKFER.E R.TAYTDDHEAFR.S K.EVAPNQVWAEQVVPK.S R.VITFGSLQSDIVTIVR.Y K.LQVGHAWLDWALAR.H R.YGSEEQK.H R.AFDDTVYTR.E K.IGQDEADTSELFNDVR.V R.NLDKIGQDEADTSELFNDVR.V R.ALLGESPPWHAAEA.R.L R.LDPDGLTIEFGLMSTNGAASFDPGR.I R.LWVSLTSDPKK.R R.LSPAGELLHTVLPVQRTMIAFGGADLK.T R.IFYHADTPHSHIHAYDVPATGALGGK.R R.IFYHADTPHSHIHAYDVPATGALGGK.L R.PFGPPVADKPR.Q R.TDPATGTDVAMELAEQVGCIAPR.A R.LYVWDIEGCK.I R.FAEGEGRPDGAADVDAEGCYWSALWDGWR.V K.RDAALYR.L R.TDPATGTDVAMELAEQVGCIAPR.A R.LSPAGELLHTVLPVQRTMIAFGGADLK.T K.TAFVTSAGK.N R.DGANLSPADKEK.L K.TNENGVFYLDFAR.D K.FNQGFTEVYLSAIVDMK.L R.SSAQVPLQATNR.K R.LITPTFELDPK.L R.GDNGDANDTNTAIEIK.L R.DFVEYPSQVNEWLMTPVLSK.Y K.LEGLSFAFSSK.L K.SNDRVEEIDAEWSR.L R.VFAMWVQTSNK.S R.TILLMGTNETDRAFAIR.A K.YDLDESEKPYLQDK.L R.VKEEVADMQAIADAEAR.A R.HTSGLDLQQR.I K.YPALAGVPR.D
YP_618176	Sala_3140	tRNA (guanine-N(7)-)-methyltransferase	27.80%	5	
YP_618178	Sala_3142	transcriptional regulator, LysR family	29.87%	6	
YP_618179	Sala_3143	protein of unknown function DUF81	25.49%	3	
YP_618181	Sala_3145	3-oxoacyl-(acyl-carrier protein) synthase	46.30%	13	
YP_618182	Sala_3146	imidazoleglycerol phosphate synthase, cyclase subunit	23.92%	5	
YP_618183	Sala_3147	Phosphoribosylformimino-5- aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase	33.61%	5	
YP_618184	Sala_3148	imidazole glycerol phosphate synthase, glutamine amidotransferase subunit	23.76%	3	
YP_618185	Sala_3149	Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase	17.44%	4	
YP_618186	Sala_3150	protein of unknown function DUF1321	40.00%	4	
YP_618188	Sala_3152	fumarate hydratase, class II	38.64%	8	
YP_618189	Sala_3153	hypothetical protein	27.87%	2	
YP_618191	Sala_3155	Guanylate kinase	41.82%	8	
YP_618193	Sala_3157	short-chain dehydrogenase/reductase SDR	62.02%	14	
YP_618194	Sala_3158	Acetyl-CoA C-acetyltransferase	45.24%	10	
YP_618195	Sala_3159	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	25.78%	8	
YP_618196	Sala_3160	Senescence marker protein-30 (SMP-30)	69.20%	14	
YP_618197	Sala_3161	Peptidyl-dipeptidase Dcp	55.91%	35	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_618201	Sala_3165	Rieske (2Fe-2S) region	6.87%	3	K.TVPAGQNLLQPTWGPYQVPPWVKLDPELFPDAFQK.A K.ITIEPWDR.Y R.LYDLGFRENTGQIPVFDPK.V R.EITGGQIPVFDPK.V R.SSAQPVLNATNRK.L K.LVDGMFWAAGR.L R.SQSLGGER.N R.TFEVYLNK.T R.AELLGFPTHAHR.M K.AEVQAVDNPAPETTFETHVPMMLAGETMER.V R.AFVGRGDGDANDNTATIAELK.L R.TILLMTGNEDR.A R.TGEMPPQVLVDK.I R.SGAWMTTYR.S R.LYDLGFR.E R.ETLAEIGMPK.E R.DFVEVPSQVNNWLMTEVLSK.Y K.TPPTDVDRFER.E K.FNQGFEVYLSAIVDMK.L K.AKYDLDESEVKPYLQDK.L R.INRQVNAEDTALITR.V R.QVNAEDTALITR.V R.LEHAPAAWSNK. R.LVGGEEIAAAR.V R.DAEVLPAYDALENVAELLR.D R.MNVALSELPR.F R.FAGLSLEQQR.D R.DVVGGAARTEEFAPGFR.N R.DHVEISELSPVAK.V K.NYNDVDTYGAR.L R.TYPTSDITQDNAAALVEK.N R.STAVSDDLQTVQYNPENSKDR.W K.FLPSVTIQTAAFGFSQVYFR.G R.HDAGYIDNIAAGSR.T R.GTLPYPGPTLDNYEFGWK.T R.FIGLFWQR.Q R.VEALAGPQGLYGASSMAGTIK.L K.LGNWDLTVGGHLR.R K.FSDDALVATWSR.G K.REENLQDVLTAITAGNER.L K.LVTRNRPDPSGTYSGLGLENSVAHGOVGGVAEGFVNAPLGER.A R.STAVSDDLQTVQYNPENSK.D R.QSHNIEQNYINDLDTLFTVTGSDSNWLTQ.K K.FDNLVGFYGFYANFSSR.T R.RGTLPPYGPDTLDNYEFGWK.T R.EENLQDVLTAITAGNER.L R.WIQALITIEGK.L R.GVASEGANHSHASLPTVGTYLDDEMPITTIQGALDIHAYDLAR.V R.TYPTSDITQDNAAALVEKYNVDVDTYGAR.L R.LALGIDLDDWTIRPTLMGQVQK.T R.VASPADAR.I R.IANDSFDCTLPGSDGADNALLAPK.G K.TNGSFAQER.S R.GEIDLGYR.R R.GFRPGGINR.R K.GTSLPVTPK.F K.LPNWLYAPLIR.L R.LKEDPTDVAAIR.M R.GLDAEFGLEIWFWSLANLK.T R.VIHEALLSPETEVR.A R.IGGYDEAIALYALVER.F R.YAEAVETLDAVLTDDPNPAHANLK.A R.ALELAPFGGAAR.A R.AILAAVPASAAHR.I R.LSDMGAYR.D K.AYDDAGAPDAFR.H R.LMAHLDAVQGR.V R.DGEAADAALAAVGAHVDEAMIAALALAENR.L R.AGGQDPSGDPVFLGMRA K.SEVETVADYIR.A R.ANQPILPEAER.G R.DAAMALAAAR.Q R.AGVTDGSADATANEALFQR.E K.APAAPDLPLFAGDAAIPLTKPTPK.T R.GEPLVRPEAIK.A R.RASEFASR.T K.ASSESRESIGDAATR.L R.RGAEAFADWTIGGER.A R.GAIAAAER.A R.EEPAPPPSGLQLLAR.E K.YDAFHAMFAASSLDR.G K.AGTASLWNLQR.R R.VQESTADAAGAQYLSK.A R.VIGKQDDQAYGR.T R.SQPLAATLGHALIAIEEPHYAEAEK.V R.DAETALFQDMMDFLLVAAGLQPGQVR.V K.TAVALDNQNPFWYQLGIVYANK.G R.ARDESDDGEGR.K R.TASSAGLALR.L R.ASQEATFLLNEK.R R.VEPSLQAAFVEYGGNR.H R.RSDEEDGESR.M K.AALAAEAAEAAEAPVTDAPAEAEAPAPK.K R.YGVEDQLAGMLNPVQLK.S R.EEAHAAAAAQR.A R.HGFLAFSEIHPDYQIPK.E K.GAALTYLSLAGR.Y K.AVAEATSEATQSAEPVAADAGETGEAADGEPFR.R R.LIEEEAAR.G R.EHNNIEQALSTLNLEAAEAIAR.Q R.SFAPIEPIEDDEDIPEEEDDESDASDRAPAR.A R.EALLREAEHAAAAAQR.A K.KAVAAEATSEATQSAEPVAADAGETGEAADGEPFR.R K.GNRIEEDFESAEHK.Q R.MAIEVGGPPPTQR.R K.QYADPVSLYQR.Y R.VKQYADPVSLYQR.Y R.IEEDFESAEHK.Q K.TLASSAPALHSDSLIK.R R.SFAPIEPIEDDEDIPEEEDDESDASDR.A R.SDEEDGESR.M R.ELHEIEELYVSVLELDPGETEGAR.M R.DIYHKDIEEVLVEGDEGYK.A R.DESDIDGEGR.K K.DIEEVLVEGDEGYK.A R.QVMLVQVKEER.G R.DEEGTEGADAPSAVDDVQETAGDAEAASTTDEAPGTDAEAEPAAK.K K.TLASSAPALHSDSLIKR.A R.HREETR.V K.VTRVPSLQAAFVEYGGNR.H K.SGYLVINPTIEALVSDINSGR.S R.TGVLASTRPECHCEGLVLR.T R.HGFLAFSEIHPDYQIPKEDR.E R.DMAGLVIDFIDMDHGSNVR.K R.DFDYLAR.L R.AIRDYHK.D K.EALKNDR.A K.AVAEATSEATQSAEPVAADAGETGEAADGEPFR.R R.LPFLTFLQR.L R.AVGLTLEEVGWIR.R R.AAIARQSEDELAALIR.G R.TGVASAEAAVALAQITIDALPGLAWR.G R.TDYLQGVTAALADAGFAPPVITGSGTGTHR.I R.LVVIDIDPGLAR.T R.LASSFIGIDYDNWR.I R.PVGASTITQVAK.N R.DGEGKPVHSYAR.E
YP_618202	Sala_3166	FAD dependent oxidoreductase	15.21%	6	
YP_618204	Sala_3168	TonB-dependent receptor	52.08%	27	
YP_618205	Sala_3169	Tetratricopeptide TPR_2	34.77%	13	
YP_618206	Sala_3170	DSBA oxidoreductase	34.58%	13	
YP_618207	Sala_3171	peptidase M48, Ste24p	22.70%	5	
YP_618208	Sala_3172	ribonuclease, Rne/Rng family	63.00%	41	
YP_618210	Sala_3174	FAD-linked oxidoreductase	10.07%	3	
YP_618211	Sala_3175	threonine aldolase family protein	17.85%	3	
YP_618212	Sala_3176	glycosyl transferase, family 51	31.62%	18	

Accession	Locus tag	Description	Sequence coverage	No. peptides identified	List of peptides identified
YP_618213	Sala_3177	peptide chain release factor 2	65.07%	20	K.TGGSFASLRPGDLIAVK.S R.VQLDYSEYPLLV.R.A R.LRDLGVPLFGK.T R.AYFDKVDDELALHEMAFLALPK.A R.SFGVQAASR.A R.RSDSEFLDR.G R.NFGNSGGSGEHTMR.W R.IEDALTKEQILELYLNEIPLGR.R R.SDSEFLDRGGII. R.QDAPVQQTGR.R R.LASSFIGIDYDNWRIAASVLSK.S R.IYAMQGGFDV.R.L R.IAAVLSKSGAARIGFADGDTGLPASAATMYR.K K.STGGSYALR.N K.DFALEALADRQPIPAAPK.G R.LTHPTGIVASQNDR.S R.EAAASGEYQAK.T R.TGVTSTAPGVDLDGALDFMAAALSQK.V R.SYVLQPYQLVK.D K.VTGEKVEVEDID. K.VEDEPTLWDPK.A R.AEALDHDKITAALALLR.R R.RLDELNAK.V R.RLDEAITATR.A K.VELIEYQAGEQAGIK.S K.TEIGWGHQIR.S K.GENAYGAK.T R.LDEAITATR.A R.HTSFSVWVYVYDDNIEIEINEGDLK.I R.GMKVELIEYQAGEQAGIK.S K.ALLAGEADGNDAYIEVHAGAGGESQDWAEMLQR.M R.TGVTSTAPGVDLDGALDFMAAALSQKVTGEK.V R.RLDEAITATR.A R.LYEAELQKR.E R.LDELNAKVEDEPTLWDPK.A R.VLAQDIPIEVIER.L R.EGGQVIVVDGDRPIAQHTGTPFR.L K.LVSYDDKQHAGGYLAR.F R.FVPEGDRPAPDAIK.V R.LFLQGDAAALLR.A R.APAGAGDAR.R R.ALSGWGTPLVGR.L R.INPHVEAIAVAER.L K.AMVAADAAWR.I R.GAGGFGSTGIESDAADETANAAGLASLSGK.L K.VILANLGDENFEVK.R R.ATFAEVRDLDDTAR.G R.HAVATGFAMAIPLGVEYQVRP.R.S R.RPPLLIQFAAETNDVIAHAEAK.L R.VPPLLAENPDILASVAQSSR.R R.ILITAGPTHEPIDPVR.Y R.AGEQVTVPLTLAALSENK.V R.AAESQAQK.I K.IADELDQR.A R.MAAGIADDLATTLLATDKPVLAAAPAMNVR.M K.QGFAIAAAAEAGAEVLLIAGPVLPTPPGVIR.V R.VVVPLMPVAEVEPIPR.L R.YDVYPGAPGR.G K.LGQTLATRPDLWGEEAR.N R.IPDYAAAFQAIQPAAVK.L K.LAANLVHAF.LR.Q R.NLLTQDALPPVAFAR.I R.VAEIHFEAQVVPDYNHNVDEFATALR.A R.TLALIPDIIR.R R.DIETYEWAHLEALGGEASR.L K.EWIRDDELGPEALADGLR.E R.YAL.SALIGAAAGAAALNWL.G R.IREEIEATFEAPLESYSEFDPPVGSASIAQVHR.A R.GKPVSELSVGQMLDGLFAITR.D R.EAASASELSDAMAIEPEYVPAIDWDR.T K.GAAPAPPPLPDVTLMWER.G K.ADSTIAAVDFGIMGR.I R.NVTDIIPAALSEHR.V K.LIAGDEESYR.Y R.GIDSLVWSEQNAEK.L R.AGEAILDMAGGTGDIAFR.M R.FFDAYTIAFGIR.N K.VEPILGSLVAIHSGWK.A K.TAMVGEVFSR.V K.LTFPDRFFDAYTIAFGIR.N K.VEAAVAAGDKDAAATALK.A K.KVEAAVAAGDK.D
YP_618214	Sala_3178	Methyltransferase type 11	27.20%	4	R.LDELNAKVEDEPTLWDPK.A R.VLAQDIPIEVIER.L R.EGGQVIVVDGDRPIAQHTGTPFR.L K.LVSYDDKQHAGGYLAR.F R.FVPEGDRPAPDAIK.V
YP_618215	Sala_3179	hypothetical protein	19.01%	2	R.LFLQGDAAALLR.A R.APAGAGDAR.R
YP_618216	Sala_3180	UBA/THIF-type NAD/FAD binding fold	14.06%	3	R.ALSGWGTPLVGR.L R.INPHVEAIAVAER.L K.AMVAADAAWR.I
YP_618217	Sala_3181	deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase (dut)	47.09%	4	R.GAGGFGSTGIESDAADETANAAGLASLSGK.L K.VILANLGDENFEVK.R R.ATFAEVRDLDDTAR.G R.HAVATGFAMAIPLGVEYQVRP.R.S R.RPPLLIQFAAETNDVIAHAEAK.L R.VPPLLAENPDILASVAQSSR.R R.ILITAGPTHEPIDPVR.Y R.AGEQVTVPLTLAALSENK.V R.AAESQAQK.I K.IADELDQR.A R.MAAGIADDLATTLLATDKPVLAAAPAMNVR.M K.QGFAIAAAAEAGAEVLLIAGPVLPTPPGVIR.V R.VVVPLMPVAEVEPIPR.L R.YDVYPGAPGR.G K.LGQTLATRPDLWGEEAR.N R.IPDYAAAFQAIQPAAVK.L K.LAANLVHAF.LR.Q R.NLLTQDALPPVAFAR.I R.VAEIHFEAQVVPDYNHNVDEFATALR.A R.TLALIPDIIR.R R.DIETYEWAHLEALGGEASR.L K.EWIRDDELGPEALADGLR.E R.YAL.SALIGAAAGAAALNWL.G R.IREEIEATFEAPLESYSEFDPPVGSASIAQVHR.A R.GKPVSELSVGQMLDGLFAITR.D R.EAASASELSDAMAIEPEYVPAIDWDR.T K.GAAPAPPPLPDVTLMWER.G K.ADSTIAAVDFGIMGR.I R.NVTDIIPAALSEHR.V K.LIAGDEESYR.Y R.GIDSLVWSEQNAEK.L R.AGEAILDMAGGTGDIAFR.M R.FFDAYTIAFGIR.N K.VEPILGSLVAIHSGWK.A K.TAMVGEVFSR.V K.LTFPDRFFDAYTIAFGIR.N K.VEAAVAAGDKDAAATALK.A K.KVEAAVAAGDK.D
YP_618218	Sala_3182	phosphopantothencysteine decarboxylase/phosphopantothenate--cysteine ligase	37.14%	8	R.HAVATGFAMAIPLGVEYQVRP.R.S R.RPPLLIQFAAETNDVIAHAEAK.L R.VPPLLAENPDILASVAQSSR.R R.ILITAGPTHEPIDPVR.Y R.AGEQVTVPLTLAALSENK.V R.AAESQAQK.I K.IADELDQR.A R.MAAGIADDLATTLLATDKPVLAAAPAMNVR.M K.QGFAIAAAAEAGAEVLLIAGPVLPTPPGVIR.V R.VVVPLMPVAEVEPIPR.L R.YDVYPGAPGR.G K.LGQTLATRPDLWGEEAR.N R.IPDYAAAFQAIQPAAVK.L K.LAANLVHAF.LR.Q R.NLLTQDALPPVAFAR.I R.VAEIHFEAQVVPDYNHNVDEFATALR.A R.TLALIPDIIR.R R.DIETYEWAHLEALGGEASR.L K.EWIRDDELGPEALADGLR.E R.YAL.SALIGAAAGAAALNWL.G R.IREEIEATFEAPLESYSEFDPPVGSASIAQVHR.A R.GKPVSELSVGQMLDGLFAITR.D R.EAASASELSDAMAIEPEYVPAIDWDR.T K.GAAPAPPPLPDVTLMWER.G K.ADSTIAAVDFGIMGR.I R.NVTDIIPAALSEHR.V K.LIAGDEESYR.Y R.GIDSLVWSEQNAEK.L R.AGEAILDMAGGTGDIAFR.M R.FFDAYTIAFGIR.N K.VEPILGSLVAIHSGWK.A K.TAMVGEVFSR.V K.LTFPDRFFDAYTIAFGIR.N K.VEAAVAAGDKDAAATALK.A K.KVEAAVAAGDK.D
YP_618219	Sala_3183	putative CcdB-like protein	26.53%	2	R.LFLQGDAAALLR.A R.APAGAGDAR.R
YP_618221	Sala_3185	2-polyprenylphenol 6-hydroxylase	52.92%	14	R.LFLQGDAAALLR.A R.APAGAGDAR.R R.ALSGWGTPLVGR.L R.INPHVEAIAVAER.L K.AMVAADAAWR.I R.GAGGFGSTGIESDAADETANAAGLASLSGK.L K.VILANLGDENFEVK.R R.ATFAEVRDLDDTAR.G R.HAVATGFAMAIPLGVEYQVRP.R.S R.RPPLLIQFAAETNDVIAHAEAK.L R.VPPLLAENPDILASVAQSSR.R R.ILITAGPTHEPIDPVR.Y R.AGEQVTVPLTLAALSENK.V R.AAESQAQK.I K.IADELDQR.A R.MAAGIADDLATTLLATDKPVLAAAPAMNVR.M K.QGFAIAAAAEAGAEVLLIAGPVLPTPPGVIR.V R.VVVPLMPVAEVEPIPR.L R.YDVYPGAPGR.G K.LGQTLATRPDLWGEEAR.N R.IPDYAAAFQAIQPAAVK.L K.LAANLVHAF.LR.Q R.NLLTQDALPPVAFAR.I R.VAEIHFEAQVVPDYNHNVDEFATALR.A R.TLALIPDIIR.R R.DIETYEWAHLEALGGEASR.L K.EWIRDDELGPEALADGLR.E R.YAL.SALIGAAAGAAALNWL.G R.IREEIEATFEAPLESYSEFDPPVGSASIAQVHR.A R.GKPVSELSVGQMLDGLFAITR.D R.EAASASELSDAMAIEPEYVPAIDWDR.T K.GAAPAPPPLPDVTLMWER.G K.ADSTIAAVDFGIMGR.I R.NVTDIIPAALSEHR.V K.LIAGDEESYR.Y R.GIDSLVWSEQNAEK.L R.AGEAILDMAGGTGDIAFR.M R.FFDAYTIAFGIR.N K.VEPILGSLVAIHSGWK.A K.TAMVGEVFSR.V K.LTFPDRFFDAYTIAFGIR.N K.VEAAVAAGDKDAAATALK.A K.KVEAAVAAGDK.D
YP_618222	Sala_3186	ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferases	39.22%	8	R.HAVATGFAMAIPLGVEYQVRP.R.S R.RPPLLIQFAAETNDVIAHAEAK.L R.VPPLLAENPDILASVAQSSR.R R.ILITAGPTHEPIDPVR.Y R.AGEQVTVPLTLAALSENK.V R.AAESQAQK.I K.IADELDQR.A R.MAAGIADDLATTLLATDKPVLAAAPAMNVR.M K.QGFAIAAAAEAGAEVLLIAGPVLPTPPGVIR.V R.VVVPLMPVAEVEPIPR.L R.YDVYPGAPGR.G K.LGQTLATRPDLWGEEAR.N R.IPDYAAAFQAIQPAAVK.L K.LAANLVHAF.LR.Q R.NLLTQDALPPVAFAR.I R.VAEIHFEAQVVPDYNHNVDEFATALR.A R.TLALIPDIIR.R R.DIETYEWAHLEALGGEASR.L K.EWIRDDELGPEALADGLR.E R.YAL.SALIGAAAGAAALNWL.G R.IREEIEATFEAPLESYSEFDPPVGSASIAQVHR.A R.GKPVSELSVGQMLDGLFAITR.D R.EAASASELSDAMAIEPEYVPAIDWDR.T K.GAAPAPPPLPDVTLMWER.G K.ADSTIAAVDFGIMGR.I R.NVTDIIPAALSEHR.V K.LIAGDEESYR.Y R.GIDSLVWSEQNAEK.L R.AGEAILDMAGGTGDIAFR.M R.FFDAYTIAFGIR.N K.VEPILGSLVAIHSGWK.A K.TAMVGEVFSR.V K.LTFPDRFFDAYTIAFGIR.N K.VEAAVAAGDKDAAATALK.A K.KVEAAVAAGDK.D
YP_618224	Sala_3188	ribosomal protein S20	33.33%	2	R.LFLQGDAAALLR.A R.APAGAGDAR.R

**Supplemental Table SIV. Quantified proteins from all 10°C vs 30°C metabolic labeling experiments (A-F)**

1172 proteins were quantified using RelEx (v 0.92) and are shown below.

The quantitation parameters used were: 4 scans before; 4 scans after; 0.15 threshold factor; apply Savitzky-Golay filter with 7 points; apply 5/N filter at 5; apply regression filter with 0.8 minimum correlation at 1, 0.7 minimum correlation at 10; 99% incorporation of 15N. Only proteins with two or more peptides were considered for quantitation.

The following is shown for each quantified protein: locus tag; RefSeq accession number; protein description; averaged <sup>15</sup>N:<sup>14</sup>N fold change ratio (log2FC); the number of experiments in which the protein was quantified (N). Three statistical tests were performed: the Student's t-test, the Student's t-test accounting for replicate correlation and buffers using linear modeling, and an empirical Bayes moderated t-test. For each of the statistical tests, the *t*-value, *p*-value adjusted for multiple testing (*p*-value), Bonferroni adjusted *p*-value (*p*-value(BON)), Storey-Tibshirani FDR adjusted *q*-value (*q*-value(ST)) (where these exist) for each protein are shown.

The experimental averaged <sup>15</sup>N:<sup>14</sup>N ratio (where these exist across experiments A-F); mean across all experiments; and standard deviation for each experiment is also shown

Locus Tag	Accession	Description	log2FC	N	Student's t-test				Unmoderated t-test				Empirical Bayes moderated t-test				Experiment												mean	stdev									
					T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)																							
																	A1_1	A1_2	A2_1	A2_2	B1_1	B1_2	B2_1	B2_2	C1_1	C1_2	C2_1	C2_2			D1_1	D1_2	D2_1	D2_2	E_1	E_2	F_1	F_2	
Saa1_2718	YP_017756	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase, USG-1 related	1.323	19	13.005	0.000	0.000	0.000	8.257	0.000	0.000	0.000	8.257	0.000	0.000	0.000	1.110	1.659	1.832	1.640	1.628	1.249	1.223	0.993	0.327	0.999	0.938	0.925	1.010	1.188	1.108	1.472	1.423	1.764	1.908	1.283	0.423		
Saa1_0588	YP_015842	bacterioferritin	2.076	13	10.281	0.000	0.000	0.000	8.879	0.000	0.004	0.000	9.160	0.000	0.000	0.000	2.862	3.220	2.746	2.670	1.663	1.751	1.361	1.581	1.497	1.497	1.974	1.091	1.402								2.907	0.722	
Saa1_1951	YP_016996	cytochrome b5, mitochondrial	0.984	20	13.012	0.000	0.000	0.000	7.136	0.000	0.004	0.000	6.540	0.000	0.001	0.000	1.197	1.892	1.221	1.357	1.214	1.152	0.854	0.835	0.793	0.847	1.251	1.287	0.553	1.219	1.202	1.221	0.314	0.126	1.466	1.298	1.025	0.362	
Saa1_1919	YP_016396	glyceralddehyde-3-phosphate dehydrogenase, type I	-1.025	20	-10.950	0.000	0.000	0.000	-6.808	0.000	0.007	0.001	-6.410	0.000	0.002	0.000	-0.460	-0.296	-0.914	-0.929	-1.125	-0.940	-1.564	-0.896	-0.755	-0.865	-0.882	-0.286	-1.544	-1.228	-0.830	-1.359	-1.201	-1.200	-1.299	-1.553	-0.961	0.401	
Saa1_3101	YP_018138	OmpAMeB	1.244	20	11.290	0.000	0.000	0.000	6.163	0.000	0.020	0.001	6.278	0.000	0.002	0.000	0.857	1.980	1.883	1.917	1.754	1.474	1.624	1.844	0.956	1.218	1.481	1.402	1.555	1.137	0.744	1.043	1.094	1.145	0.488	0.604	1.308	0.518	
Saa1_0801	YP_015854	two component transcriptional regulator, winged helix family	0.789	20	16.391	0.000	0.000	0.000	7.922	0.000	0.001	0.000	6.168	0.000	0.003	0.000	0.623	0.786	0.756	0.649	0.717	0.703	0.971	0.502	0.559	0.633	0.860	0.959	0.712	0.789	1.082	0.718	1.097	1.037	0.422	0.474	0.770	0.210	
Saa1_0100	YP_015158	hypothetical protein	1.303	13	6.054	0.000	0.055	0.001	5.977	0.000	0.275	0.010	6.194	0.000	0.012	0.001	1.210	1.752																				1.411	0.679
Saa1_0504	YP_015558	Phasin	1.288	19	11.155	0.000	0.000	0.000	5.180	0.000	0.147	0.006	5.491	0.000	0.017	0.002	1.831	0.629	1.288	1.370	1.360	1.659	1.033	1.368	1.105	1.057	1.744	2.241	1.789	1.357	1.095	0.836	0.783	1.756	1.630	1.296	0.507		
Saa1_0617	YP_015871	phosphoserine aminotransferase	-0.862	17	-11.402	0.000	0.000	0.000	-5.889	0.000	0.117	0.005	-5.299	0.000	0.036	0.002	-0.933	-1.151	-1.293	-0.802	-1.194	-0.437	-0.993	-0.608	-0.783	-0.700	-1.104	-0.868	-1.146	-1.094	-1.194	-0.675	-0.579	-0.856	0.310				
Saa1_1229	YP_016277	polyhydroxyalkoate synthase repressor, PhaR	1.298	11	6.757	0.000	0.048	0.000	5.972	0.002	1.000	0.029	6.007	0.000	0.030	0.002																							
Saa1_1913	YP_016958	TonB-dependent receptor	0.706	20	8.195	0.000	0.000	0.000	6.017	0.000	0.026	0.002	5.146	0.000	0.035	0.002	0.915	1.544	1.099	0.827	0.700	0.673	0.469	0.761	0.387	0.646	0.436	0.384	0.054	0.205	0.155	0.431	1.038	0.959	0.796	0.916	1.651	0.861	0.366
Saa1_2845	YP_017883	transcription termination factor Rho	0.778	20	6.963	0.000	0.001	0.000	5.247	0.000	0.103	0.003	4.922	0.000	0.062	0.004	0.590	0.913	1.114	0.498	0.434	0.697	0.423	0.558	0.481	0.679	0.777	1.046	0.580	0.117	0.539	0.610	1.001	0.966	1.617	1.855	0.689	0.442	
Saa1_2255	YP_017297	Aksoxyacyl-CoA reductase	-0.999	20	-13.362	0.000	0.000	0.000	-5.685	0.000	0.047	0.003	-4.621	0.000	0.131	0.007																							
Saa1_1229	YP_016277	polyhydroxyalkoate synthase repressor, PhaR	1.298	11	6.757	0.000	0.048	0.000	5.972	0.002	1.000	0.029	6.007	0.000	0.030	0.002																							
Saa1_1913	YP_016958	TonB-dependent receptor	0.706	20	8.195	0.000	0.000	0.000	6.017	0.000	0.026	0.002	5.146	0.000	0.035	0.002	0.915	1.544	1.099	0.827	0.700	0.673	0.469	0.761	0.387	0.646	0.436	0.384	0.054	0.205	0.155	0.431	1.038	0.959	0.796	0.916	1.651	0.861	0.366
Saa1_2845	YP_017883	transcription termination factor Rho	0.778	20	6.963	0.000	0.001	0.000	5.247	0.000	0.103	0.003	4.922	0.000	0.062	0.004	0.590	0.913	1.114	0.498	0.434	0.697	0.423	0.558	0.481	0.679	0.777	1.046	0.580	0.117	0.539	0.610	1.001	0.966	1.617	1.855	0.689	0.442	
Saa1_1146	YP_019195	Entericidin Ecb	-0.068	1					9.622	0.000	0.108	0.006																											
Saa1_0617	YP_015871	phosphoserine aminotransferase	-0.862	17	-11.402	0.000	0.000	0.000	-5.889	0.000	0.117	0.005	-5.299	0.000	0.036	0.002																							
Saa1_1229	YP_016277	polyhydroxyalkoate synthase repressor, PhaR	1.298	11	6.757	0.000	0.048	0.000	5.972	0.002	1.000	0.029	6.007	0.000	0.030	0.002																							
Saa1_1913	YP_016958	TonB-dependent receptor	0.706	20	8.195	0.000	0.000	0.000	6.017	0.000	0.026	0.002	5.146	0.000	0.035	0.002	0.915	1.544	1.099	0.827	0.700	0.673	0.469	0.761	0.387	0.646	0.436	0.384	0.054	0.205	0.155	0.431	1.038	0.959	0.796	0.916	1.651	0.861	0.366
Saa1_2845	YP_017883	transcription termination factor Rho	0.778	20	6.963	0.000	0.001	0.000	5.247	0.000	0.103	0.003	4.922	0.000	0.062	0.004	0.590	0.913	1.114	0.498	0.434	0.697	0.423	0.558	0.481	0.679	0.777	1.046	0.580	0.117	0.539	0.610	1.001	0.966	1.617	1.855	0.689	0.442	
Saa1_1146	YP_019195	Entericidin Ecb	-0.068	1					9.622	0.000	0.108	0.006																											
Saa1_0617	YP_015871	phosphoserine aminotransferase	-0.862	17	-11.402	0.000	0.000	0.000	-5.889	0.000	0.117	0.005	-5.299	0.000	0.036	0.002																							
Saa1_1229	YP_016277	polyhydroxyalkoate synthase repressor, PhaR	1.298	11	6.757	0.000	0.048	0.000	5.972	0.002	1.000	0.029	6.007	0.000	0.030	0.002																							
Saa1_1913	YP_016958	TonB-dependent receptor	0.706	20	8.195	0.000	0.000	0.000	6.017	0.000	0.026	0.002	5.146	0.000	0.035	0.002	0.915	1.544	1.099	0.827	0.700	0.673	0.469	0.761	0.387	0.646	0.436	0.384	0.054	0.205	0.155	0.431	1.038	0.959	0.796	0.916	1.651	0.861	0.366
Saa1_2845	YP_017883	transcription termination factor Rho	0.778	20	6.963	0.000	0.001	0.000	5.247	0.000	0.103	0.003	4.922	0.000	0.062	0.004	0.590	0.913	1.114	0.498	0.434	0.697	0.423	0.558	0.481	0.679	0.777	1.046	0.580	0.117	0.539	0.610	1.001	0.966	1.617	1.855	0.689	0.442	
Saa1_1146	YP_019195	Entericidin Ecb	-0.068	1					9.622	0.000	0.108	0.006																											
Saa1_0617	YP_015871	phosphoserine aminotransferase	-0.862	17	-11.402	0.000	0.000	0.000	-5.889	0.000	0.117	0.005	-5.299	0.000	0.036	0.002																							
Saa1_1229	YP_016277	polyhydroxyalkoate synthase repressor, PhaR	1.298	11	6.757	0.000	0.048	0.000	5.972	0.002	1.000	0.029	6.007	0.000	0.030	0.002																							
Saa1_1913	YP_016958	TonB-dependent receptor	0.706	20	8.195	0.000	0.000	0.000	6.017	0.000	0.026	0.002	5.146	0.000	0.035	0.002	0.915	1.544	1.099	0.827	0.700	0.673	0.469	0.761	0.387	0.646	0.436	0.384	0.054										







Locus Tag	Accession	Description	log2FC	N	Student's t-test				Unmoderated t-test				Empirical Bayes moderated t-test				Experiment												mean	stdev									
					T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	A1_1	A1_2	A2_1	A2_2	B1_1	B1_2	B2_1	B2_2	CI_1	CI_2	C2_1	C2_2			D1_1	D1_2	D2_1	D2_2	E_1	E_2	F_1	F_2	
Sala_1970	YP_017022	Prolyl oligopeptidase	-0.366	20	-3.366	0.003	1.000	0.012	-1.820	0.090	1.000	0.281	-1.852	0.076	1.000	0.245	-0.998	-0.681	-0.739	-0.069	0.020	-0.377	-0.632	-0.441	0.607	-0.248	-0.280	-0.267	0.265	0.343	-0.278	-0.521	-0.540	-0.465	-0.753	-0.924	-0.319	0.423	
Sala_2147	YP_017189	2-nitropropane dioxygenase, NPD	-0.629	3	-3.509	0.072	1.000	0.103	-4.433				-2.080	0.078	1.000	0.246																							
Sala_2309	YP_017351	hypothetical protein	0.762	8	3.476	0.010	1.000	0.026	1.529	0.177	1.000	0.373	1.934	0.078	1.000	0.246																							
Sala_0202	YP_015259	hypothetical protein	-1.112	1									-2.111	0.081	1.000	0.254																							
Sala_0270	YP_015326	peptidase S10, serine carboxypeptidase	1.112	1									2.112	0.081	1.000	0.254																							
Sala_1074	YP_016066	glyoxidase hydroxylase, family 3-like protein	1.110	1									2.108	0.082	1.000	0.254																							
Sala_1656	YP_016652	AAA family ATPase, CDC48 subfamily	-0.514	17	-2.842	0.012	1.000	0.028	-1.661	0.125	1.000	0.326	-1.828	0.088	1.000	0.254																							
Sala_2194	YP_017236	Polymerase receptor	0.980	11	1.994	0.074	1.000	0.104	1.628	0.155	1.000	0.363	1.866	0.082	1.000	0.254																							
Sala_2882	YP_017920	TorR1-dependent receptor	0.497	14	2.289	0.039	1.000	0.064	1.664	0.131	1.000	0.331	1.848	0.081	1.000	0.254																							
Sala_2344	YP_017386	codDNA-shock DNA-binding domain protein	0.280	19	3.468	0.002	1.000	0.009	1.972	0.070	1.000	0.250	1.812	0.083	1.000	0.257																							
Sala_0269	YP_015322	protein of unknown function DUF933	-1.096	1									-2.081	0.085	1.000	0.250																							
Sala_1137	YP_016186	hypothetical protein	0.287	17	4.545	0.000	0.373	0.002	2.069	0.063	1.000	0.234	1.904	0.086	1.000	0.262																							
Sala_1583	YP_016629	Protein-tyrosine kinase	0.315	14	2.344	0.036	1.000	0.060	1.942	0.088	1.000	0.278	1.820	0.086	1.000	0.262																							
Sala_0776	YP_015829	2-nitropropane dioxygenase, NPD	0.302	14	4.397	0.001	0.689	0.004	2.126	0.059	1.000	0.232	1.812	0.087	1.000	0.265																							
Sala_0090	YP_015149	transcriptional regulator, MarR family	-0.996	3	-2.581	0.123	1.000	0.150	-1.176				-1.998	0.087	1.000	0.265																							
Sala_2814	YP_017852	ribosomal protein S19	0.568	4	1.412	0.253	1.000	0.234	9.544				1.953	0.088	1.000	0.265																							
Sala_0017	YP_015076	alpha-beta hydrolase fold	-0.519	10	-0.755	0.469	1.000	0.343	-1.748	0.131	1.000	0.331	-1.835	0.088	1.000	0.266																							
Sala_1279	YP_016326	Cl-like protein	-0.398	9	-2.565	0.033	1.000	0.058	-1.825	0.142	1.000	0.346	-1.820	0.092	1.000	0.275																							
Sala_1741	YP_016787	hypothetical protein	0.477	16	2.329	0.034	1.000	0.059	1.612	0.135	1.000	0.337	1.770	0.092	1.000	0.275																							
Sala_2239	YP_017281	histidine triad (HTI) protein	-0.559	4	-3.674	0.027	1.000	0.065	-8.233	0.077	1.000	0.265	-1.918	0.093	1.000	0.275																							
Sala_3074	YP_018111	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	0.392	12	1.627	0.132	1.000	0.156	1.786	0.108	1.000	0.303	1.797	0.092	1.000	0.275																							
Sala_0946	YP_015728	ATP synthase F1, alpha subunit	-0.056	30	-4.056	0.001	0.708	0.004	-1.887	0.080	1.000	0.268	-1.967	0.091	1.000	0.281																							
Sala_3032	YP_018006	succinate dehydrogenase, flavoprotein subunit	-0.295	20	-3.412	0.003	1.000	0.011	-1.805	0.093	1.000	0.281	-1.742	0.094	1.000	0.278																							
Sala_0156	YP_015213	thioredoxin	-0.548	4	-7.108	0.006	1.000	0.018	-12.934	0.000	0.111	0.001	-1.887	0.097	1.000	0.280																							
Sala_0512	YP_015586	glutathione S-transferase-like protein	0.638	4	3.431	0.042	1.000	0.067	2.126	0.167	1.000	0.367	1.889	0.097	1.000	0.280																							
Sala_0542	YP_015596	ribosomal protein S15	0.555	4	1.614	0.205	1.000	0.206	5.535	0.001	0.725	0.017	1.889	0.097	1.000	0.280																							
Sala_1505	YP_015332	nitroacrylamide hydrolase, F subunit	-0.568	3	-2.755	0.022	1.000	0.044	-1.960	0.091	1.000	0.281	-1.960	0.091	1.000	0.280																							
Sala_3059	YP_018006	cystathionine beta-lyase	0.651	3	0.669	0.573	1.000	0.385	2.321	0.259	1.000	0.441	1.937	0.095	1.000	0.280																							
Sala_3185	YP_018221	2-pyridylphenol 6-hydroxylase	0.777	2	2.129	0.280	1.000	0.248	1.980	0.097	1.000	0.280	1.980	0.097	1.000	0.280																							
Sala_0374	YP_015430	hydro-lyases, Fe-S type, tartratefumarate subfamily, alpha region	-0.450	15	-3.231	0.006	1.000	0.018	-1.620	0.133	1.000	0.334	-1.742	0.098	1.000	0.282																							
Sala_2375	YP_017823	UspA	0.598	5	1.047	0.354	1.000	0.290	2.144	0.121	1.000	0.321	1.845	0.099	1.000	0.284																							
Sala_0846	YP_015897	R-methyltransferase, TrmH, group 3	0.372	12	3.059	0.011	1.000	0.027	1.777	0.126	1.000	0.326	1.751	0.099	1.000	0.284																							
Sala_1347	YP_016394	Coproporphyrinogen oxidase	-0.672	8	-2.878	0.024	1.000	0.045	-1.502	0.193	1.000	0.379	-1.787	0.100	1.000	0.284																							
Sala_0044	YP_015103	type I phosphodiesterase/nucleotide pyrophosphatase	0.275	17	3.492	0.003	1.000	0.011	1.858	0.088	1.000	0.278	1.708	0.103	1.000	0.284																							
Sala_2281	YP_017323	hypothetical protein	-0.470	9	-3.665	0.006	1.000	0.019	-1.577	0.166	1.000	0.367	-1.761	0.102	1.000	0.288																							
Sala_2389	YP_017431	Leucyl aminopeptidase	-0.702	5	-3.106	0.036	1.000	0.060	-1.065	0.216	1.000	0.404	-1.807	0.102	1.000	0.288																							
Sala_2945	YP_017983	glutaryl-tRNA synthetase	0.621	9	3.772	0.005	1.000	0.017	1.540	0.184	1.000	0.376	1.751	0.102	1.000	0.288																							
Sala_0629	YP_015683	acyl hydroperoxide reductase/Thiol specific antioxidant/Mai allergen	0.308	18	4.551	0.000	0.270	0.002	1.747	0.102	1.000	0.297	1.702	0.103	1.000	0.288																							
Sala_0190	YP_015247	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	-0.397	16	-3.472	0.003	1.000	0.012	-3.164	0.128	1.00																												





Locus Tag	Accession	Description	log2FC	N	Student's t-test				Unmoderated t-test				Empirical Bayes moderated t-test				Experiment												mean	stdev										
					T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	A1_1	A1_2	A2_1	A2_2	B1_1	B1_2	B2_1	B2_2	C1_1	C1_2	C2_1	C2_2			D1_1	D1_2	D2_1	D2_2	E_1	E_2	F_1	F_2		
Sala_1170	YP_016219	CTP synthase	-0.287	17	-2.108	0.051	1.000	0.078	-1.050	0.315	1.000	0.478	-1.121	0.275	1.000	0.431	-0.984	-0.331	-0.797	-0.319	-0.552	-0.437	-0.025	-1.098	-0.049	0.749	0.450	0.329	0.218	-0.319	-0.396	-0.491	-0.249	-0.252	0.483					
Sala_1213	YP_016262	Ribonuclease III	0.039	5	3.081	0.037	1.000	0.061	1.736	0.181	1.000	0.373	1.168	0.274	1.000	0.431								0.771	0.405	0.447	0.258	0.118						-0.380	0.276					
Sala_1630	YP_016976	Peptidoglycan glycosyltransferase	-0.633	1									-1.202	0.276	1.000	0.431																			-0.633					
Sala_1902	YP_016947	ribosomal protein L9	0.189	19	1.159	0.267	1.000	0.237	1.159	0.267	1.000	0.443	1.115	0.276	1.000	0.431	-0.446	0.288	0.208	0.088	0.137	0.215	-0.097	0.106	-0.317	0.039	-0.162	0.198	-0.138	-0.171	0.249	-0.248	-0.210	1.220	1.527	0.100	0.488			
Sala_1404	YP_016451	Cytochrome c oxidase	0.631	1									1.197	0.278	1.000	0.432																			0.631					
Sala_1980	YP_017005	ribosomal protein S2	0.181	19	1.104	0.284	1.000	0.250	1.175	0.261	1.000	0.441	1.110	0.278	1.000	0.432	-0.183	-0.118	0.097	0.111	0.063	-0.434	-0.244	0.212	0.322	0.244	-0.100	-0.204	-0.052	0.202	-0.203	-0.052	-0.065	1.235	1.418	0.181	0.468			
Sala_2732	YP_017770	signal recognition particle-docking protein FlaY	0.631	1									-1.198	0.278	1.000	0.432																			0.631					
Sala_0484	YP_016548	hypothetical protein	0.133	20	3.035	0.007	1.000	0.020	1.497	0.156	1.000	0.363	1.108	0.279	1.000	0.432	-0.411	0.106	0.116	-0.135	0.060	0.144	0.283	0.230	0.282	-0.112	0.070	0.237	0.197	0.261	0.343	0.389	0.155	0.032	0.378	0.015	0.131	0.183		
Sala_0461	YP_016515	ATPase	-0.626	1									-1.189	0.281	1.000	0.432																				-0.626				
Sala_0687	YP_015741	alpha/beta hydrolase fold	-0.342	3	-2.248	0.154	1.000	0.172	-1.651				-1.171	0.281	1.000	0.432																				-0.342	0.263			
Sala_1784	YP_016929	Secretion protein Hyd	0.523	2	5.083	0.124	1.000	0.150	2.429	0.249	1.000	0.439	1.172	0.281	1.000	0.432																			0.523	0.146				
Sala_2782	YP_017820	phenylalanyl-tRNA synthetase, alpha subunit	0.641	6	0.744	0.491	1.000	0.350	0.781	0.492	1.000	0.594	1.143	0.280	1.000	0.432																			0.641	1.553				
Sala_1032	YP_016082	oxidoreductase FAD(D/P)-binding	-0.390	7	-2.993	0.024	1.000	0.046	-1.015	0.357	1.000	0.510	-1.128	0.284	1.000	0.435																			0.007	-0.501	0.197	-0.758	-0.562	-0.834
Sala_1477	YP_016523	4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase	1.392	2	-0.552	0.679	1.000	0.428					1.182	0.284	1.000	0.435																				1.392	0.428			
Sala_1809	YP_016854	acetyl-CoA acetyltransferase	0.621	1									1.180	0.285	1.000	0.435																				0.621				
Sala_2949	YP_017987	L-2,4-diaminobutyric acid acetyltransferase	0.172	19	1.728	0.101	1.000	0.129	1.178	0.260	1.000	0.441	1.094	0.286	1.000	0.435	-0.052	0.173	0.479	0.605	0.248	0.337	0.076	-0.164	-0.891	-0.409	-0.155	0.294	0.026	0.432	0.345	0.201	-0.031	0.666	0.892	0.162	0.408			
Sala_2388	YP_015120	Penicillin amidase	0.617	1									1.172	0.287	1.000	0.437																				0.617				
Sala_2833	YP_017871	hypothetical protein	0.340	10	0.938	0.373	1.000	0.299	0.959	0.382	1.000	0.534	1.107	0.287	1.000	0.437																				0.340				
Sala_1062	YP_016112	acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, beta subunit	0.393	6	1.750	0.140	1.000	0.163	0.860	0.453	1.000	0.577	1.122	0.289	1.000	0.438																				0.393				
Sala_1669	YP_016715	cytochrome oxidase maturation protein, cb3-3-type	0.615	1									1.167	0.289	1.000	0.438																				0.615				
Sala_0958	YP_016009	alcohol dehydrogenase	0.192	17	1.804	0.090	1.000	0.119	1.109	0.289	1.000	0.457	1.079	0.293	1.000	0.438	0.451	0.477	0.002	1.010	0.399	0.526	0.477	-0.221	0.185	0.541	-0.033	-0.047	0.321	-0.200					0.709	-0.716	-0.523	0.198	0.452	
Sala_1078	YP_016128	H <sup>+</sup> -transporting two-sector ATPase, B/B' subunit	0.140	6	-2.025	0.113	1.000	0.140	-1.171	0.113	1.000	0.460	-1.025	0.113	1.000	0.438																				-1.097	-0.523	0.076		
Sala_1366	YP_016413	glucosamine-fructose-6-phosphate aminotransferase, isomerizing	-0.285	19	-1.362	0.190	1.000	0.193	-0.999	0.336	1.000	0.494	-1.080	0.292	1.000	0.438	-0.021	-0.839	-0.531	-0.600	-0.826	-0.040	0.243	-0.332	0.138	-0.476	0.075	1.596	1.140	0.368	-0.436	-0.449	-0.533	-0.808	-1.162	-0.217	0.693			
Sala_1777	YP_016723	OmpW	0.255	18	0.868	0.398	1.000	0.312	1.079	0.292	1.000	0.479	1.079	0.292	1.000	0.438	0.628	0.073	-0.915	-0.152	0.553	0.822	0.428	0.233	0.076	-0.256	-0.639	-0.527	-0.265	-0.124	-0.112	0.040	1.594	1.639	0.139	0.678				
Sala_1759	YP_016805	Nucleoside diphosphate kinase	0.194	13	1.591	0.138	1.000	0.160	1.150	0.284	1.000	0.457	1.086	0.293	1.000	0.438	0.349																			0.194				
Sala_2050	YP_017092	Uncharacterized P-loop ATPase protein UPF0042	0.612	1									1.162	0.293	1.000	0.438																				0.612				
Sala_2057	YP_017099	DUF481	-0.056	369	-1.056	0.369	1.000	0.296	-0.940	0.520	1.000	0.610	-1.134	0.290	1.000	0.438																				-0.514	0.595			
Sala_1442	YP_016448	ribosomal protein L11	0.302	7	1.023	0.346	1.000	0.285	0.991	0.503	1.000	0.601	1.103	0.294	1.000	0.438																				0.388				
Sala_1668	YP_016714	oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase	-0.608	1									-1.154	0.294	1.000	0.438																					-0.608			
Sala_1956	YP_017001	undecaprenyl diphosphate synthase	0.416	6	1.829	0.127	1.000	0.152	0.878	0.473	1.000	0.586	1.103	0.296	1.000	0.441	0.894	0.849					1.055	-0.298													-0.056	0.124		
Sala_0703	YP_015846	hydrazinase	0.378	4	1.914	0.152	1.000	0.171	1.105	0.384	1.000	0.535	1.116	0.298	1.000	0.442																					0.378			
Sala_2287	YP_017328	ATP synthase F1, gamma subunit	-0.191	18	-2.339	0.032	1.000	0.056	-1.083	0.300	1.000	0.463	-1.065	0.299	1.000	0.443	0.383	0.009	-0.389	-0.370	-0.463	0.037	0.133	-0.439	-0.024	-0.744	-0.442	-0.031	-0.291	-0.719	-0.519	-0.514	0.322	0.482	-0.211	0.383				
Sala_1617	YP_016663	ribosomal ES 19 R-E loop binding protein CtlA25/TL5	0.191	20	1.096	0.287	1.000	0.251	1.072	0.302	1.000	0.465	1.061	0.299	1.000	0.443	0.355	0.282	0.176	0.235	-0.198	-0.025	0.004	0.206	0.192	-0.827	-0.079	0.013	-0.327	-0.533	-0.134	0.282	0.045	0.241	1.197	1.214	0.116	0.475		
Sala_0713	YP_015767	Leucyl aminopeptidase	0.597	1									1.133	0.302	1.000	0.446																					0.597			
Sala_2829	YP_017867	phosphoglycerate mutase 1 family	-0.182	18	-1.809	0.088	1.000	0.117	-1.093	0.296	1.000	0.460	-1.056	0.303	1.000	0.446	-0.399	0.141	-0.510	0.129	0.123	-0.079	0.080	0.331	-0.540	-0.671	-0.350	0.084	0.044	0.400	-0.248	-0.021	-0.615	-0.488	-0.144	0.337				
Sala_0520	YP_015574	hypothetical protein	0.488	2	102.735	0.006	1.000	0.019	49.107	0.013	1.000	0.097	1.113	0.304	1.000																									



Locus Tag	Accession	Description	log2FC	N	Student's t-test				Unmoderated t-test				Empirical Bayes moderated t-test				Experiment												mean	stdev								
					T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	A1_1	A1_2	A2_1	A2_2	B1_1	B1_2	B2_1	B2_2	C1_1	C1_2	C2_1	C2_2			D1_1	D1_2	D2_1	D2_2	E_1	E_2	F_1	F_2
Sala_2711	YP_017749	hypothetical protein	-0.424	1									-0.805	0.453	1.000	0.530																						
Sala_0236	YP_016250	UTP-glucose 1-phosphate uridylyltransferase	-0.197	6	-0.106	0.920	1.000	0.504	-0.702	0.533	1.000	0.618	-0.774	0.457	1.000	0.532									0.728													
Sala_1142	YP_016191	putative transcriptional regulator	0.320	3	0.988	0.424	1.000	0.326	0.594	0.659	1.000	0.668	0.783	0.457	1.000	0.532																						
Sala_2176	YP_017218	permease YjP/YjgQ	0.421	1									0.800	0.455	1.000	0.532																						
Sala_2511	YP_017551	Mercuric transport protein periplasmic component	-0.420	1									-0.798	0.456	1.000	0.532																						
Sala_1136	YP_016185	hydroxymethylbutenyl pyrophosphate reductase	0.322	3	1.246	0.339	1.000	0.282	0.497	0.707	1.000	0.686	0.782	0.461	1.000	0.534																						
Sala_1257	YP_016304	Thymidylate kinase	0.447	1									0.792	0.460	1.000	0.534																						
Sala_3029	YP_018006	TorB-dependent receptor	-0.165	19	-2.022	0.058	1.000	0.087	-0.718	0.485	1.000	0.591	-0.751	0.460	1.000	0.534																						
Sala_0638	YP_015992	aldehyde dehydrogenase	-0.214	8	-1.632	0.147	1.000	0.168	-0.796	0.456	1.000	0.579	-0.756	0.465	1.000	0.535																						
Sala_1320	YP_016367	transketolase	-0.191	15	-1.205	0.248	1.000	0.232	-0.686	0.510	1.000	0.608	-0.750	0.462	1.000	0.535																						
Sala_1893	YP_016739	hypothetical protein	-0.293	2	-0.581	0.665	1.000	0.423	-0.785	0.463	1.000	0.535	-0.786	0.463	1.000	0.535																						
Sala_1847	YP_016892	hypothetical protein	-0.237	6	-0.174	0.871	1.000	0.493	-0.907	0.431	1.000	0.566	-0.763	0.464	1.000	0.535																						
Sala_2008	YP_017052	phosphoribosyltransferase	-0.536	7	-6.879	0.000	0.444	0.003	-0.956	0.410	1.000	0.555	-0.759	0.464	1.000	0.535																						
Sala_1791	YP_016836	Methyltransferase type 12	0.410	1									0.779	0.467	1.000	0.535																						
Sala_2301	YP_017343	hypothetical protein	0.919	2	-0.867	0.545	1.000	0.375	0.781	0.466	1.000	0.535	0.781	0.466	1.000	0.535																						
Sala_2799	YP_017837	ribosomal protein L15	0.162	11	0.513	0.619	1.000	0.405	0.734	0.491	1.000	0.594	0.748	0.466	1.000	0.535																						
Sala_0208	YP_016265	phage shock B	-0.250	3	-0.145	0.898	1.000	0.499	-2.441	0.031	1.000	0.165	-0.759	0.473	1.000	0.539																						
Sala_0781	YP_016584	Acetyl-CoA C-acetyltransferase	0.130	20	1.838	0.082	1.000	0.111	0.741	0.471	1.000	0.585	0.729	0.473	1.000	0.539																						
Sala_1208	YP_016257	protein of unknown function DUF205	-0.253	3	-0.506	0.663	1.000	0.427	-1.675	0.193	1.000	0.379	-0.760	0.473	1.000	0.539																						
Sala_1407	YP_016454	pyridoxal phosphate biosynthetic protein PdxJ	-0.199	7	-1.340	0.229	1.000	0.220	-0.717	0.513	1.000	0.508	-0.743	0.473	1.000	0.539																						
Sala_1893	YP_016938	Pyridoxal 5'-phosphate-dependent enzyme, beta subunit	-0.130	17	-1.388	0.184	1.000	0.190	-0.753	0.468	1.000	0.583	-0.733	0.472	1.000	0.539																						
Sala_2987	YP_018025	ferrous iron transport protein B	-0.410	1									-0.766	0.474	1.000	0.540																						
Sala_0754	YP_016507	peptide chain release factor 3	0.171	12	1.059	0.313	1.000	0.267	0.681	0.513	1.000	0.608	0.719	0.483	1.000	0.542																						
Sala_0769	YP_015822	Uncharacterized conserved protein UCP030820	-0.157	9	-1.324	0.222	1.000	0.217	-0.739	0.493	1.000	0.595	-0.723	0.483	1.000	0.542																						
Sala_1177	YP_016226	hypothetical protein	0.398	1									0.755	0.480	1.000	0.542																						
Sala_1220	YP_016268	Glyoxalase/biomycin resistance protein/dioxygenase	0.253	3	0.944	0.445	1.000	0.333	1.084	0.298	1.000	0.462	0.744	0.482	1.000	0.542																						
Sala_1654	YP_016710	TorB-dependent receptor	-0.399	4									0.757	0.479	1.000	0.542																						
Sala_1752	YP_016796	ribonuclease D	0.397	1									0.754	0.481	1.000	0.542																						
Sala_2112	YP_017154	protein of unknown function DUF1285	-0.421	2	-0.962	0.512	1.000	0.361	-0.460	0.726	1.000	0.694	-0.748	0.479	1.000	0.542																						
Sala_2139	YP_017181	hypothetical protein	-0.146	11	-1.442	0.180	1.000	0.188	-0.719	0.499	1.000	0.599	-0.728	0.478	1.000	0.542																						
Sala_2813	YP_017851	ribosomal protein L22	0.299	6	0.979	0.383	1.000	0.304	0.736	0.481	1.000	0.542	0.736	0.481	1.000	0.542																						
Sala_2213	YP_017255	peptidase M24	0.214	11	1.369	0.148	1.000	0.158	0.584	0.516	1.000	0.610	0.717	0.485	1.000	0.543																						
Sala_0798	YP_016585	ATP-dependent protease La	-0.123	20	-2.037	0.056	1.000	0.084	-0.725	0.481	1.000	0.589	-0.708	0.486	1.000	0.544																						
Sala_0019	YP_015078	Glyoxalase/biomycin resistance protein/dioxygenase	0.390	1									0.740	0.488	1.000	0.546																						
Sala_1769	YP_016815	Sua5/YgO/YrxC/YwC	0.389	1									0.739	0.489	1.000	0.546																						
Sala_1254	YP_016301	Lytic murein transglycosylase	0.269	9	1.366	0.209	1.000	0.207	0.582	0.579	1.000	0.641	0.711	0.490	1.000	0.546																						
Sala_1836	YP_016981	Glyoxalase/biomycin resistance protein/dioxygenase	0.199	4	4.166	0.025	1.000	0.047	4.815	0.027	1.000	0.047	0.723	0.491	1.000	0.547																						
Sala_0674	YP_015728	Fts assembly protein SufB	-0.177	9	-0.224	0.837	1.000	0.482	-1.436	0.287	1.000	0.457	-0.718	0.494	1.000	0.549																						
Sala_1308	YP_016355	NADH dehydrogenase I, D subunit	-0.177	9	-0.514	0.621	1.000	0.406	-0.679	0.528	1.000	0.614	-0.705	0.494	1.000	0.549																						
Sala_2512	YP_017552	Mercuric reductase MerA	-0.357	6	-1.037	0.347	1.000	0.286	-0.523	0.629	1.000	0.637	-0.710	0.494	1.000	0.549																						
Sala_1380	YP_016427	Aspartate racemase	-0.222	10	0.003	0.997	1.000	0.524	-0.618	0.556	1.000	0.631	-0.701	0.495	1.000	0.549																						
Sala_0649	YP_015703	Prin-like protein	0.284	2	3.297	0.187	1.000	0.192	0																													







Locus Tag	Accession	Description	log2FC	N	Student's t-test				Unmoderated t-test				Empirical Bayes moderated t-test				Experiment												mean	stdev											
					T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	T-value	p-value	p-value(BON)	q-value(ST)	A1_1	A1_2	A2_1	A2_2	B1_1	B1_2	B2_1	B2_2	C1_1	C1_2	C2_1	C2_2			D1_1	D1_2	D2_1	D2_2	E_1	E_2	F_1	F_2			
Sala_2801	YP_017839	ribosomal protein S5	0.053	17	-0.137	0.893	1.000	0.497	0.275	0.789	1.000	0.718	0.275	0.786	1.000	0.666	0.073	-0.165	-0.285	-0.040	-0.046	-0.020	-0.431	-0.360			0.154	-0.239	-0.639	0.358	0.103	-0.069	-0.172	0.000	1.152	-0.015	0.439				
Sala_1265	YP_016302	rare lipoprotein A	0.126	2	1.084	0.474	1.000	0.344	0.518	0.788	1.000	0.667	0.280	0.788	1.000	0.667																									
Sala_1537	YP_016563	acyl-CoA dehydrogenase-like protein	0.041	18	0.735	0.473	1.000	0.343	0.308	0.763	1.000	0.711	0.272	0.788	1.000	0.667	-0.077	-0.202	0.248	0.199	0.576	0.189	0.340	0.620	0.201	-0.089	0.050	-0.480	-0.031												
Sala_0659	YP_015713	Chromatinase synthase	-0.131	2	-0.623	0.645	1.000	0.416	-0.298	0.816	1.000	0.725	-0.278	0.789	1.000	0.667																									
Sala_2838	YP_017876	DNA polymerase III, epsilon subunit	-0.146	1									-0.278	0.791	1.000	0.668									-0.146																
Sala_0196	YP_015223	alkyl hydroperoxide reductase / Thiol specific antioxidant/ Mal allergen	0.075	3	-2.950	0.098	1.000	0.236	1.072	0.478	1.000	0.588	0.273	0.793	1.000	0.668										-1.344															
Sala_0274	YP_015330	hypothetical protein	0.115	7	0.474	0.652	1.000	0.419	0.204	0.852	1.000	0.741	0.264	0.797	1.000	0.668									0.128	0.730	-1.049														
Sala_0514	YP_015568	Trans-hexaprenyltransferase	-0.307	5	-3.842	0.018	1.000	0.038	-0.237	0.828	1.000	0.731	-0.269	0.794	1.000	0.668									-0.220																
Sala_0933	YP_015984	peptidase S8, prolyl oligopeptidase active site region	0.061	18	0.366	0.719	1.000	0.439	0.266	0.792	1.000	0.724	0.266	0.792	1.000	0.668	-0.429	-0.502	0.352	0.346	-0.074	0.060	-1.069		0.309	0.358	0.667	-0.120	-0.610												
Sala_1829	YP_016874	hypothetical protein	-0.319	2	-5.010	0.125	1.000	0.151	-0.271	0.796	1.000	0.722	-0.271	0.796	1.000	0.668																									
Sala_2727	YP_017176	ribosomal protein S16	0.049	15	-0.348	0.733	1.000	0.445	0.267	0.795	1.000	0.722	0.267	0.795	1.000	0.668	-0.121	-0.191	-0.223	-0.655	-0.071	-0.611	-0.294	-0.214																	
Sala_2728	YP_017176	signal recognition particle protein	0.068	11	0.614	0.553	1.000	0.378	0.237	0.820	1.000	0.727	0.264	0.795	1.000	0.668	0.292								0.236	1.444															
Sala_0333	YP_015339	Holliday junction DNA helicase RuvB	0.317	2	-0.607	0.652	1.000	0.419	0.269	0.797	1.000	0.724	0.269	0.797	1.000	0.668									0.052																
Sala_2319	YP_017361	peptidase U62, modulator of DNA gyrase	0.058	16	0.399	0.696	1.000	0.431	0.251	0.806	1.000	0.724	0.259	0.798	1.000	0.668	0.344	-0.119	0.592	0.802	-0.163	0.076	-0.141	0.348	-0.403	-0.045	-1.158		0.498												
Sala_1428	YP_016473	glycine cleavage T protein (aminomethyl transferase)	0.141	2	0.366	0.777	1.000	0.459	0.175	0.890	1.000	0.751	0.263	0.801	1.000	0.669									-0.245	0.527															
Sala_0004	YP_015063	60 kDa inner membrane insertion protein	-0.040	17	-0.669	0.513	1.000	0.361	-0.230	0.821	1.000	0.673	-0.230	0.821	1.000	0.673	0.024	-0.433	-0.295	0.190	0.267	0.038	0.141	0.120	-0.195	-0.431	-0.063	0.291	0.303	-0.466	-0.363	0.094	0.039								
Sala_0253	YP_015039	heat-inducible transcription repressor HcA	0.086	2	0.480	0.715	1.000	0.436	0.230	0.826	1.000	0.673	0.230	0.826	1.000	0.673									0.093																
Sala_0367	YP_015423	protein of unknown function DUF1013	0.052	13	0.300	0.770	1.000	0.457	0.219	0.831	1.000	0.732	0.228	0.823	1.000	0.673	0.024								-0.550																
Sala_0395	YP_015450	Ferritin and Dps	-0.129	1					-0.246	0.815	1.000	0.673	-0.246	0.815	1.000	0.673																									
Sala_0478	YP_015532	hypothetical protein	0.059	8	0.376	0.718	1.000	0.439	0.195	0.858	1.000	0.742	0.226	0.825	1.000	0.673	0.422	-0.715							0.066																
Sala_0480	YP_015534	ABC transporter related	0.132	1					0.250	0.811	1.000	0.673	0.250	0.811	1.000	0.673																									
Sala_0508	YP_015550	aminotransferase, class I and II	0.131	2	-0.962	0.512	1.000	0.361	-0.460	0.726	1.000	0.694	-0.240	0.813	1.000	0.673																									
Sala_0556	YP_015610	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer	0.045	7	0.518	0.623	1.000	0.406	0.341	0.750	1.000	0.705	0.236	0.818	1.000	0.673									0.293																
Sala_0558	YP_015612	alanine hydroxylase	-0.093	20	0.618	0.544	1.000	0.375	-0.198	0.846	1.000	0.740	-0.222	0.826	1.000	0.673	-0.295	0.665	1.183	1.235	1.414	0.938	1.139	0.870	0.135	0.195	0.975	1.103	0.756	0.360	1.038	0.638	0.162	0.137	-4.457	-4.610					
Sala_0808	YP_015861	TonB-like protein	-0.051	13	-1.629	0.129	1.000	0.154	-0.245	0.813	1.000	0.725	-0.240	0.813	1.000	0.673	-0.058																								
Sala_1008	YP_016148	amidohydrolyase	0.057	12	0.337	0.743	1.000	0.448	0.238	0.833	1.000	0.732	0.233	0.819	1.000	0.673																									
Sala_1118	YP_016347	nitric oxide-binding protein, family 1	0.041	9	-0.167	0.869	1.000	0.493	-0.256	0.803	1.000	0.744	-0.256	0.803	1.000	0.673	-0.200	0.100	0.352	-0.054	0.422	0.502	0.014	0.727	-0.215	-0.169	-0.362	-0.659	0.134	-0.508											
Sala_1301	YP_016348	NADH-quinone oxidoreductase, chain I	-0.075	13	-0.142	0.890	1.000	0.497	-0.193	0.851	1.000	0.741	-0.222	0.827	1.000	0.673	-0.024	-0.050																							
Sala_1424	YP_016471	aspartyl protease-like protein	0.126	1					0.239	0.819	1.000	0.673	0.239	0.819	1.000	0.673																									
Sala_1475	YP_016521	adenosylmethionine-8-amino-7-oxononate aminotransferase	0.134	1					0.255	0.808	1.000	0.673	0.255	0.808	1.000	0.673									0.134																
Sala_1489	YP_016535	hypothetical protein	0.127	1					0.242	0.817	1.000	0.673	0.242	0.817	1.000	0.673																									
Sala_1513	YP_016559	cytochrome c biogenesis factor	0.131	2	0.301	0.814	1.000	0.473	0.144	0.909	1.000	0.756	0.234	0.822	1.000	0.673																									
Sala_1598	YP_016642	transcriptional regulator, XRE family	0.046	17	0.552	0.589	1.000	0.393	0.249	0.808	1.000	0.724	0.247	0.807	1.000	0.673																									
Sala_1717	YP_016763	protein of unknown function DUF847	0.143	4	0.147	0.892	1.000	0.497	0.242	0.810	1.000	0.756	0.242	0.810	1.000	0.673	-0.478	0.195	0.507	-0.095	-0.385	0.192	-0.325	0.005	0.469	-0.028	0.462	0.021	0.093	-0.206	0.659	0.486	-0.477	-0.242							
Sala_1801	YP_016846	hypothetical protein	0.099	5	-0.458	0.670	1.000	0.424	0.166	0.879	1.000	0.747	0.233	0.821	1.000	0.673																									
Sala_1812	YP_016857	20S proteasome, A and B subunits	-0.133	1					-0.252	0.810	1.000	0.673	-0.252	0.810	1.000																										



1 **Supplemental Figure Legends**

2

3 Supplemental FIG. S1. **Inverse metabolic labeling workflow of experiments A-D**

4 **for 10°C vs 30°C experiments.** *S. alaskensis* cells grown at 10°C and 30°C were

5 metabolically labeled during growth in unlabeled ( $^{14}\text{NH}_4\text{Cl}$ ) and labeled (99%

6 enriched  $^{15}\text{NH}_4\text{Cl}$ ) media where all other sources of N had been eliminated. 10°C and

7 30°C samples were combined 1:1  $^{14}\text{N}:$  $^{15}\text{N}$  as cell pellets with OD, 0.3 ( $\lambda = 433\text{nm}$ ) in

8 4 biological replicates (experiments A-D) representing 16 technical replicates in either

9 a Tris (experiments A-B) or urea (experiments C-D) protein extraction buffer. GeLC-

10 MS/MS was used as a platform for protein separation and MS analysis, followed by

11 protein identification, quantitation, and intra-experimental normalization and

12 statistical testing.

13

14 Supplemental FIG. S2. **Inverse metabolic labeling workflow of experiments E-F**

15 **for 10°C vs 30°C experiments.** *S. alaskensis* cells were processed as for experiments

16 A-D (Supplemental Fig. S1), with the exception that proteins from the 10°C and 30°C

17 samples were extracted separately in a Tris extraction buffer and combined 1:1

18  $^{14}\text{N}:$  $^{15}\text{N}$  based on protein concentration. Two biological replicates, representing 4

19 technical replicates were processed.

20

21 Supplemental FIG. S3. **Q-Q plots of the 30°C vs 30°C dataset.** The observed  $^{14}\text{N}:$  $^{15}\text{N}$

22 ratio of each protein was plotted (y-axis) against the theoretical value expected under

23 a normal distribution (x-axis). The majority of the data points lie along the straight

24 line, indicating that they are consistent with a normal distribution. However, the tails

25 of the distribution show that the observed protein ratios are heavy tailed, most likely

26 caused by the detection of a larger number of proteins with large ratios than would be  
27 expected for a normal distribution. **A.** Three 1:1  $^{14}\text{N}$ : $^{15}\text{N}$  experiments; **B.** Three 0.8:1  
28 experiments; **C.** Three 1.2:1 experiments.

29

30 Supplemental FIG. S4. **MA plots of peptides and proteins pre- and post-**  
31 **normalization for 30°C vs 30°C data.** See legend for Fig. 2.

32

33 Supplemental FIG. S5. **MA plots of peptides and proteins pre- and post-**  
34 **normalization for skewed 10°C vs 30°C data.** See legend for Fig. 2.

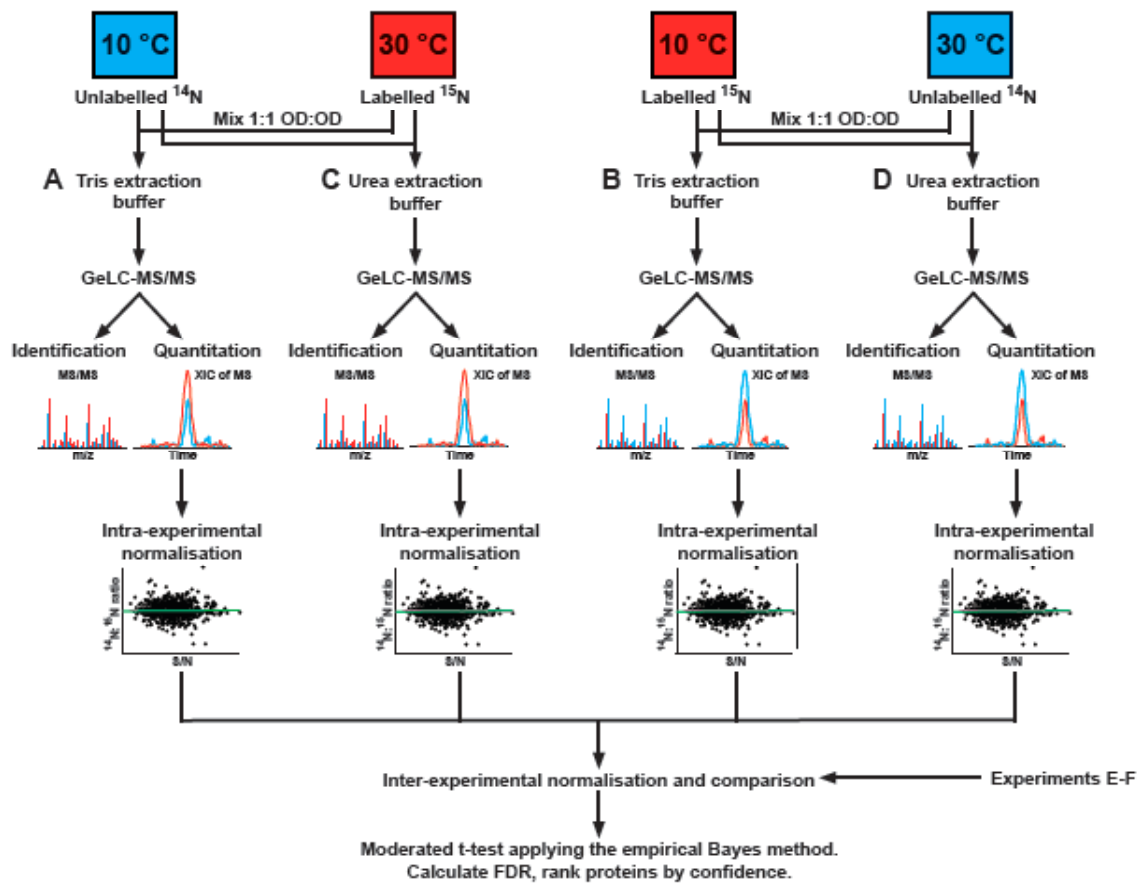
35

36 Supplemental FIG. S6. **MA plots of peptides and proteins pre- and post-**  
37 **normalization for non-skewed 10°C vs 30°C data.** See legend for Fig. 2.

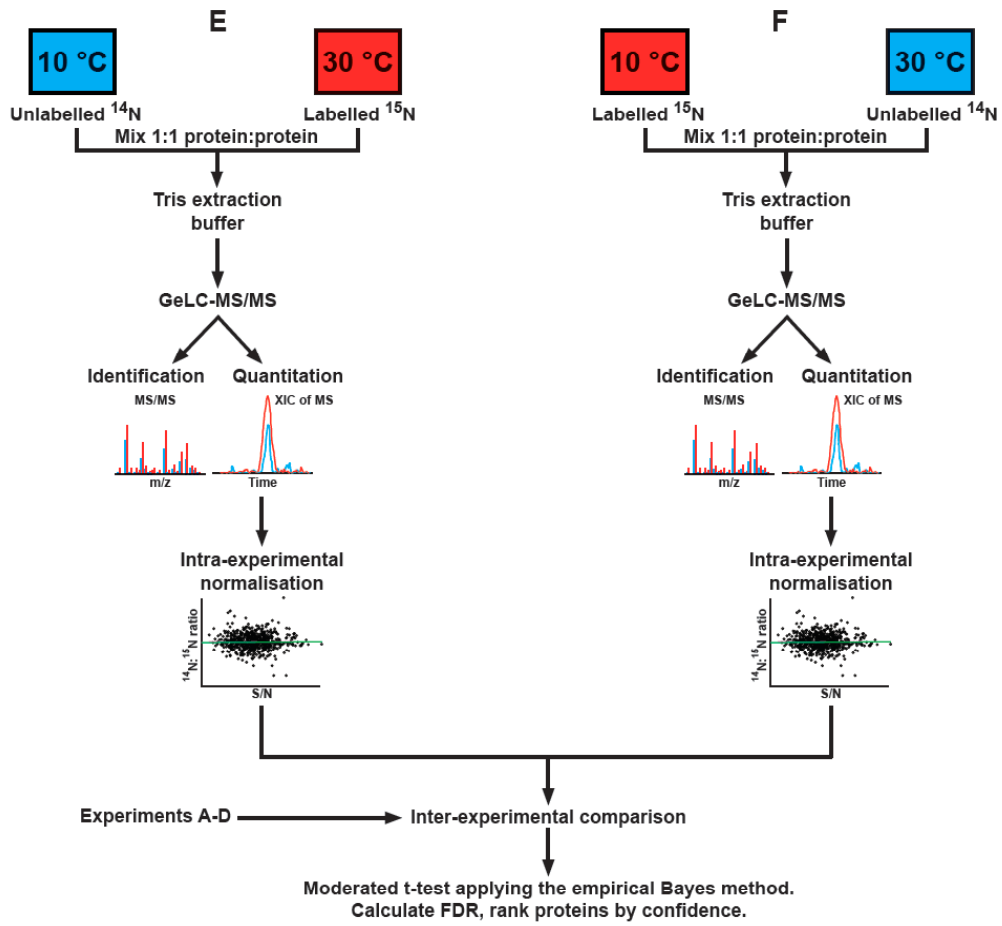
38

39 Supplemental FIG. S7. **Histograms of raw unadjusted p-values arising from the**  
40 **testing of each protein for differential abundance in 10°C vs 30°C experiments.** In  
41 order to determine the appropriate significance test to adjust for the multiple-  
42 hypothesis testing in an experiment, a histogram of unadjusted p-values must be  
43 examined. The dashed line is the expected density of each bin if all the proteins were  
44 null (none of the proteins are differentially abundant) ( $H_0$ ). The estimated proportion  
45 of truly null hypotheses ( $\pi_0$ ) (dotted line), indicates that a large number of proteins  
46 show evidence for differential abundance, *i.e.* there are a large number of true  
47 alternate hypotheses ( $H_1$ ). **A.** A Student's t-test with a simple linear model accounting  
48 only for  $^{14}\text{N}$  and  $^{15}\text{N}$  label reversal; **B.** An unmoderated t-test with the full linear  
49 model; **C.** An empirical Bayes moderated t-test with the full linear model.

## Supplemental Figures

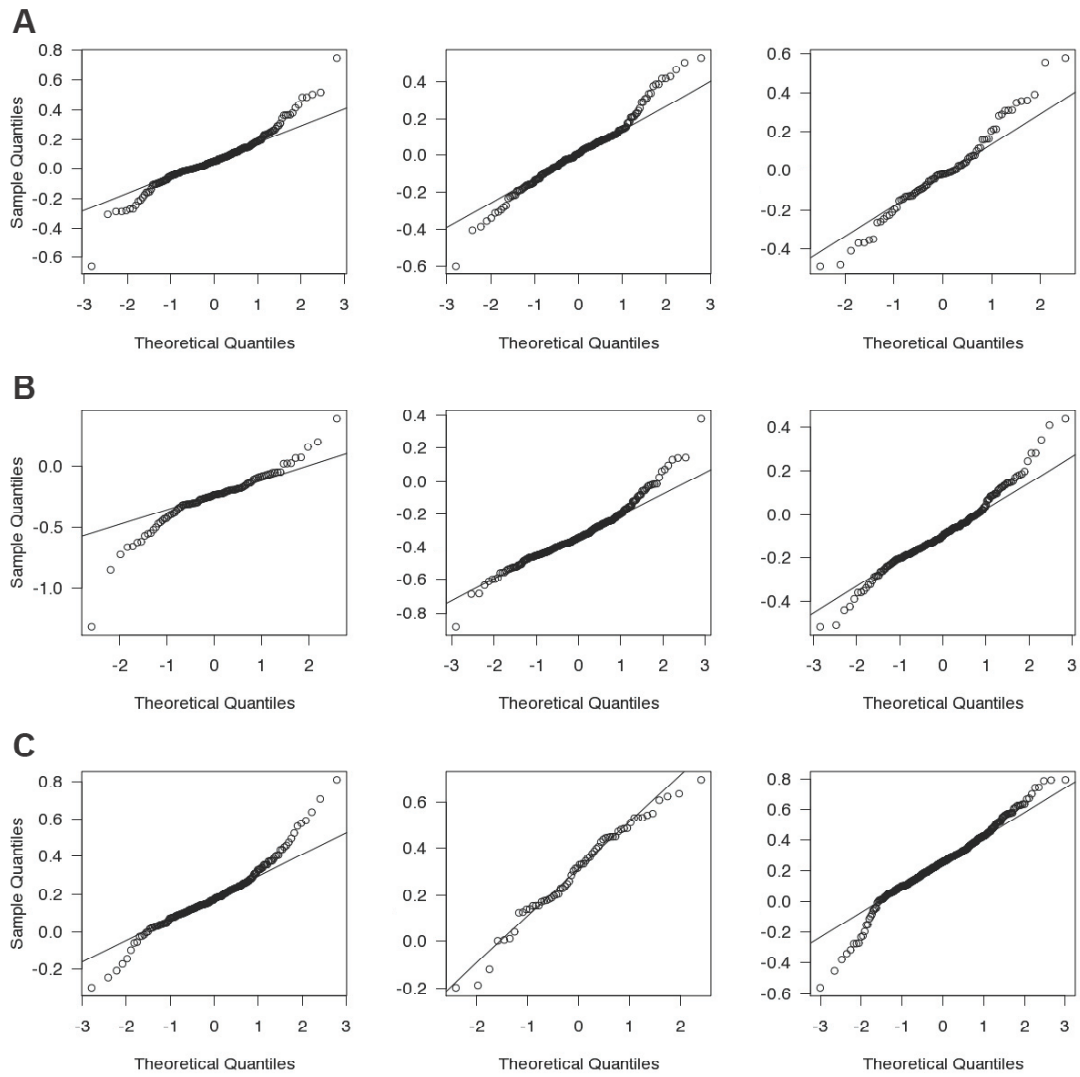


Supplemental FIG. S1.

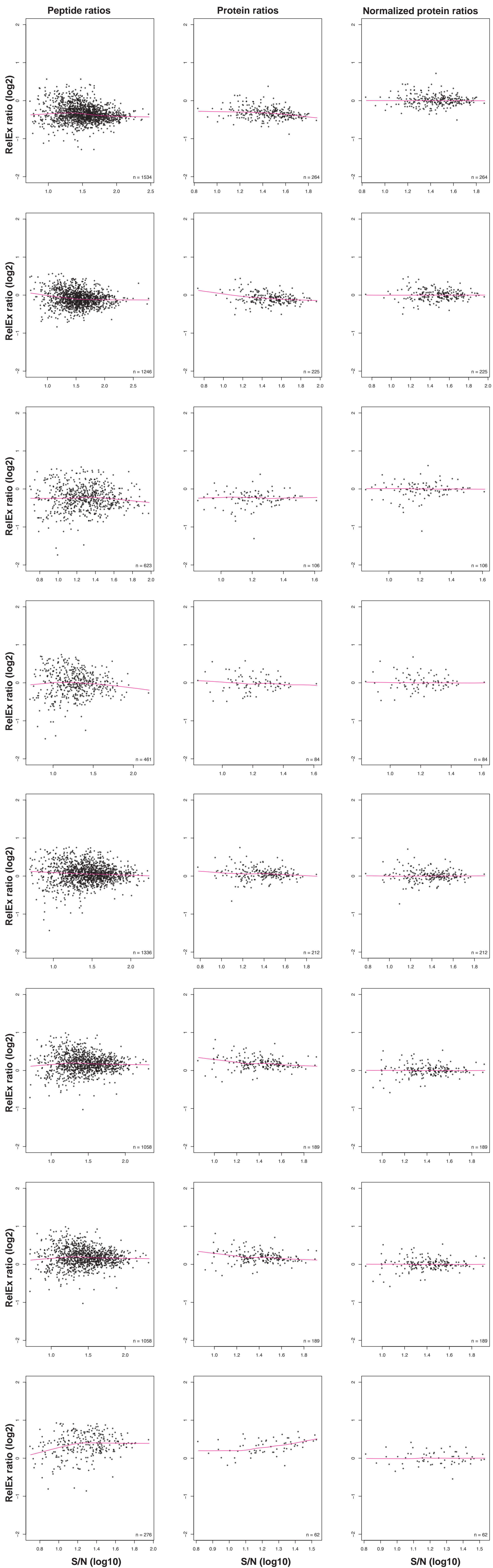


Supplemental FIG. S2.

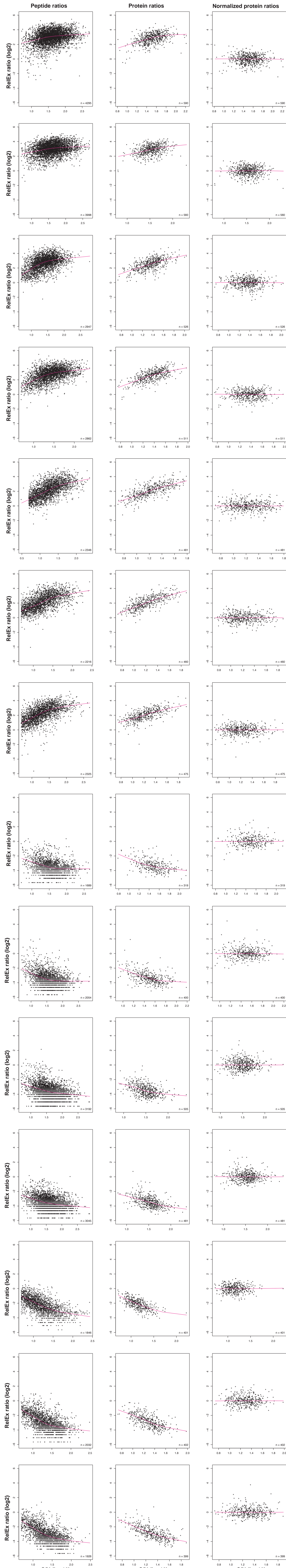




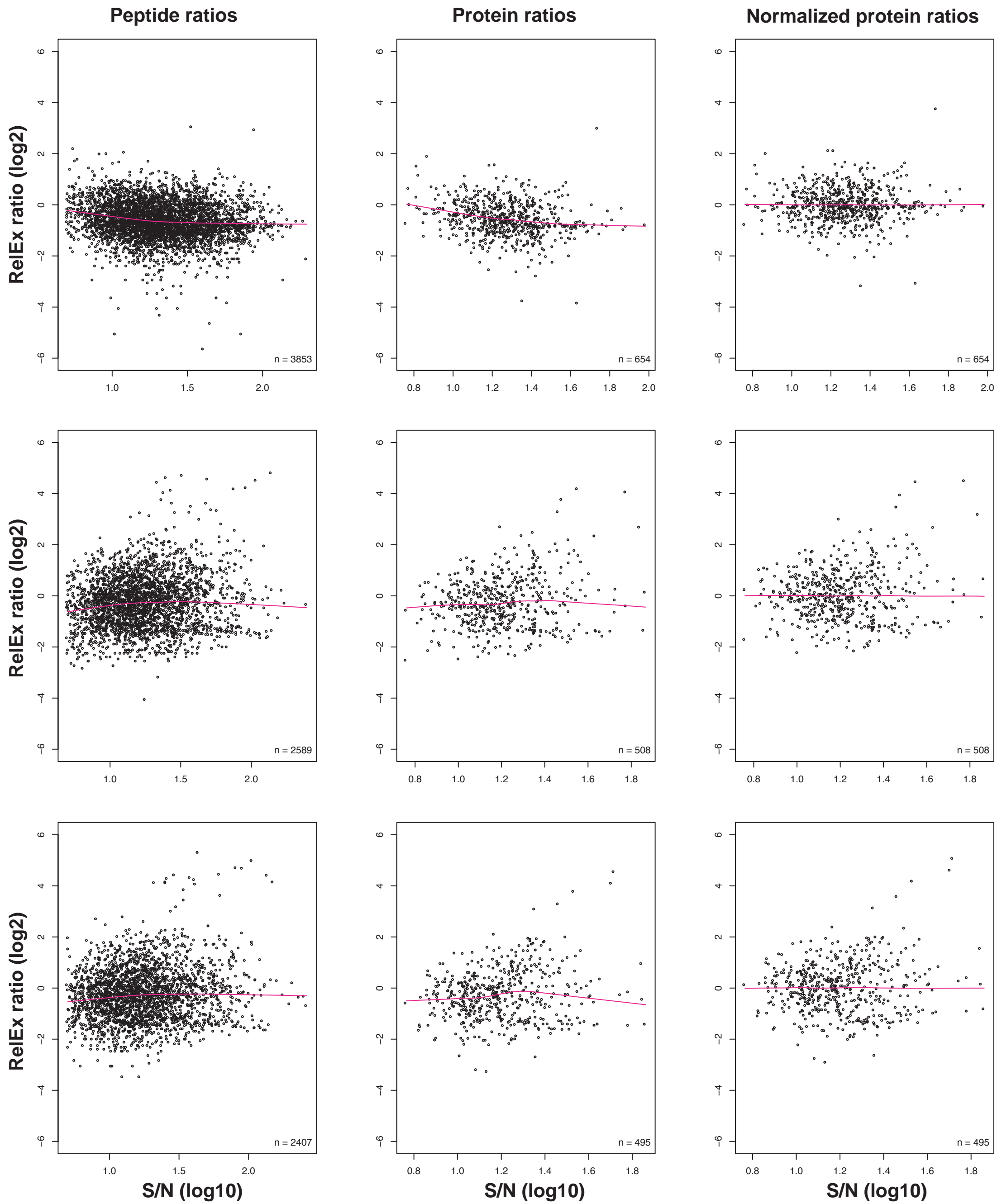
Supplemental FIG. S3.



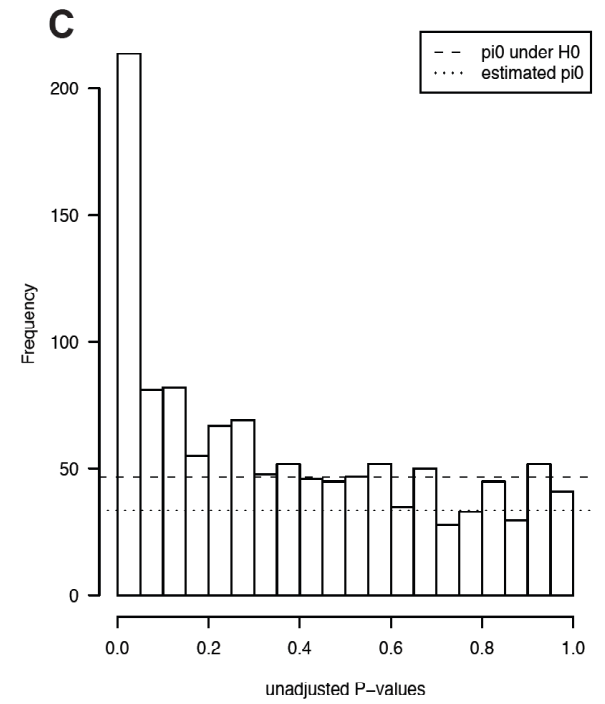
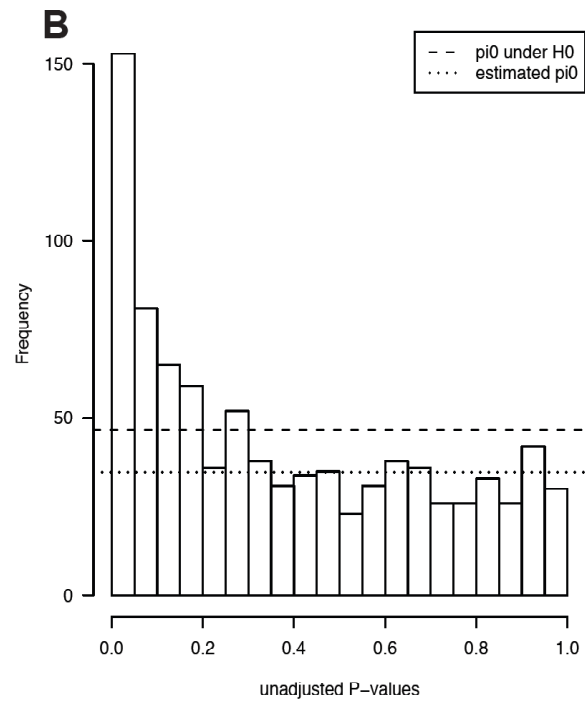
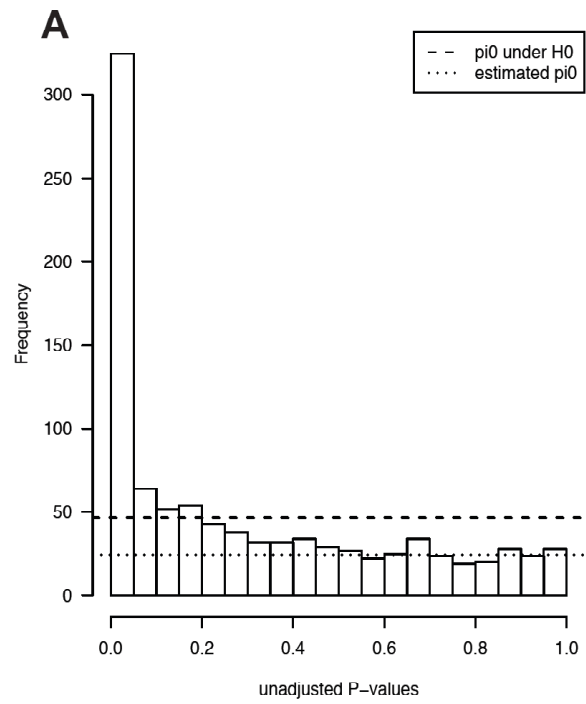
Supplemental Fig.S4



Supplemental Fig. S5



Supplemental Fig.S6



1

2 Supplemental FIG. S7.