

Spot	Gene Name	Proteins	Swiss Prot code	pI/Mw theoretical(kDa)	MS method	Sequence coverage	Mascot Score	6h		24h		48h	
Central Carbon Metabolism								Hxd vs Glu	Hxd vs 0	Hxd vs Glu	Hxd vs 0	Hxd vs Glu	Hxd vs 0
1	idh	Isocitrate dehydrogenase [NADP]	Q9KZF3	5,04/79,5	TMS	21	436	-1,9	1	1	1	-3,1	1,9
11	pdhL	Dihydrolipoyl dehydrogenase	Q9S2Q6	5,92/51,5	TMS	18	290	1	1	1	1	1	1,9
12		Dihydrolipoyl dehydrogenase	Q9S2Q6	5,92/51,5	PMF	25	135	1	1	1	1	1	2,1
16	tal2	Transaldolase 2	Q9XAC0	4,89/40,6	TMS	30	373	1	1	-1,7	1	-4,9	1,5
17	pgk	Phosphoglycerate kinase	Q9Z519	4,87/41,8	TMS	25	245	1,8	1	-3,5	1	-3,9	3,6
20	mdh	Malate dehydrogenase	Q9K3J3	5,00/34,6	TMS	11	130	1	1	-2,5	1	1	1,9
21 A/B		Malate dehydrogenase	Q9K3J3	5,00/34,6	TMS	24	187	-1,6	1	-2,3	1	-2	1,7
22	fba	Fructose-bisphosphate aldolase	Q9X8R6	5,42/36,9	TMS	27	287	1	1	-2,5	2	1	1,9
X	zwf3	6-phosphogluconate 1-dehydrogenase						1	1	-3	1	-4,4	1,5
XX	galE2	UDP-glucose 4-epimerase						-1,3	1	-3,6	1	-4,8	1,4

Respiration													
4		ATP synthase subunit alpha	Q9K4D5	4,98/57,2	TMS	29	526	-1,7	1	-2,8	1	1	1,9
5		ATP synthase subunit alpha	Q9K4D5	4,98/57,2	TMS	14	265	1	1	1	1	-2,5	2,8
9		ATP synthase subunit beta	P0A300	4,76/52,0	TMS	31	604	1	1	1	1	1	2,6

10		ATP synthase subunit beta	P0A300	4,76/52,0	TMS	26	474	1	1	-2,3	1	1	2,2
----	--	---------------------------	--------	-----------	-----	----	-----	---	---	------	---	---	-----

Transport and Binding proteins

18		ABC transporter ATP-binding protein	Q9L0Q1	5,79/40,4	TMS	7	114	1	1	1,6	1	1	1,7
25	gluA	Glutamate uptake system ATP-binding protein	O50495	6,11/28,1	TMS	26	188	1	1	1	1	1	1,8
27		Putative branched chain amino acid binding protein [#]	Q9S2J5	5,27/43,5	TMS	26	318	-1,6	-1,3	-2,8	1	6,2	2,2
36		Putative branched chain amino acid binding protein [#]	Q9S2J5	5,27/43,5	TMS	32	445	1	1	-2,1	1	6	2,9
43		Putative oligopeptide-binding lipoprotein	O86572	6,08/65,3	TMS	21	373	-1,4	1	2	-2,9	1	-2,2
44		Putative oligopeptide-binding lipoprotein	O86572	6,08/65,3	TMS	11	276	1	1	1,6	-1,6	1	-3,1
47		Putative oligopeptide-binding lipoprotein	O86572	6,08/65,3	TMS	12	246	1	1	3	1	-1,6	-2,5
87		Putative oligopeptide-binding lipoprotein	O86572	6,08/65,3	TMS	18	278	1,3	1	1,6	1	-2,9	-1,9
88		BldKB, putative ABC transport system lipoprotein	Q93IU2	5,28/65,5	TMS	4	119	1,4	1	2,3	1	1	-2,7

89		Putative oligopeptide-binding lipoprotein [#]	O86572	6,08/65,3	TMS	16	205	1	1	1	1	3,8	1,6
----	--	--	--------	-----------	-----	----	-----	---	---	---	---	-----	-----

Proteins Metabolism

2 sx		60 kDa chaperonin 1	P40171	4,87/57,1	PMF	27	160	-1,6	1	-2,7	1	-56	3
13		Elongation factor TU						-1,3	1	-1,7	1	-3,1	1,5
19		Chaperone protein dnaK [#]	Q05558	4,76/66,3	TMS	11	228	1	1	1	1	1	2,3
24		Proteasome subunit beta	Q7AKQ5	4,84/24,4	TMS	28	406	1	1	1	1	1	1,9
26		50S ribosomal protein L3	Q9L0E0	10,20/22,8	TMS	13	80	1	1	-3,7	1	3,3	1,9
28		50S ribosomal protein L25	Q9K3T9	4,72/20,8	TMS	17	88	1	1	-1,7	1	1	2
32		Chaperone protein dnaK [#]	Q05558	4,76/66,3	TMS	10	300	-1,4	-1,4	N.D.	N.D.	2,3	2,4
35		60 kDa chaperonin 2	Q9KXU5	4,79/56,8	PMF	29	149	1	1	1	1	-5,3	2,9
40		Xaa-Pro aminopeptidase 1	P0A3Z1	4,61/53,9	TMS	11	173	-1,4	1	1	1	1	2,5
41		30S ribosomal protein S1	Q9S2K5	4,54/55,0	TMS	5	97	1	1	N.D.	N.D.	1	1,7
58		Elongation factor Tu-1	P40174	5,01/43,8	PMF	47	186	1	1	1	1	5	1,5
67 A		60 kDa chaperonin 1	P40171	4,87/57,1	TMS	7	102	1	1	N.D.	N.D.	-4	1
		Elongation factor TS						-1,6	1	-2,5	1	-4,1	1,7
		RpoA						-1,5	1	-2,8	1	-4,8	1,7

Aminoacid Metabolism

8	sahH	Adenosylhomocysteinase	Q9KZM1	5,10/52,9	TMS	17	282	1	1	1	1	1	1,9
69	metK	S-adenosylmethionine synthase	Q9L0Y3	4,88/43,5	TMS	33	451	1	1	-2,4	1	-3,6	1,3

70	aspC	Aspartate aminotransferase	Q9L0L5	5,03/43,5	TMS	11	145	1	1	1	1	-5,3	1,8
2 dx/B	serA	Probable D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	Q9Z564	4,90/55,0	TMS	46	730	N.D.	N.D.	N.D.	N.D.	-13	2,6

Fatty Acid Metabolism

31	SCO6282	Putative 3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase	Q93S07	5,42/27,4	TMS	8	84	1	1	1	1	1	2,5
64	SCO3079	Putative thiolase	Q9KZ69	4,88/42,6	TMS	46	567	N.D.	N.D.	1	1	1	2,9

Uncharacterized

7		Putative uncharacterized protein SCO0556	Q9RJI3	5,19/53,7	PMF	36	203	1	1	1	1	1	2,5
65		Putative uncharacterized protein SCO4509	Q9L0T5	5,91/14,0	TMS	37	308	1	1	1	1	-5	-3,3

Unclassified

6		SufB	Q9XAD1	5,02/53,0	TMS	6	104	1	1	1	1	1	1,7
45		Inorganic pyrophosphatase	Q9X8I9	4,79/18,7	TMS	13	141	1	1	1	1	1	2,5
93		Putative transcriptional regulator	Q9XA42	5,80/24,7	TMS	33	372	1,5	1	1	1	1,9	1,4