

MetaCyc Pathways ID	MetaCyc Pathways name	Average		Std. Deviation		p-value
		SB	SBCT	SB	SBCT	
PWY-5946	α-carotene biosynthesis	0,13%	0,18%	0,03%	0,04%	0,049973902
PWY-7586	β-1,4-D-mannosyl-<i>N</i>-acetyl-D-glucosamine degradation	0,04%	0,01%	0,03%	0,02%	0,027313679
PWY-3941	β-alanine biosynthesis II	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-7654	(8<i>E</i>,10<i>E</i>)-dodeca-8,10-dienol biosynthesis	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-7905	<i>Escherichia coli</i> serotype O9a <i>O</i>-antigen biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,046263129
PWY-7656	<i>Spodoptera littoralis</i> pheromone biosynthesis	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-7778	2-methylpropene degradation	0,30%	0,21%	0,06%	0,06%	0,014542543
PWY-7465	3,3'-thiodipropionate degradation	0,01%	0,05%	0,02%	0,03%	0,01453041
CHLOROPHYLL-SYN	3,8-divinyl-chlorophyllide <i>a</i> biosynthesis I (aerobic, light-dependent)	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,029223463
PWY-5979	3-amino-5-hydroxybenzoate biosynthesis	0,06%	0,10%	0,04%	0,03%	0,032514653
PWY-5022	4-aminobutanoate degradation V	0,03%	0,07%	0,04%	0,03%	0,025183448
PWY-5645	4-chloronitrobenzene degradation	0,04%	0,02%	0,02%	0,01%	0,031625262
PWY-7811	6-methylpretetramide biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,007547292
PWY-5676	acetyl-CoA fermentation to butanoate II	0,23%	0,32%	0,06%	0,08%	0,036181089
PWY-7384	anaerobic energy metabolism (invertebrates, mitochondrial)	0,00%	0,02%	0,01%	0,02%	0,028367428
PWY-7725	arachidonate biosynthesis V (8-detaturase, mammals)	0,04%	0,02%	0,02%	0,01%	0,031625262
PWY-6421	arsenate detoxification IV (mycothiol)	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-7402	benzoate fermentation (to acetate and cyclohexane carboxylate)	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,023500193
P321-PWY	benzoyl-CoA degradation III (anaerobic)	0,03%	0,06%	0,03%	0,02%	0,035275326
PWY-8129	cell-surface glycoconjugate-linked phosphonate biosynthesis	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,023500193
PWY-1001	cellulose biosynthesis	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,013150528
PWY-6788	cellulose degradation II (fungi)	0,05%	0,10%	0,03%	0,03%	0,020673276
PWY18C3-7	cembratrienediol biosynthesis	0,09%	0,15%	0,06%	0,04%	0,01684912
PWY-7118	chitin deacetylation	0,05%	0,10%	0,03%	0,03%	0,018255672
PWY-6906	chitin derivatives degradation	0,01%	0,04%	0,01%	0,02%	0,001752889
PWY-6670	citronellol degradation	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-7865	coenzyme B/coenzyme M regeneration II (ferredoxin-dependent)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,027530881
COLANSYN-PWY	colanic acid building blocks biosynthesis	0,55%	0,36%	0,25%	0,11%	0,049524916
CYCLOHEXANOL-OXIDATION-PWY	cyclohexanol degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,030561846
PWY-2343	daidzein conjugates interconversion	0,34%	0,41%	0,03%	0,07%	0,048111734
PWY-8091	D-apionate degradation I (xylose isomerase family decarboxylase)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,023095509
PWY-8090	D-apionate degradation II (RLP decarboxylase)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,031809811
PWY-7712	deoxynivalenol biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,042974793
PWY-6499	D-glucarate degradation II	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,041460075
P224-PWY	dissimilatory sulfate reduction II (to thiosulfate)	0,08%	0,12%	0,03%	0,04%	0,020149944
PWY-7300	ecdysone and 20-hydroxyecdysone biosynthesis	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-5109	fermentation to 2-methylbutanoate	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
RIBOSYN2-PWY	flavin biosynthesis I (bacteria and plants)	0,05%	0,11%	0,04%	0,04%	0,018008414
PWY-6167	flavin biosynthesis II (archaea)	0,02%	0,05%	0,01%	0,03%	0,03402742
P3-PWY	gallate degradation III (anaerobic)	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-5122	geranyl diphosphate biosynthesis	0,00%	0,03%	0,01%	0,02%	0,035887082
GLYCOLYSIS	glycolysis I (from glucose 6-phosphate)	0,85%	0,64%	0,21%	0,09%	0,009688636
P341-PWY	glycolysis V (Pyrococcus)	0,42%	0,31%	0,10%	0,05%	0,00815046

PWY-6599	guanine and guanosine salvage II	0,03%	0,06%	0,02%	0,03%	0,011163342
PWY-7221	guanosine ribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-7027	hentriaconta-3,6,9,12,15,19,22,25,28-nonaene biosynthesis	0,08%	0,12%	0,03%	0,04%	0,020149944
PWY-5382	hydrogen oxidation II (aerobic, NAD)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,046036941
PWY0-1578	hydrogen to trimethylamine N-oxide electron transfer	0,04%	0,08%	0,03%	0,04%	0,045965556
PWY-6910	hydroxymethylpyrimidine salvage	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-581	indole-3-acetate biosynthesis II	0,01%	0,04%	0,01%	0,02%	0,007285283
GLUTAMINDEG-PWY	L-glutamine degradation I	0,59%	0,70%	0,08%	0,08%	0,013958319
PWY-5031	L-histidine degradation V	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,034958896
ILEUDEG-PWY	L-isoleucine degradation I	0,05%	0,10%	0,04%	0,03%	0,013938201
PWY0-1317	L-lactaldehyde degradation (aerobic)	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,02237191
HOMOSER-METSYN-PWY	L-methionine biosynthesis I	0,11%	0,17%	0,05%	0,05%	0,046197192
TRYPTOPHAN-DEGRADATION-1	L-tryptophan degradation III (eukaryotic)	0,03%	0,07%	0,03%	0,03%	0,026952114
MALTOSECAT-PWY	maltose degradation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,013317229
PWY-3861	mannitol degradation II	0,03%	0,01%	0,02%	0,01%	0,042562288
PWY-5459	methylglyoxal degradation IV	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,02237191
PWY0-1533	methylphosphonate degradation I	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,045745085
PWY-6048	methylthiopropionate degradation I (cleavage)	0,02%	0,06%	0,02%	0,02%	0,006843048
PWY0-1587	N ⁶ -L-threonylcarbamoyladenosine ³⁷ -modified tRNA biosynthesis	0,00%	0,03%	0,01%	0,02%	0,001742809
PWY-5388	N-glucosylnicotinate metabolism	0,06%	0,03%	0,03%	0,02%	0,023402195
PWY-722	nicotinate degradation I	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,018230795
PWY-5033	nicotinate degradation II	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY66-221	nicotine degradation V	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY0-1584	nitrate reduction X (dissimilatory, periplasmic)	0,24%	0,36%	0,05%	0,10%	0,023429169
PWY-7576	nitrogen fixation II (flavodoxin)	0,04%	0,02%	0,02%	0,01%	0,033955264
PWY-6342	noradrenaline and adrenaline degradation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,042839992
PWY-7955	paerucumarin biosynthesis	0,04%	0,02%	0,02%	0,01%	0,031625262
PWY-7411	phosphatidate biosynthesis (yeast)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,021689047
PANTO-PWY	phosphopantothenate biosynthesis I	0,06%	0,12%	0,04%	0,05%	0,038283578
PWY-7218	photosynthetic 3-hydroxybutanoate biosynthesis (engineered)	0,64%	0,52%	0,05%	0,10%	0,027675846
PWY-7170	phytochromobilin biosynthesis	0,04%	0,01%	0,03%	0,02%	0,037179826
PWY-7547	prodigiosin biosynthesis	0,03%	0,06%	0,02%	0,02%	0,014924542
PWY-7899	protein NEDDylation	0,09%	0,05%	0,02%	0,02%	0,005105832
PWY-6970	pyruvate decarboxylation to acetyl CoA II	0,00%	0,02%	0,00%	0,02%	0,023973359
PWY-5483	pyruvate fermentation to acetate III	0,00%	0,02%	0,01%	0,02%	0,034218307
PWY-5538	pyruvate fermentation to acetate VI	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,044094686
PWY-6416	quininate degradation II	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,027982657
PWY-5677	succinate fermentation to butanoate	0,08%	0,17%	0,03%	0,03%	4,03626E-05
P441-PWY	superpathway of <i>N</i>-acetylneuramate degradation	1,05%	0,91%	0,10%	0,08%	0,006184992
PWY-6928	superpathway of cholesterol degradation I (cholesterol oxidase)	0,04%	0,07%	0,03%	0,03%	0,03539693
ALL-CHORISMATE-PWY	superpathway of chorismate metabolism	0,45%	0,33%	0,07%	0,10%	0,042567682
PWY-4221	superpathway of coenzyme A biosynthesis II (plants)	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02539759
PWY-6049	superpathway of dimethylsulfoniopropionate degradation	0,05%	0,11%	0,05%	0,06%	0,045930588
PWY-7156	superpathway of ergosterol biosynthesis II	0,04%	0,02%	0,02%	0,01%	0,031625262
GLYCOLYSIS-E-D	superpathway of glycolysis and the Entner-Doudoroff pathway	0,81%	0,65%	0,19%	0,09%	0,027268894
GLYCOLYSIS-TCA-GLYOX-BYPASS	superpathway of glycolysis, pyruvate dehydrogenase, TCA, and glyoxylate bypass	1,15%	0,84%	0,20%	0,12%	0,000969173

TCA-GLYOX-BYPASS	superpathway of glyoxylate bypass and TCA	0,32%	0,22%	0,07%	0,06%	0,006291403
PWY-5920	superpathway of heme biosynthesis from glycine	0,04%	0,02%	0,03%	0,02%	0,034780555
HEXITOLDEGSUPER-PWY	superpathway of hexitol degradation (bacteria)	0,80%	0,64%	0,11%	0,09%	0,005897784
PWY0-1325	superpathway of L-asparagine biosynthesis	0,04%	0,02%	0,02%	0,01%	0,031625262
METSYN-PWY	superpathway of L-homoserine and L-methionine biosynthesis	0,18%	0,25%	0,06%	0,06%	0,044696332
PWY-724	superpathway of L-lysine, L-threonine and L-methionine biosynthesis II	0,03%	0,05%	0,02%	0,02%	0,023921105
PWY-7933	superpathway of polybrominated aromatic compound biosynthesis	0,02%	0,06%	0,02%	0,03%	0,02398539
PWY-6937	superpathway of testosterone and androsterone degradation	0,03%	0,06%	0,02%	0,03%	0,031868088
PWY-7809	superpathway of tetracycline and oxytetracycline biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,007547292
PWY-6894	thiamine diphosphate biosynthesis I (E. coli)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,044321557
PWY-6897	thiamine diphosphate salvage II	0,07%	0,03%	0,05%	0,02%	0,027289894
PWY-5180	toluene degradation I (aerobic) (<I>via</I> <i>o</i>-cresol)	0,02%	0,00%	0,02%	0,01%	0,048819437
PWY-81	toluene degradation to benzoyl-CoA (anaerobic)	0,03%	0,06%	0,03%	0,03%	0,043795919
PWY-5184	toluene degradation VI (anaerobic)	0,03%	0,06%	0,03%	0,03%	0,043795919
PWY-6708	ubiquinol-8 biosynthesis (prokaryotic)	0,04%	0,01%	0,03%	0,01%	0,009716716
PWY-4861	UDP-α-D-galacturonate biosynthesis I (from UDP-D-glucuronate)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,046360677
PWY-7334	UDP-<i>N</i>-acetyl-α-D-quinovosamine biosynthesis	0,04%	0,02%	0,03%	0,02%	0,022548914
PWY-6454	vancomycin resistance I	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,034384015
PWY-7213	wogonin metabolism	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,032066027
PWY-7219	adenosine ribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis	0,03%	0,06%	0,03%	0,02%	0,050641655
PWY-5910	superpathway of geranylgeranyldiphosphate biosynthesis I (via mevalonate)	0,14%	0,10%	0,06%	0,03%	0,050775449
PWY-641	proanthocyanidins biosynthesis from flavanols	0,04%	0,07%	0,03%	0,03%	0,051738236
PWY-6397	mycolyl-arabinogalactan-peptidoglycan complex biosynthesis	0,03%	0,07%	0,03%	0,04%	0,051923742
ENTBACSYN-PWY	enterobactin biosynthesis	0,03%	0,01%	0,03%	0,02%	0,052100339
PWY-3661	glycine betaine degradation I	0,05%	0,10%	0,04%	0,04%	0,052158252
PWY-5096	pyruvate fermentation to acetate and alanine	0,01%	0,05%	0,01%	0,04%	0,053339274
PWY-5436	L-threonine degradation IV	0,12%	0,17%	0,05%	0,04%	0,053375
PWY-7555	α-cyclopiazonate biosynthesis	0,08%	0,05%	0,02%	0,03%	0,054847718
PWY-5519	D-arabinose degradation III	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,055134481
PWY-6423	hemoglobin degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,055356791
UBISYN-PWY	superpathway of ubiquinol-8 biosynthesis (prokaryotic)	0,04%	0,02%	0,03%	0,02%	0,056250452
PWY-7228	superpathway of guanosine nucleotides <i>de novo</i> biosynthesis I	0,32%	0,43%	0,11%	0,10%	0,058332248
PWY-2381	4-nitrobenzoate degradation	0,05%	0,08%	0,03%	0,03%	0,058903162
PWY-7431	aromatic biogenic amine degradation (bacteria)	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,059033245
PWY-6583	pyruvate fermentation to butanol I	0,20%	0,32%	0,12%	0,10%	0,059859024
PWY-7003	glycerol degradation to butanol	0,20%	0,32%	0,12%	0,10%	0,059859024
PWY-5165	4-toluenesulfonate degradation II	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,060506217
PWY0-1296	purine ribonucleosides degradation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,060506217
PWY-7179	purine deoxyribonucleosides degradation I	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,060506217
PWY-6318	L-phenylalanine degradation IV (mammalian, via side chain)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,060506217
PWY-6313	serotonin degradation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,060506217
PWY66-389	phytol degradation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,060506217
PWY6666-2	dopamine degradation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,060506217
PWY-5104	L-isoleucine biosynthesis IV	0,03%	0,07%	0,03%	0,04%	0,061311339

PWY-7787	L-threitol degradation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,061423034
PWY-3661-1	glycine betaine degradation II (mammalian)	0,03%	0,06%	0,03%	0,02%	0,062220373
PWY-6446	benzoate biosynthesis III (CoA-dependent, non- β -oxidative)	0,20%	0,32%	0,12%	0,10%	0,06297255
PWY-7482	cyclooctatin biosynthesis	0,12%	0,08%	0,05%	0,03%	0,065808528
PWY-7127	CDP-D-mannitol biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,065903265
PWY-5257	superpathway of pentose and pentitol degradation	0,46%	0,36%	0,15%	0,07%	0,06632436
PWY-7799	Arg/N-end rule pathway (eukaryotic)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,066725078
PWY-7800	Ac/N-end rule pathway	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,066725078
PWY-6691	plaunotol biosynthesis	0,01%	0,04%	0,02%	0,03%	0,068072458
PWY-7859	jasmonoyl-L-isoleucine inactivation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,06949624
CITRULBIO-PWY	L-citrulline biosynthesis	0,11%	0,17%	0,04%	0,06%	0,070863493
PWY-5189	tetrapyrrole biosynthesis II (from glycine)	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,070878996
PWY-5248	methanogenesis from dimethylamine	0,00%	0,02%	0,01%	0,02%	0,072108949
PWY-1622	formaldehyde assimilation I (serine pathway)	0,38%	0,30%	0,11%	0,06%	0,073313628
PWY-561	superpathway of glyoxylate cycle and fatty acid degradation	0,02%	0,04%	0,02%	0,03%	0,073552383
PWY-5	canavanine biosynthesis	0,14%	0,10%	0,06%	0,03%	0,07390297
PWY-6717	(1,4)- β -D-xylan degradation	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,074382568
PWY-8060	2-deoxy-D-ribose degradation I	0,01%	0,03%	0,01%	0,02%	0,076353252
RHAMCAT-PWY	L-rhamnose degradation I	0,11%	0,08%	0,03%	0,04%	0,076574409
PWY-7866	coenzyme B/coenzyme M regeneration III (coenzyme F ₄₂₀ -dependent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,078306699
PWY-7807	glyphosate degradation III	0,02%	0,04%	0,02%	0,03%	0,079479263
PWY-5484	glycolysis II (from fructose 6-phosphate)	0,71%	0,55%	0,15%	0,06%	0,079786797
PWY-6914	sophoraflavanone G biosynthesis	0,03%	0,06%	0,03%	0,03%	0,080429196
COA-PWY	coenzyme A biosynthesis I (prokaryotic)	0,05%	0,03%	0,03%	0,02%	0,080496089
PWY-5361	(5 <i>Z</i>)-icosenoate biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,081127368
FUC-RHAMCAT-PWY	superpathway of fucose and rhamnose degradation	0,34%	0,22%	0,17%	0,09%	0,081966883
PWY-7588	ursodeoxycholate biosynthesis (bacteria)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,082317054
PWY-7793	dimethyl sulfide biosynthesis from methionine	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,082317054
PWY-7110	superpathway of megalomicin A biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,082317054
GLYSYN-PWY	glycine biosynthesis I	0,10%	0,06%	0,06%	0,04%	0,083078559
PWY-7893	protein Pupylation and dePupylation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,083151278
PWY-7333	UDP-N-acetyl- α -D-fucosamine biosynthesis	0,04%	0,02%	0,03%	0,02%	0,083201213
PWY-6789	(1,3)- β -D-xylan degradation	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,083886947
PWY-7378	aminopropanol phosphate biosynthesis II	0,03%	0,01%	0,02%	0,01%	0,084491957
PWY-6965	methylamine degradation II	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,085261444
PWY-6962	superpathway of trimethylamine degradation	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,085261444
PWY-6407	yersiniabactin biosynthesis	0,09%	0,06%	0,05%	0,03%	0,085818124
PWY0-1466	trehalose degradation VI (periplasmic)	0,05%	0,02%	0,03%	0,03%	0,086094086
CARNMET-PWY	L-carnitine degradation I	0,04%	0,07%	0,04%	0,02%	0,086238558
PWY-7053	docosaehaenoate biosynthesis I (lower eukaryotes)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,086810002
PWY-7181	pyrimidine deoxyribonucleosides degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,08693758
PWY-7575	superpathway of candidin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,08693758
PWY-7838	globo-series glycosphingolipids biosynthesis	0,07%	0,11%	0,03%	0,04%	0,088653057
PWY-8062	sulfoacetaldehyde degradation IV	0,05%	0,02%	0,04%	0,02%	0,089742601
BENZCOA-PWY	anaerobic aromatic compound degradation (<i>Thauera aromatica</i>)	0,04%	0,06%	0,03%	0,02%	0,090236621
PWY-7858	(5 <i>Z</i>)-dodecenoate biosynthesis II	0,03%	0,07%	0,02%	0,04%	0,091156802

PWY-7518	atromentin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,092543244
LEU-DEG2-PWY	L-leucine degradation I	0,05%	0,08%	0,03%	0,03%	0,093153393
PWY-841	superpathway of purine nucleotides <i><i>de novo</i></i> biosynthesis I	0,38%	0,53%	0,14%	0,16%	0,093197601
PWY-7918	protein <i><i>N</i></i> -glycosylation processing phase (yeast)	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,093735988
TRPIAACAT-PWY	indole-3-acetate biosynthesis VI (bacteria)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,093894068
PWY0-42	2-methylcitrate cycle I	0,09%	0,03%	0,07%	0,02%	0,094027792
PWY-5857	ubiquinol-10 biosynthesis (prokaryotic)	0,02%	0,01%	0,01%	0,01%	0,094758385
FOLSYN-PWY	superpathway of tetrahydrofolate biosynthesis and salvage	0,18%	0,12%	0,08%	0,05%	0,097420325
PWY0-1391	<i><i>S</i></i> -methyl-5'-thioadenosine degradation IV	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,097848114
PWY-6876	isopropanol biosynthesis (engineered)	0,00%	0,02%	0,01%	0,02%	0,097983907
PWY-4984	urea cycle	0,17%	0,22%	0,06%	0,05%	0,098296327
PWY-5600	pyruvate fermentation to acetate VII	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,098896821
PWY-7984	acinetobactin biosynthesis	0,03%	0,00%	0,03%	0,00%	0,100618623
PWY-6608	guanosine nucleotides degradation III	0,05%	0,10%	0,03%	0,06%	0,101789243
PWY-6604	superpathway of <i><i>Clostridium acetobutylicum</i></i> acidogenic and solventogenic ferment	0,48%	0,58%	0,10%	0,11%	0,101820329
3-HYDROXYPHENYLACETATE-DEGRADATION	4-hydroxyphenylacetate degradation	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,105160213
PWY66-425	L-lysine degradation II (L-pipecolate pathway)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,106640824
PWY-8035	streptovaricin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,107601012
PWY-7124	ethene biosynthesis V (engineered)	0,46%	0,39%	0,09%	0,07%	0,11000368
PWY-7254	TCA cycle VII (acetate-producers)	0,02%	0,00%	0,02%	0,01%	0,110067838
PWY-6687	mannosylglucosylglycerate biosynthesis II	0,02%	0,01%	0,01%	0,01%	0,110113838
PWY-7229	superpathway of adenosine nucleotides <i><i>de novo</i></i> biosynthesis I	0,23%	0,30%	0,10%	0,06%	0,110606129
PWY-5004	superpathway of L-citrulline metabolism	0,21%	0,26%	0,06%	0,06%	0,11130701
ECASYN-PWY	enterobacterial common antigen biosynthesis	0,19%	0,14%	0,07%	0,06%	0,111856047
P163-PWY	L-lysine fermentation to acetate and butanoate	0,15%	0,20%	0,06%	0,05%	0,113667631
SERDEG-PWY	L-serine degradation	0,04%	0,06%	0,03%	0,03%	0,114567994
PWY66-367	ketogenesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,11698098
P125-PWY	superpathway of (<i><i>R</i></i>)-butanediol biosynthesis	0,13%	0,18%	0,05%	0,05%	0,117186266
HSERMETANA-PWY	L-methionine biosynthesis III	0,21%	0,27%	0,07%	0,07%	0,118349515
PWY-6406	salicylate biosynthesis I	0,03%	0,06%	0,04%	0,03%	0,119892191
PWY-6588	pyruvate fermentation to acetone	0,00%	0,02%	0,01%	0,02%	0,120108942
PWY-8131	5'-deoxyadenosine degradation II	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,120377327
PWY-7801	N-end rule pathway I (prokaryotic)	0,01%	0,03%	0,01%	0,03%	0,120606136
PWY-7822	chitin degradation III (Serratia)	0,01%	0,03%	0,01%	0,02%	0,121553935
PWY-5397	crocin biosynthesis	0,01%	0,03%	0,01%	0,02%	0,121553935
PWY-7760	bacteriochlorophyll <i><i>e</i></i> biosynthesis	0,01%	0,03%	0,01%	0,02%	0,121553935
PWY18C3-23	guaiaicol biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,02%	0,122168471
PWY-6553	caffeine degradation II	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,123034031
PWY-7028	UDP- <i><i>N,N'</i></i> -diacetylbaicillosamine biosynthesis	0,02%	0,05%	0,02%	0,04%	0,123377755
PWY-7485	tetracenomycin C biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,123865681
PWY-701	L-methionine degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,124141488
PWY66-426	hydrogen sulfide biosynthesis II (mammalian)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,125241446
PWY-5898	superpathway of menaquinol-12 biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,126526526
PWY-6815	porphyran degradation	0,01%	0,03%	0,02%	0,02%	0,127709497
PWY-5423	oleoresin monoterpene volatiles biosynthesis	0,26%	0,21%	0,05%	0,06%	0,127793708
PWY-6330	acetaldehyde biosynthesis II	0,00%	0,02%	0,01%	0,02%	0,128337972

PWY-6855	chitin degradation I (archaea)	0,06%	0,03%	0,05%	0,03%	0,130130021
PWY-6353	purine nucleotides degradation II (aerobic)	0,16%	0,21%	0,05%	0,07%	0,134979989
ASPSYNII-PWY	cyanide detoxification I	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,137883083
PWY-5674	nitrate reduction IV (dissimilatory)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,138895898
PWY-5197	lactate biosynthesis (archaea)	0,07%	0,05%	0,02%	0,03%	0,140655236
PWY-7474	avenacin A-2 biosynthesis	0,05%	0,03%	0,04%	0,02%	0,140906314
PWY-5301	ajmaline and sarpagine biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,141392895
PWY-6124	inosine-5'-phosphate biosynthesis II	0,12%	0,17%	0,04%	0,08%	0,142222205
PWY0-1182	trehalose degradation II (cytosolic)	0,01%	0,02%	0,01%	0,01%	0,142567908
PWY-6762	salicylate glucosides biosynthesis IV	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,144963742
PWY-6766	salicin biosynthesis	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,144963742
ASPARTATE-DEG1-PWY	L-aspartate degradation I	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,144963742
PWY-8127	chlorophyll b biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,146264082
PYRIDOXYN-PWY	pyridoxal 5'-phosphate biosynthesis I	0,23%	0,18%	0,08%	0,05%	0,146981915
PWY0-1568	NADH to cytochrome c oxidase electron transfer II	0,04%	0,02%	0,03%	0,02%	0,147104283
RUMP-PWY	formaldehyde oxidation I	0,01%	0,03%	0,02%	0,02%	0,148744115
PWY-5499	vitamin B ₆ degradation	0,03%	0,06%	0,03%	0,04%	0,14948583
PWY-7013	(S)-propane-1,2-diol degradation	0,04%	0,02%	0,03%	0,02%	0,149646734
PWY-6160	3-dehydroquinate biosynthesis II (archaea)	0,03%	0,02%	0,02%	0,01%	0,151341273
PWY-6332	coumestrol biosynthesis	0,01%	0,05%	0,01%	0,05%	0,152009091
METHYLGALLATE-DEGRADATION-PWY	methylgallate degradation	0,13%	0,10%	0,05%	0,04%	0,152078996
PWY-6338	superpathway of vanillin and vanillate degradation	0,13%	0,10%	0,05%	0,04%	0,152078996
PWY-6339	syringate degradation	0,13%	0,10%	0,05%	0,04%	0,152078996
PYRUVDEHYD-PWY	pyruvate decarboxylation to acetyl CoA I	0,01%	0,02%	0,01%	0,01%	0,152744894
ENTNER-DOUDOROFF-PWY	Entner-Doudoroff shunt	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,153508825
CENTFERM-PWY	pyruvate fermentation to butanoate	0,18%	0,25%	0,09%	0,09%	0,155530358
PWY0-1299	arginine dependent acid resistance	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,155562534
PWY-7946	sarcinaxanthin diglucoside biosynthesis	0,05%	0,02%	0,04%	0,02%	0,155823788
PWY0-781	aspartate superpathway	0,13%	0,17%	0,07%	0,05%	0,156316616
PWY-7934	polybrominated dihydroxylated diphenyl ethers biosynthesis	0,31%	0,25%	0,07%	0,08%	0,157284943
PWY0-1597	prenylated FMNH ₂ biosynthesis	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,15832454
PWY0-845	superpathway of pyridoxal 5'-phosphate biosynthesis and salvage	0,25%	0,18%	0,09%	0,05%	0,158515613
PWY-6697	oxalate degradation IV	0,41%	0,32%	0,12%	0,05%	0,158594108
PHOSPHONOTASE-PWY	2-aminoethylphosphonate degradation I	0,01%	0,03%	0,01%	0,02%	0,159197421
PWY0-1415	superpathway of heme b biosynthesis from uroporphyrinogen-III	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,160472289
PWY-6590	superpathway of <i>Clostridium acetobutylicum</i> acidogenic fermentation	0,37%	0,45%	0,09%	0,10%	0,161515457
PWY-5531	3,8-divinyl-chlorophyllide a biosynthesis II (anaerobic)	0,03%	0,02%	0,03%	0,02%	0,161876959
PWY-6780	hydrogen production VI	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,162678898
PWY-7224	purine deoxyribonucleosides salvage	0,04%	0,08%	0,04%	0,04%	0,163103859
PWY-7602	icosapentaenoate biosynthesis V (8-desaturase, lower eukaryotes)	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,163221351
GLYCOCAT-PWY	glycogen degradation I	0,10%	0,06%	0,07%	0,04%	0,165304943
PWY-6995	5-hydroxymethylfurfural degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,16612406
PWY-5303	thiosulfate oxidation II (via tetrathionate)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,166346945
PWY-7868	coenzyme B/coenzyme M regeneration V (formate-dependent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,166911761
GLUDEG-II-PWY	L-glutamate degradation VII (to butanoate)	0,28%	0,36%	0,11%	0,10%	0,167013737
PWY-7398	coumarins biosynthesis (engineered)	0,14%	0,19%	0,04%	0,07%	0,167454878

PWY-6748	nitrate reduction VII (denitrification)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,167459906
PWY-8033	aureothin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,167459906
PWY-3061	menthol biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,167568158
PWY-7419	FR-900098 and FR-33289 antibiotics biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,168003249
PWY-7216	(R)- and (S)-3-hydroxybutanoate biosynthesis (engineered)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,168566561
PWY-7102	bisabolene biosynthesis (engineered)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,168566561
CO2FORM-PWY	methanogenesis from methanol	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,168578782
PWY-5864	superpathway of plastoquinol biosynthesis	0,10%	0,05%	0,07%	0,01%	0,168887286
PWY-8133	succinoglycan biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,169613738
PWY-8111	carbaryl degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,170377122
PWY-5427	naphthalene degradation (aerobic)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,170377122
PWY-6956	naphthalene degradation to acetyl-CoA	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,170377122
PWY-6822	ι-carrageenan degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,173258482
PWY-6363	D-<i>myo</i>-inositol (1,4,5)-trisphosphate degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,173258482
PWY-6358	superpathway of D-<i>myo</i>-inositol (1,4,5)-trisphosphate metabolism	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,173258482
PWY-6619	adenine and adenosine salvage VI	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,173258482
PWY-7552	heme <i>b</i> biosynthesis III (from siroheme)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,173258482
PWY-7977	L-methionine biosynthesis IV	0,07%	0,10%	0,05%	0,04%	0,173971531
PWY0-541	cyclopropane fatty acid (CFA) biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,175638252
PWY-6117	spermine and spermidine degradation I	0,02%	0,04%	0,03%	0,02%	0,175970354
PWY-7671	saframycin A biosynthesis	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,175985081
PWY-5679	clavulanate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,176079044
PWY-5047	gibberellin biosynthesis IV (<i>Gibberella fujikuroi</i>)	0,05%	0,03%	0,04%	0,03%	0,176372253
PWY-7480	2,3-dihydroxybenzoate degradation	0,05%	0,03%	0,04%	0,03%	0,177023987
COBALSYN-PWY	superpathway of adenosylcobalamin salvage from cobinamide I	0,09%	0,12%	0,05%	0,04%	0,177069838
KDOSYN-PWY	Kdo transfer to lipid IV_A I (E. coli)	0,02%	0,00%	0,03%	0,00%	0,177378021
PWY-6467	Kdo transfer to lipid IV_A III (Chlamydia)	0,02%	0,00%	0,03%	0,00%	0,177378021
PWY-7161	polymethylated quercetin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,177396182
PWY-7492	paspaline biosynthesis	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,177527396
PWY-5266	<i>p</i>-cymene degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,179040545
P201-PWY	nitroglycerin degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,179040545
PWY66-375	leukotriene biosynthesis	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,179580958
PWY-6223	gentisate degradation I	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,179815419
PLPSAL-PWY	pyridoxal 5'-phosphate salvage I	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,17998775
PWY-6895	superpathway of thiamine diphosphate biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,180169711
PWY-7019	butirosin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,180169711
OCTOPINEDEG-PWY	octopine degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,180169711
LYSINE-DEG1-PWY	L-lysine degradation XI (mammalian)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,180169711
PWY-6309	L-tryptophan degradation XI (mammalian, via kynurenine)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,180169711
2OXBUTYRATECAT-PWY	2-oxobutanoate degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,180342916
ALLANTOINDEG-PWY	superpathway of allantoin degradation in yeast	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,180342916
PWY0-1280	ethylene glycol degradation	0,09%	0,06%	0,05%	0,04%	0,18083014
PWY-5793	maysin biosynthesis	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,181409756
PWY-7351	pyruvate fermentation to opines	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,181530477
PWY-922	mevalonate pathway I (eukaryotes and bacteria)	0,02%	0,04%	0,03%	0,03%	0,182078681
PWY-8028	cycloartenol biosynthesis	0,02%	0,04%	0,01%	0,03%	0,183324742

PWY-7352	daunorubicin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,184020025
GLUTDEG-PWY	L-glutamate degradation II	0,05%	0,08%	0,04%	0,04%	0,184743107
PWY-7404	ceramide phosphoethanolamine biosynthesis	0,04%	0,06%	0,03%	0,02%	0,185250921
PWY-7628	2,4-dinitroanisole degradation	0,04%	0,02%	0,04%	0,02%	0,186615409
PWY-6562	norspermidine biosynthesis	0,08%	0,10%	0,05%	0,04%	0,186863322
PWY-6559	spermidine biosynthesis II	0,08%	0,10%	0,05%	0,04%	0,186863322
PWY-6565	superpathway of polyamine biosynthesis III	0,08%	0,10%	0,05%	0,04%	0,186863322
PWY-6277	superpathway of 5-aminoimidazole ribonucleotide biosynthesis	0,21%	0,17%	0,03%	0,06%	0,187084378
P542-PWY	choline-<i>O</i>-sulfate degradation	0,30%	0,35%	0,02%	0,10%	0,187329141
PWY-7287	novobiocin biosynthesis	0,02%	0,00%	0,03%	0,02%	0,187799512
PWY-7036	very long chain fatty acid biosynthesis II	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,188325027
PWY-6720	toyocamycin biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,188460517
KDO-NAGLIPASYN-PWY	superpathway of (Kdo)₂-lipid A biosynthesis	0,15%	0,10%	0,10%	0,05%	0,18949215
FERMENTATION-PWY	mixed acid fermentation	0,65%	0,58%	0,12%	0,09%	0,189729803
PWY-5494	pyruvate fermentation to propanoate II (acrylate pathway)	0,15%	0,20%	0,06%	0,06%	0,191569272
PROPFERM-PWY	L-alanine fermentation to propanoate and acetate	0,15%	0,20%	0,06%	0,06%	0,191569272
PWY-7094	fatty acid salvage	0,05%	0,08%	0,05%	0,03%	0,193140722
PWY-7253	apigeninidin 5-<i>O</i>-glucoside biosynthesis	0,49%	0,43%	0,10%	0,09%	0,194132689
PWY-6749	CMP-legionamate biosynthesis I	0,05%	0,01%	0,06%	0,01%	0,194346217
PROUT-PWY	L-proline degradation	0,02%	0,00%	0,02%	0,01%	0,194725093
PWY-1801	formaldehyde oxidation II (glutathione-dependent)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,196013381
PWY-7687	stipitate biosynthesis	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,198035634
GLUCONEO-PWY	gluconeogenesis I	0,76%	0,56%	0,28%	0,08%	0,198987429
PWY-7761	NAD salvage pathway II (PNC IV cycle)	0,01%	0,03%	0,02%	0,02%	0,199452952
PWY-7185	UTP and CTP dephosphorylation I	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,200441451
PWY-8134	bile acid 7β-dehydroxylation	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,200441451
CYSTEINE-DEG-PWY	L-cysteine degradation I	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,200441451
PWY-6350	archaetidylinositol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,200441451
PWY-7490	patulin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,200441451
PWY0-1507	biotin biosynthesis from 8-amino-7-oxononanoate I	0,05%	0,07%	0,03%	0,03%	0,201119337
PWY0-1261	anhydromuropeptides recycling I	0,18%	0,21%	0,04%	0,06%	0,20119525
PWY0-1600	periplasmic disulfide bond reduction	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,201277645
PWY-7199	pyrimidine deoxyribonucleosides salvage	0,07%	0,10%	0,05%	0,03%	0,20161554
PWY-7128	nicotine degradation III (VPP pathway)	0,06%	0,09%	0,05%	0,05%	0,202767288
PWY-7523	L-arginine degradation XII	0,04%	0,07%	0,03%	0,04%	0,202973975
PWY-6125	superpathway of guanosine nucleotides <i>de novo</i> biosynthesis II	0,30%	0,37%	0,13%	0,09%	0,203824504
PWY0-1329	succinate to cytochrome <i>bo</i> oxidase electron transfer	0,14%	0,11%	0,06%	0,04%	0,20403998
PWY-7541	1,2-propanediol biosynthesis from lactate (engineered)	0,06%	0,04%	0,02%	0,04%	0,204789652
PWY-6510	methanol oxidation to formaldehyde II	0,03%	0,02%	0,02%	0,01%	0,205945297
PWY-481	ethylbenzene degradation (anaerobic)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,206619635
PWY-5030	L-histidine degradation III	0,05%	0,03%	0,03%	0,02%	0,207439068
PWY-5663	<i>erythro</i>-tetrahydrobiopterin biosynthesis I	0,01%	0,03%	0,02%	0,02%	0,20771295
PWY-6579	superpathway of guanine and guanosine salvage	0,04%	0,07%	0,03%	0,04%	0,208466872
PWY-7269	NAD/NADP-NADH/NADPH mitochondrial interconversion (yeast)	0,02%	0,00%	0,03%	0,00%	0,208504283
PWY-6977	superpathway of erythromycin biosynthesis	0,04%	0,06%	0,03%	0,02%	0,208641022
PWY-5080	very long chain fatty acid biosynthesis I	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,209348196

PWY-5194	siroheme biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,209538838
PWY-4381	fatty acid biosynthesis initiation (bacteria and plants)	0,14%	0,11%	0,07%	0,04%	0,210039381
PWY-7928	nickel cofactor biosynthesis	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,211779315
MET-SAM-PWY	superpathway of <i>S</i> -adenosyl-L-methionine biosynthesis	0,32%	0,37%	0,09%	0,07%	0,212156122
PWY-7723	bacterial bioluminescence	0,03%	0,01%	0,03%	0,02%	0,21285613
PWY-5384	sucrose degradation IV (sucrose phosphorylase)	0,15%	0,11%	0,10%	0,05%	0,213826055
PWY-3841	folate transformations II (plants)	0,06%	0,02%	0,06%	0,02%	0,214169324
PWY-6052	dimethylsulfoniopropanoate degradation III (demethylation)	0,03%	0,05%	0,03%	0,04%	0,216051102
PWY-7953	UDP- <i>N</i> -acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis III (<i>meso</i> -diaminopimelate)	0,04%	0,02%	0,02%	0,02%	0,216284925
PWY-7077	<i>N</i> -acetyl-D-galactosamine degradation	0,05%	0,03%	0,04%	0,03%	0,216288786
GLUTSYN-PWY	L-glutamate biosynthesis I	0,10%	0,14%	0,06%	0,06%	0,216354568
PWY0-1021	L-alanine biosynthesis III	0,01%	0,03%	0,02%	0,03%	0,216504444
ALANINE-SYN2-PWY	L-alanine biosynthesis II	0,04%	0,02%	0,04%	0,02%	0,21674169
PWY-8034	spectinabilin biosynthesis	0,05%	0,02%	0,05%	0,01%	0,216953946
PWY-782	glycolipid desaturation	0,04%	0,02%	0,03%	0,02%	0,218533824
PWY-6629	superpathway of L-tryptophan biosynthesis	0,22%	0,18%	0,07%	0,05%	0,220077909
PWY-6165	chorismate biosynthesis II (archaea)	0,19%	0,16%	0,05%	0,04%	0,220880098
LPSSYN-PWY	superpathway of lipopolysaccharide biosynthesis	0,14%	0,10%	0,10%	0,05%	0,222222934
PWY-5024	L-arginine degradation XI	0,27%	0,31%	0,07%	0,04%	0,222554077
PWY-7751	shinorine biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,223502457
PWY-7246	pectin degradation I	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,223531423
PWY-7403	tetramethylpyrazine degradation	0,03%	0,05%	0,03%	0,03%	0,223668558
ARGDEG-III-PWY	L-arginine degradation IV (arginine decarboxylase/agmatine deiminase pathway)	0,12%	0,09%	0,06%	0,05%	0,225277585
PWY-7883	anhydromuropeptides recycling II	0,05%	0,02%	0,04%	0,02%	0,230407116
PWY-7188	eriodictyol <i>C</i> -glucosylation	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,231752357
GLUTAMINEFUM-PWY	L-glutamine degradation II	0,11%	0,14%	0,06%	0,06%	0,231858292
PWY-5514	UDP- <i>N</i> -acetyl-D-galactosamine biosynthesis II	0,20%	0,17%	0,06%	0,05%	0,23380396
PWY-7808	tetracycline resistance	0,01%	0,04%	0,02%	0,06%	0,234571393
ARABCAT-PWY	L-arabinose degradation I	0,05%	0,07%	0,05%	0,03%	0,234699702
PWY0-1565	D-lactate to cytochrome <i>bo</i> oxidase electron transfer	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,235955101
PWY-7869	<i>cis</i> -alkene biosynthesis	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,237908379
PWY-7280	ternatin C3 biosynthesis	0,04%	0,02%	0,04%	0,02%	0,238044059
PWY-6981	chitin biosynthesis	0,07%	0,10%	0,05%	0,03%	0,238743418
PWY0-43	conversion of succinate to propanoate	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,239054275
PWY-6683	assimilatory sulfate reduction III	0,13%	0,16%	0,04%	0,05%	0,240839176
PWY-5666	α -solanine/ α -chaconine biosynthesis	0,03%	0,01%	0,02%	0,01%	0,241053355
PWY-4821	UDP- α -D-xylose biosynthesis	0,04%	0,01%	0,04%	0,01%	0,24132808
PYRIDNUCSAL-PWY	NAD salvage pathway I (PNC VI cycle)	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,241875371
PWY-7511	protein ubiquitination	0,16%	0,11%	0,10%	0,05%	0,2421294
PWY-7688	dTDP-D-ravidosamine and dTDP-4-acetyl-D-ravidosamine biosynthesis	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,242199643
PWY-5053	superpathway of gibberellin GA ₁₂ biosynthesis	0,13%	0,10%	0,05%	0,05%	0,242966888
PWY-5178	toluene degradation IV (aerobic) (via catechol)	0,13%	0,10%	0,05%	0,05%	0,242966888
PWY66-387	β -methyl-branched fatty acid α -oxidation	0,09%	0,13%	0,06%	0,07%	0,243227004
ASPARAGINE-DEG1-PWY	L-asparagine degradation I	0,12%	0,05%	0,11%	0,03%	0,243778375
PWY-7174	<i>S</i> -methyl-5-thio- α -D-ribose 1-phosphate degradation II	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,244793654
PWY-5168	ferulate and sinapate biosynthesis	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,246764039

PWY-6685	glucosylglycerate biosynthesis II	0,05%	0,02%	0,06%	0,01%	0,247619433
PWY0-521	fructoselysine and psicoselysine degradation	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,250065605
PWY-7037	protein <i>O</i>-glycosylation (Neisseria)	0,01%	0,02%	0,01%	0,03%	0,251326317
PWY-8105	queuosine biosynthesis II (queuine salvage)	0,13%	0,09%	0,07%	0,04%	0,251734257
PWY0-1567	NADH to cytochrome <i>bo</i> oxidase electron transfer II	0,02%	0,00%	0,02%	0,01%	0,251779615
PWY-7833	biosynthesis of Lewis epitopes (H. pylori)	0,02%	0,03%	0,02%	0,02%	0,25306645
PWY-6145	superpathway of CMP-sialic acids biosynthesis	0,01%	0,03%	0,02%	0,03%	0,253386557
PWY-5430	<i>meta</i> cleavage pathway of aromatic compounds	0,11%	0,08%	0,06%	0,05%	0,253423199
P283-PWY	hydrogen oxidation I (aerobic)	0,00%	0,01%	0,01%	0,02%	0,253644027
PWY-5993	superpathway of rifamycin B biosynthesis	0,02%	0,01%	0,01%	0,01%	0,255814328
PWY-8010	L-cysteine biosynthesis IX (Trichomonas vaginalis)	0,06%	0,02%	0,07%	0,01%	0,256072081
ANAEROFrucat-PWY	homolactic fermentation	0,62%	0,51%	0,18%	0,09%	0,256518738
PWY-7031	protein <i>N</i>-glycosylation (bacterial)	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,256958052
PWY-7256	cyanidin diglucoside biosynthesis (acyl-glucose dependent)	0,34%	0,38%	0,06%	0,07%	0,256959157
PWY-6893	thiamine diphosphate biosynthesis II (Bacillus)	0,03%	0,05%	0,02%	0,03%	0,257116937
PWY-6936	seleno-amino acid biosynthesis (plants)	0,02%	0,04%	0,03%	0,02%	0,258059873
PWY-5055	nicotinate degradation III	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,258161213
PWY-1921	indole-3-acetate activation II	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,258161213
PWY-5035	gibberellin biosynthesis III (early C-13 hydroxylation)	0,06%	0,08%	0,04%	0,03%	0,258291255
PWY-43	putrescine biosynthesis II	0,06%	0,08%	0,04%	0,03%	0,258291255
PWY-735	jasmonic acid biosynthesis	0,20%	0,15%	0,11%	0,06%	0,260350276
PWY-5833	CDP-4-dehydro-3,6-dideoxy-D-glucose biosynthesis	0,03%	0,06%	0,04%	0,04%	0,261217717
PWY-6134	L-tyrosine biosynthesis IV	0,05%	0,02%	0,06%	0,02%	0,262401209
PWY-7315	dTDP-<i>N</i>-acetylthomosamine biosynthesis	0,04%	0,02%	0,04%	0,02%	0,263181965
PWY-6982	umbelliferone biosynthesis	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,263762227
PWY0-1569	autoinducer AI-2 degradation	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,263844538
TRPSYN-PWY	L-tryptophan biosynthesis	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,263863687
PWY-5268	salvianin biosynthesis	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,264827911
PWY-7750	carbon monoxide oxidation to CO₂	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,264827911
PWY-5441	S-methyl-L-methionine cycle	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,264827911
PWY-46	putrescine biosynthesis III	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,26507689
PWY-8047	bryostatin biosynthesis	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,265134527
PWY-7318	dTDP-3-acetamido-3,6-dideoxy-α-D-glucose biosynthesis	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,265580495
PWY-7854	crotonyl-CoA/ethylmalonyl-CoA/hydroxybutyryl-CoA cycle (engineered)	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,265580495
PWY-7104	dTDP-L-megosamine biosynthesis	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,265580495
PWY-6973	dTDP-D-olivose, dTDP-D-oliose and dTDP-D-mycarose biosynthesis	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,265580495
PWY-7872	D-erythronate degradation I	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,266464529
PWY-8040	ansatrienin biosynthesis	0,01%	0,03%	0,02%	0,03%	0,266841562
PWY-5340	sulfate activation for sulfonation	0,08%	0,11%	0,05%	0,05%	0,267119064
DARABCAT-PWY	D-arabinose degradation II	0,13%	0,07%	0,15%	0,06%	0,26765012
PWY-6147	6-hydroxymethyl-dihydropterin diphosphate biosynthesis I	0,04%	0,06%	0,03%	0,02%	0,267707373
AMMASSIM-PWY	ammonia assimilation cycle III	0,26%	0,23%	0,02%	0,05%	0,267759158
PWY-7389	superpathway of anaerobic energy metabolism (invertebrates)	0,01%	0,03%	0,02%	0,03%	0,268392975
PWY-7606	docosaehaenoate biosynthesis III (6-desaturase, mammals)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,268902515
PWY0-1535	D-serine degradation	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,269137361
PWY-6244	bergamotene biosynthesis II	0,26%	0,30%	0,08%	0,04%	0,269888127

PWY-7959	12- <i>epi</i> -hapalindole biosynthesis	0,20%	0,16%	0,04%	0,06%	0,270043297
PWY-5849	menaquinol-6 biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,27031161
MENAUQUINONESYN-PWY	menaquinol-8 biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,27031161
PWY-5850	superpathway of menaquinol-6 biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,27031161
GALACTUROCAT-PWY	D-galacturonate degradation I	0,15%	0,19%	0,06%	0,07%	0,271832889
PWY-7545	pyruvate to cytochrome <i>bd</i> oxidase electron transfer	0,05%	0,03%	0,06%	0,02%	0,272254776
PWY-6540	costunolide biosynthesis	0,04%	0,06%	0,03%	0,04%	0,273051847
PWY0-1338	polymyxin resistance	0,17%	0,14%	0,06%	0,04%	0,273204501
PWY-7443	(4S)-carvone biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,02%	0,273548688
PWY0-1334	NADH to cytochrome <i>bd</i> oxidase electron transfer I	0,11%	0,08%	0,06%	0,04%	0,274702826
PWY66-428	L-threonine degradation V	0,12%	0,09%	0,08%	0,04%	0,274876104
GLYCINE-SYN2-PWY	glycine biosynthesis II	0,08%	0,06%	0,05%	0,03%	0,275745907
PWY-6823	molybdenum cofactor biosynthesis	0,12%	0,15%	0,08%	0,04%	0,275924152
PWY0-1561	glycerol-3-phosphate to cytochrome <i>bo</i> oxidase electron transfer	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,277344215
PWY-7323	superpathway of GDP-mannose-derived O-antigen building blocks biosynthesis	0,38%	0,25%	0,24%	0,07%	0,277597135
PWY-4101	D-sorbitol degradation I	0,15%	0,11%	0,09%	0,05%	0,277654805
PWY-7092	neolinstatin bioactivation	0,04%	0,06%	0,03%	0,03%	0,277756158
PWY-6802	salidroside biosynthesis	0,29%	0,33%	0,06%	0,07%	0,277969797
PWY0-461	L-lysine degradation I	0,04%	0,02%	0,04%	0,02%	0,279227434
PWY-5105	hesperitin glycoside biosynthesis	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,279638201
PWY-6580	phosphatidylinositol biosynthesis I (bacteria)	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,279638201
PWY1G-0	mycothiol biosynthesis	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,279638201
COMPLETE-ARO-PWY	superpathway of aromatic amino acid biosynthesis	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,280690746
PWY-5939	pyruvate fermentation to (<i>R</i>)-acetoin II	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,280690746
PWY0-166	superpathway of pyrimidine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis (<i>E. coli</i>)	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,280779356
PWY0-1353	succinate to cytochrome <i>bd</i> oxidase electron transfer	0,17%	0,13%	0,09%	0,06%	0,282058444
PWY-6676	superpathway of sulfide oxidation (phototrophic sulfur bacteria)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,283244425
PWY-7663	gondoate biosynthesis (anaerobic)	0,11%	0,16%	0,02%	0,09%	0,285394598
PWY-7664	oleate biosynthesis IV (anaerobic)	0,11%	0,16%	0,02%	0,09%	0,285394598
PWY-7884	lipoprotein posttranslational modification	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,285739307
PWY-6954	superpathway of aromatic compound degradation via 2-hydroxypentadienoate	0,12%	0,09%	0,06%	0,05%	0,2873241
PWY4FS-12	VTC2 cycle	0,05%	0,02%	0,06%	0,02%	0,287866894
SULFMETII-PWY	assimilatory sulfate reduction II	0,07%	0,10%	0,05%	0,04%	0,287976825
PWY-5162	2-hydroxypenta-2,4-dienoate degradation	0,02%	0,03%	0,03%	0,02%	0,288102386
THIOREDOX-PWY	thioredoxin pathway	0,14%	0,11%	0,06%	0,04%	0,289596551
ARGSPECAT-PWY	spermine biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,291469016
PWY-7853	6-hydroxymethyl-dihydropterin diphosphate biosynthesis V (<i>Pyrococcus</i>)	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,29203272
PWY3DJ-11281	sphingomyelin metabolism	0,06%	0,08%	0,05%	0,04%	0,29249132
PWY0-1591	glycerol-3-phosphate to hydrogen peroxide electron transport	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,293534265
PWY-5984	rifamycin B biosynthesis	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,293764132
PWY-7312	dTDP-D-β-fucufuranose biosynthesis	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,294569672
PWY-6784	cellulose and hemicellulose degradation (cellulosome)	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,295367996
PWY-5405	superpathway of betalain biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,295466791
PWY-7417	phospholipid remodeling (phosphatidate, yeast)	0,03%	0,01%	0,04%	0,01%	0,295769097
PWY-5207	coenzyme B/coenzyme M regeneration I (methanophenazine-dependent)	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,299210563
METHIONINE-DEG1-PWY	L-methionine degradation I (to L-homocysteine)	0,07%	0,03%	0,07%	0,03%	0,299892708

PWY-6947	superpathway of cholesterol degradation II (cholesterol dehydrogenase)	0,05%	0,07%	0,04%	0,03%	0,30116367
PWY-6061	bile acid biosynthesis, neutral pathway	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,302141634
PWY-5345	superpathway of L-methionine biosynthesis (by sulfhydrylation)	0,24%	0,27%	0,06%	0,05%	0,302471524
PWY-7711	calonectrin biosynthesis	0,02%	0,03%	0,02%	0,02%	0,303154379
PWY-6447	trichome monoterpenes biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,303778808
PWY-5950	geosmin biosynthesis	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,304422978
PWY-6292	superpathway of L-cysteine biosynthesis (mammalian)	0,10%	0,04%	0,13%	0,03%	0,305527384
PWY-6010	apigenin glycosides biosynthesis	0,02%	0,03%	0,02%	0,02%	0,305742733
PWY-5101	L-isoleucine biosynthesis II	0,40%	0,48%	0,16%	0,14%	0,306033357
SALVADEHYPOX-PWY	adenosine nucleotides degradation II	0,06%	0,09%	0,04%	0,05%	0,30922617
PWY-6080	4-ethylphenol degradation (anaerobic)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,309295968
PWY-5517	L-arabinose degradation III	0,06%	0,08%	0,05%	0,03%	0,311526079
PWY-6617	adenosine nucleotides degradation III	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,312059546
CALVIN-PWY	Calvin-Benson-Bassham cycle	0,25%	0,23%	0,02%	0,05%	0,312918848
PWY-6987	lipoate biosynthesis and incorporation III (Bacillus)	0,06%	0,04%	0,04%	0,02%	0,313960073
PWY-621	sucrose degradation III (sucrose invertase)	0,00%	0,02%	0,01%	0,02%	0,31412435
PWY-6290	β-cubebene biosynthesis	0,04%	0,03%	0,03%	0,02%	0,314990918
GLYOXYLATE-BYPASS	glyoxylate cycle	0,07%	0,06%	0,02%	0,03%	0,315546726
PWY-7039	phosphatidate metabolism, as a signaling molecule	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,315700152
DETOX1-PWY-1	reactive oxygen species degradation	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,316212501
PWY-3161	indole-3-acetate biosynthesis III (bacteria)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-7665	aureobasidin A biosynthesis	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
CYSTSYN-PWY	L-cysteine biosynthesis I	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-5662	glucosylglycerate biosynthesis I	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-6692	Fe(II) oxidation	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
THIOSULFOX-PWY	thiosulfate oxidation I (to tetrathionate)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY4FS-11	L-ascorbate biosynthesis II (L-gulose pathway)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
P282-PWY	nitrite oxidation	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
P581-PWY	thiocyanate degradation I	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-7279	aerobic respiration II (cytochrome c) (yeast)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-4521	arsenite oxidation I (respiratory)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-6464	polyvinyl alcohol degradation	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-6523	nitrite-dependent anaerobic methane oxidation	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-5458	methylglyoxal degradation V	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
AMMOXID-PWY	ammonia oxidation I (aerobic)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-5274	sulfide oxidation II (flavocytochrome <i>c</i>)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-5304	superpathway of sulfur oxidation (<i>Acidianus ambivalens</i>)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-7084	nitrifier denitrification	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-5335	superpathway of sulfide oxidation (<i>Starkeya novella</i>)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-5308	superpathway of sulfur metabolism (<i>Desulfocapsa sulfoexigens</i>)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-5294	superpathway of sulfide oxidation (<i>Acidithiobacillus ferrooxidans</i>)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY-7082	ammonia oxidation IV (autotrophic ammonia oxidizers)	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,317810989
PWY0-981	taurine degradation IV	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,318796673
PWY-7909	formaldehyde oxidation VII (THF pathway)	0,09%	0,06%	0,08%	0,04%	0,320199074
PWY-5419	catechol degradation to 2-hydroxypentadienoate II	0,11%	0,08%	0,06%	0,05%	0,321452081
PWY-5420	catechol degradation II (<i>meta</i> -cleavage pathway)	0,11%	0,08%	0,06%	0,05%	0,321452081

PWY-5823	superpathway of CDP-glucose-derived O-antigen building blocks biosynthesis	0,04%	0,06%	0,04%	0,05%	0,324620106
PWY-7794	polyethylene terephthalate degradation	0,33%	0,27%	0,13%	0,10%	0,327363062
PWY-6461	peptidoglycan cross-bridge biosynthesis II (E. faecium)	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,328221297
PWY-7544	pyruvate to cytochrome <i>c</i> ₁ oxidase electron transfer	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,329091279
PWY-3721	choline degradation II	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,33003388
PWY-6396	superpathway of 2,3-butanediol biosynthesis	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,331333958
PWY18C3-9	diacylsucrose biosynthesis (<i>Solanum</i>)	0,03%	0,06%	0,03%	0,06%	0,33187196
FASYN-ELONG-PWY	fatty acid elongation -- saturated	0,15%	0,21%	0,05%	0,13%	0,33299067
PWY1G01-4	glutarate degradation	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,333770182
PWY-7873	D-erythronate degradation II	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,333770182
PWY-7741	phthiocerol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,335339962
PWY-7458	violodelphin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,335339962
PWY-7259	pelargonidin diglucoside biosynthesis (acyl-glucose dependent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,335339962
PWY-7260	delphinidin diglucoside biosynthesis (acyl-glucose dependent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,335339962
PWY-5370	carbon tetrachloride degradation I	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,335725001
PWY0-1544	proline to cytochrome <i>c</i> ₁ oxidase electron transfer	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,337712014
PWY-7385	1,3-propanediol biosynthesis (engineered)	0,43%	0,38%	0,11%	0,08%	0,340082871
GOLPDLCAT-PWY	superpathway of glycerol degradation to 1,3-propanediol	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,340781649
PWY-40	putrescine biosynthesis I	0,05%	0,07%	0,03%	0,04%	0,340855389
ARGDEG-PWY	superpathway of L-arginine, putrescine, and 4-aminobutanoate degradation	0,03%	0,01%	0,05%	0,01%	0,341163979
PWY-5921	glutaminyl-tRNA ^{gln} biosynthesis via transamidation	0,24%	0,27%	0,04%	0,10%	0,342115845
PWY-5837	2-carboxy-1,4-naphthoquinol biosynthesis	0,05%	0,03%	0,03%	0,03%	0,343806261
PWY-7666	galactolipid biosynthesis II	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,344634066
PWY-5159	<i>trans</i> -4-hydroxy-L-proline degradation II	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,344779081
PWY-6131	glycerol degradation II	0,04%	0,05%	0,03%	0,02%	0,346379378
ASPARAGINE-DEG1-PWY-1	L-asparagine degradation III (mammalian)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,348141417
PWY-7777	isoprene degradation	0,05%	0,06%	0,04%	0,03%	0,348202983
PWY-6902	chitin degradation II (Vibrio)	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,348614106
PWY-5130	2-oxobutanoate degradation I	0,07%	0,04%	0,06%	0,04%	0,348702674
PWY-8118	patellamide A and C biosynthesis	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,349066135
PWY-5114	UDP-sugars interconversion	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,350690426
PWY-7557	(-)-dehydrodiconiferyl alcohol degradation	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,351095645
PROPIONMET-PWY	propanoyl CoA degradation I	0,02%	0,04%	0,01%	0,04%	0,352474526
PWY-7530	β-D-galactosaminyl-(1→3)- <i>N</i> -acetyl-α-D-galactosamine biosynthesis	0,00%	0,01%	0,00%	0,02%	0,352614974
PHENOLDEG-PWY	phenol degradation II (anaerobic)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,354094825
PWY-8148	NADP biosynthesis	0,03%	0,02%	0,03%	0,02%	0,35668519
PWY-6140	CMP-2-keto-3-deoxy-D- <i>glycero</i> -D- <i>galacto</i> -nononate biosynthesis	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,357799822
BSUBPOLYAMSYN-PWY	spermidine biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,357935972
PWY-6463	peptidoglycan cross-bridge biosynthesis IV (Weissella viridescens)	0,05%	0,09%	0,06%	0,07%	0,357941617
P23-PWY	reductive TCA cycle I	0,36%	0,33%	0,08%	0,07%	0,359127239
PWY-6258	patchoulol biosynthesis	0,35%	0,31%	0,09%	0,05%	0,359508841
PWY-6004	glycine betaine biosynthesis V (from glycine)	0,05%	0,04%	0,04%	0,02%	0,359694278
PWY-5789	3-hydroxypropanoate/4-hydroxybutanoate cycle	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,362061875
PWY-7056	daphnin interconversion	0,07%	0,05%	0,04%	0,03%	0,362828429
4TOLCARBDEG-PWY	4-toluenecarboxylate degradation	0,07%	0,05%	0,04%	0,03%	0,362828429
PWY-7029	terminal olefins biosynthesis II	0,00%	0,01%	0,00%	0,02%	0,36552971

PWY-5755	4-hydroxybenzoate biosynthesis II (bacteria)	0,19%	0,23%	0,11%	0,07%	0,365750803
PWY-7529	CMP-<i>N</i>-acetyl-7-<i>O</i>-acetylneuraminate biosynthesis	0,21%	0,18%	0,06%	0,07%	0,365785067
PWY-7805	(aminomethyl)phosphonate degradation	0,03%	0,05%	0,04%	0,03%	0,368553972
PWY-4121	glutathionylspermidine biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,368632449
PWY-6060	malonate degradation II (biotin-dependent)	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,368975626
PWY-4161	superpathway of benzoxazinoid glucosides biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,368975626
PWY-5973	<i>cis</i>-vaccenate biosynthesis	0,12%	0,16%	0,04%	0,10%	0,369054869
SO4ASSIM-PWY	assimilatory sulfate reduction I	0,14%	0,16%	0,04%	0,05%	0,36967635
PWY-5530	sorbitol biosynthesis II	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,370256882
PWY-7729	5,6-dimethylbenzimidazole biosynthesis II (anaerobic)	0,02%	0,00%	0,03%	0,02%	0,37191231
PWY-7176	UTP and CTP <i>de novo</i> biosynthesis	0,24%	0,28%	0,09%	0,07%	0,37256219
PWY-5643	2,6-dinitrotoluene degradation	0,06%	0,04%	0,07%	0,04%	0,37300057
PWY0-1335	NADH to cytochrome <i>bo</i> oxidase electron transfer I	0,08%	0,06%	0,07%	0,04%	0,373361508
ORNDEG-PWY	superpathway of ornithine degradation	0,03%	0,01%	0,04%	0,02%	0,373403511
PWY-5766	L-glutamate degradation X	0,02%	0,03%	0,02%	0,02%	0,373696099
PWY-6805	cellulose degradation I (cellulosome)	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PUTDEG-PWY	putrescine degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-7457	sulfite oxidation V (SoeABC)	0,01%	0,00%	0,03%	0,00%	0,373900966
PWY-6648	rhamnolipid biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-7057	cichoriin interconversion	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,373900966
PWY-6271	eudesmol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-801	homocysteine and cysteine interconversion	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY0-44	D-allose degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY0-1599	periplasmic disulfide bond formation	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-4601	arsenate reduction (respiratory)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
P303-PWY	ammonia oxidation II (anaerobic)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-6681	neurosporaxanthin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-5929	puromycin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-8080	kainate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWYQT-4476	indole glucosinolate activation (herbivore attack)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY18C3-16	acylsucrose biosynthesis (<i>Solanum habrochaites</i>)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
UDPNAGSYN-PWY	UDP-<i>N</i>-acetyl-D-glucosamine biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-7627	2,4,6-trinitrophenol and 2,4-dinitrophenol degradation	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-7720	ophiobolin F biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-8087	indole-3-acetate degradation II	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-7924	rubber degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-6932	selenate reduction	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-6591	manganese oxidation I	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-6592	manganese oxidation II	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-7987	vanchrobactin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
P483-PWY	phosphonoacetate degradation	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
ALKANEMONOX-PWY	two-component alkanesulfonate monooxygenase	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
AEROBACTINSYN-PWY	aerobactin biosynthesis	0,02%	0,00%	0,03%	0,00%	0,373900966
PWY-6173	histamine biosynthesis	0,02%	0,00%	0,03%	0,00%	0,373900966
PWY-5856	ubiquinol-9 biosynthesis (prokaryotic)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
2PHENDEG-PWY	phenylethylamine degradation I	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966

PWY1YI0-6	aerobic respiration in cyanobacteria (NDH-2 to cytochrome <i>c</i> oxidase via plastocyanin)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY66-366	flavin biosynthesis IV (mammalian)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-5280	L-lysine degradation IV	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,373900966
NOPALINEDEG-PWY	nopaline degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-6328	L-lysine degradation X	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,373900966
GLUTATHIONESYN-PWY	glutathione biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-7113	furcatin degradation	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY30-4106	NAD salvage pathway IV (from nicotinamide riboside)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-7737	thiocoraline biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-7999	vitamin K-epoxide cycle	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-7986	anguibactin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-6289	petrobactin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-6679	jadomycin biosynthesis	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,373900966
PWY-5770	phenazine-1-carboxylate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-283	benzoate degradation II (aerobic and anaerobic)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-702	L-methionine biosynthesis II (plants)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-8061	8-oxo-(d)GTP detoxification II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-5945	violaxanthin, antheraxanthin and zeaxanthin interconversion	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-7645	hyaluronan degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-7849	urate conversion to allantoin III	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-6336	protocatechuate degradation III (cleavage pathway)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-6071	superpathway of phenylethylamine degradation	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,373900966
PWY-5174	capsanthin and capsorubin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY0-1527	curcumin degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-5350	thiosulfate disproportionation IV (rhodanese)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
CAROTENOID-PWY	superpathway of carotenoid biosynthesis in plants	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
4AMINO BUTMETAB-PWY	superpathway of 4-aminobutanoate degradation	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,373900966
PWY3DJ-12	ceramide <i>de novo</i> biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,373900966
PWY-6827	gellan degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,373900966
PWY-6765	hydrogen production IV	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,373917022
PWY0-1297	superpathway of purine deoxyribonucleosides degradation	0,00%	0,01%	0,01%	0,02%	0,375325989
PWY-5046	2-oxoisovalerate decarboxylation to isobutanoyl-CoA	0,00%	0,01%	0,01%	0,02%	0,375325989
PWY-8073	lipid IV_A biosynthesis (<i>P. putida</i>)	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,375458029
PWY-4681	kievitone biosynthesis	0,08%	0,11%	0,09%	0,05%	0,375833297
PWY18C3-22	methylsalicylate biosynthesis	0,04%	0,01%	0,07%	0,01%	0,377121037
PWY0-1275	lipoate biosynthesis and incorporation II	0,05%	0,03%	0,03%	0,01%	0,377654688
PWY-5041	<i>S</i>-adenosyl-L-methionine cycle II	0,07%	0,04%	0,07%	0,03%	0,381920901
PWY-7962	adenosylcobinamide-GDP biosynthesis from cobyrinate <i>a,c</i>-diamide	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,382028751
ANAGLYCOLYSIS-PWY	glycolysis III (from glucose)	0,55%	0,45%	0,21%	0,07%	0,382658143
PWY-7147	8-amino-7-oxononanoate biosynthesis II	0,08%	0,06%	0,05%	0,04%	0,383263103
PWY-7304	3-amino-4,7-dihydroxy-coumarin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,383710588
PWY0-162	superpathway of pyrimidine ribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis	0,59%	0,64%	0,10%	0,12%	0,38377381
PWY-8117	colibactin biosynthesis	0,00%	0,02%	0,00%	0,04%	0,384361109
PWY-6587	pyruvate fermentation to ethanol III	0,05%	0,03%	0,04%	0,03%	0,385625841
PWY-3901	berberine biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,38647747
PWY-7976	sulfur reduction III	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,38647747

PWY-5695	inosine 5'-phosphate degradation	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,386775671
PWY-7387	hypotaurine degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,388233547
PWY-8058	2-deoxy-D-ribose degradation II	0,04%	0,02%	0,04%	0,01%	0,389100391
PWY-6317	D-galactose degradation I (Leloir pathway)	0,10%	0,13%	0,07%	0,04%	0,389123214
FORMASS-PWY	formaldehyde oxidation IV (thiol-independent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,389688342
PWY-6967	methylamine degradation I	0,04%	0,02%	0,06%	0,02%	0,3898628
PWY-1701	methanol and methylamine oxidation to formaldehyde	0,04%	0,02%	0,06%	0,02%	0,3898628
PWY66-429	fatty acid biosynthesis initiation (mitochondria)	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,390802909
PWY-5727	atrazine degradation II	0,13%	0,17%	0,10%	0,09%	0,391022377
PANTOSYN-PWY	superpathway of coenzyme A biosynthesis I (bacteria)	0,11%	0,13%	0,04%	0,05%	0,393094857
PWY1-2	L-alanine degradation IV	0,03%	0,05%	0,03%	0,03%	0,393294073
PWY-4983	nitric oxide biosynthesis II (mammals)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,393339233
PWY-7050	icosapentaenoate biosynthesis IV (bacteria)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,395094945
PWY-5981	CDP-diacylglycerol biosynthesis III	0,08%	0,10%	0,05%	0,04%	0,396051203
PWY-7657	dTDP-β-L-digitoxose biosynthesis	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,396797888
PWY66-398	TCA cycle III (animals)	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,396797888
PWY-7970	benzimidazolyl adenosylcobamide biosynthesis from adenosylcobinamide-GDP	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,396797888
PWY-7981	α-dystroglycan glycosylation	0,13%	0,09%	0,14%	0,07%	0,399963084
PWY-3821	D-galactose detoxification	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,400746527
PWY-5148	acyl-CoA hydrolysis	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,400972036
PWY-7452	cyanidin dimalonylglucoside biosynthesis	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,402727538
FASYN-INITIAL-PWY	superpathway of fatty acid biosynthesis initiation (E. coli)	0,14%	0,17%	0,04%	0,06%	0,403636137
PWY-6073	alginate biosynthesis I (algal)	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,403979518
DARABCATK12-PWY	D-arabinose degradation I	0,16%	0,09%	0,17%	0,06%	0,40496583
PWY-5328	superpathway of L-methionine salvage and degradation	0,19%	0,12%	0,17%	0,05%	0,405865904
PWY-5170	melamine degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,406941536
PWY-7798	protein <i>S</i>-nitrosylation and denitrosylation	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,407938724
PWY-7126	ethene biosynthesis IV (engineered)	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,40875021
PWY-5488	4-nitrophenol degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,408923065
PWY-7885	phosphatidylinositol mannoside biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,408933117
PWY-7277	sphingolipid biosynthesis (mammals)	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,408993823
GLCMANNANAUT-PWY	superpathway of <i>N</i>-acetylglucosamine, <i>N</i>-acetylmannosamine and <i>N</i>-acetylglucosamine	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,409258312
PWY30-450	phosphatidylcholine biosynthesis I	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,411357421
PWY-6938	NADH repair (eukaryotes)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,411756705
PWY-7178	D-xylose degradation to ethylene glycol (engineered)	0,07%	0,05%	0,04%	0,03%	0,411936092
PWY-7467	2-acetamido-4-amino-2,4,6-trideoxy-α-D-galactosyl-diphospho-<i>trans</i>-octakis-<i>N</i>-acetylglucosamine	0,20%	0,15%	0,14%	0,07%	0,412307743
GLUAMCAT-PWY	<i>N</i>-acetylglucosamine degradation I	0,08%	0,07%	0,01%	0,03%	0,412755259
MANNIDEG-PWY	mannitol degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,413083012
DARABITOLUTIL-PWY	D-arabitol degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,413083012
PWY-6945	cholesterol degradation to androstenedione I (cholesterol oxidase)	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,413540261
PWY-7573	GDP-mycosamine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,414702231
PWY-5739	GDP-D-perosamine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,414702231
PWY-7900	glycogen biosynthesis III (from α-maltose 1-phosphate)	0,22%	0,17%	0,15%	0,07%	0,415939264
PWY-5675	nitrate reduction V (assimilatory)	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,416184229
PWY-7295	L-arabinose degradation IV	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,416184229
PWY-7294	D-xylose degradation IV	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,416184229

PWY-6760	D-xylose degradation III	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,416184229
CODH-PWY	reductive acetyl coenzyme A pathway I (homoacetogenic bacteria)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,416367517
PWY-7356	thiamine diphosphate salvage IV (yeast)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,416367517
PWY-5431	aromatic compounds degradation via β-ketoadipate	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,416367517
PWY-6957	mandelate degradation to acetyl-CoA	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,416367517
PWY-5417	catechol degradation III (ortho-cleavage pathway)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,416367517
PWY66-391	fatty acid β-oxidation VI (mammalian peroxisome)	0,12%	0,09%	0,11%	0,04%	0,417449902
P461-PWY	hexitol fermentation to lactate, formate, ethanol and acetate	0,43%	0,36%	0,17%	0,05%	0,417621179
PWY-7338	10-<i>trans</i>-heptadecenoyl-CoA degradation (reductase-dependent, yeast)	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,417727652
PWY-5838	superpathway of menaquinol-8 biosynthesis I	0,07%	0,05%	0,05%	0,04%	0,418101684
PWY-7346	UDP-α-D-glucuronate biosynthesis (from UDP-glucose)	0,00%	0,01%	0,01%	0,02%	0,420186625
PWY-5829	geraniol and geranial biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,02%	0,420186625
PWY-6887	kauralexin biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,02%	0,420186625
PWY-5028	L-histidine degradation II	0,06%	0,08%	0,05%	0,04%	0,420466169
HISDEG-PWY	L-histidine degradation I	0,06%	0,08%	0,05%	0,04%	0,420466169
SERSYN-PWY	L-serine biosynthesis I	0,05%	0,03%	0,05%	0,02%	0,420836872
PWY-6284	superpathway of unsaturated fatty acids biosynthesis (<i>E. coli</i>)	0,13%	0,17%	0,05%	0,11%	0,421281629
PWY-6700	queuosine biosynthesis I (<i>de novo</i>)	0,27%	0,21%	0,16%	0,06%	0,423114721
PWY-7517	brassicicene C biosynthesis	0,09%	0,08%	0,04%	0,03%	0,424099034
PWY-7268	NAD/NADP-NADH/NADPH cytosolic interconversion (yeast)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,426205651
PWYQT-4477	indole glucosinolate activation (intact plant cell)	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,426960996
PWY-6633	caffeine degradation V (bacteria, via trimethylurate)	0,01%	0,02%	0,02%	0,03%	0,427347285
PWY-6890	4-amino-2-methyl-5-diphosphomethylpyrimidine biosynthesis I	0,01%	0,02%	0,02%	0,03%	0,427347285
PWY-7183	pyrimidine nucleobases salvage I	0,02%	0,03%	0,02%	0,03%	0,427565095
NPGLUCAT-PWY	Entner-Doudoroff pathway II (non-phosphorylative)	0,02%	0,04%	0,03%	0,03%	0,429782682
PWY-5067	glycogen biosynthesis II (from UDP-D-Glucose)	0,01%	0,00%	0,03%	0,01%	0,429976037
PWY-7193	pyrimidine ribonucleosides salvage I	0,24%	0,22%	0,05%	0,06%	0,430614724
PWY-5470	palmitine biosynthesis	0,04%	0,03%	0,02%	0,02%	0,430763738
PWY-7097	vanillin and vanillate degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,431358592
PWY-7734	quinoxaline-2-carboxylate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,431358592
PWY-8051	anandamide biosynthesis I	0,22%	0,17%	0,14%	0,05%	0,433402178
PWY-3	putrescine degradation V	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,433563486
PWY66-378	androgen biosynthesis	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,433563486
PWY-7305	superpathway of steroid hormone biosynthesis	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,433563486
PWY-6057	dimethyl sulfide degradation III (oxidation)	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,434254468
PWY-7395	D-galactosamine and <i>N</i>-acetyl-D-galactosamine degradation	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,434254468
PWY-7437	protein <i>O</i>-[<i>N</i>-acetyl]-glucosylation	0,03%	0,02%	0,03%	0,02%	0,434675458
PWY-6389	pyruvate fermentation to (<i>S</i>)-acetoin	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,435046338
PWY0-1295	pyrimidine ribonucleosides degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,439749932
PWY-5374	punicate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,439749932
PWY-7967	5-methoxybenzimidazolyl adenosylcobamide biosynthesis from adenosylcobinamide-GDP	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,439749932
PWY-5375	α-eleostearate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,439749932
PWY-7975	adenosylcobalamin biosynthesis from adenosylcobinamide-GDP II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,439749932
PWY-8122	mycofactocin biosynthesis	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,439978816
P261-PWY	coenzyme M biosynthesis I	0,03%	0,02%	0,02%	0,02%	0,44123355
PWY-5084	2-oxoglutarate decarboxylation to succinyl-CoA	0,03%	0,04%	0,02%	0,04%	0,441534978

PWY-5005	biotin biosynthesis II	0,02%	0,03%	0,02%	0,02%	0,44438035
PWY-6574	achromobactin biosynthesis	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,444586922
PWY-6552	caffeine degradation I (main, plants)	0,02%	0,03%	0,02%	0,03%	0,449663415
PWY-5903	bacillibactin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,450004878
PWY-6572	chondroitin sulfate degradation I (bacterial)	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,450819917
PWY-881	trehalose biosynthesis II	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,451008898
TRPKYNCAT-PWY	L-tryptophan degradation IV (via indole-3-lactate)	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,452060864
PWY-6751	superpathway of hydrogen production	0,03%	0,04%	0,02%	0,03%	0,45242688
PWY-6763	salicortin biosynthesis	0,11%	0,15%	0,08%	0,09%	0,453874905
PWY-7831	ABH and Lewis epitopes biosynthesis from type 2 precursor disaccharide	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,455720444
PWY-3781	aerobic respiration I (cytochrome c)	0,05%	0,03%	0,05%	0,02%	0,455788519
PWY-6724	starch degradation II	0,03%	0,04%	0,03%	0,03%	0,457628575
P108-PWY	pyruvate fermentation to propanoate I	0,02%	0,03%	0,03%	0,02%	0,458586782
PWY-7616	methanol oxidation to carbon dioxide	0,03%	0,04%	0,02%	0,03%	0,459152409
PWY-7646	dermatan sulfate degradation I (bacterial)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,459457738
1CMET2-PWY	folate transformations III (<i>E. coli</i>)	0,05%	0,03%	0,06%	0,02%	0,45949096
PWY-7626	bacilysin biosynthesis	0,04%	0,03%	0,03%	0,02%	0,459518074
PWY-5027	phyloquinol biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,459955392
PWY-7054	<i>N</i>-acetylglutaminyglutamine amide biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,460074077
PWY-7539	6-hydroxymethyl-dihydropterin diphosphate biosynthesis III (Chlamydia)	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,460306058
PWY-5434	(3-<i>E</i>)-4,8-dimethylnona-1,3,7-triene biosynthesis I	0,09%	0,07%	0,09%	0,03%	0,46084581
PWY-7569	arginomycin biosynthesis	0,14%	0,12%	0,08%	0,05%	0,461954568
PWY0-1433	tetrahydromonapterin biosynthesis	0,02%	0,01%	0,02%	0,01%	0,462174318
PPGPPMET-PWY	ppGpp metabolism	0,19%	0,22%	0,05%	0,07%	0,462217295
PWY-7647	ulvan degradation	0,04%	0,02%	0,07%	0,03%	0,462532733
ORNARGDEG-PWY	superpathway of L-arginine and L-ornithine degradation	0,04%	0,02%	0,05%	0,02%	0,463863593
TYRSYN	L-tyrosine biosynthesis I	0,07%	0,05%	0,06%	0,04%	0,464643769
PWY-7205	CMP phosphorylation	0,06%	0,08%	0,05%	0,04%	0,465459274
ARGININE-SYN4-PWY	L-ornithine biosynthesis II	0,02%	0,03%	0,03%	0,02%	0,466195026
PWY-6154	autoinducer AI-2 biosynthesis II (<i>Vibrio</i>)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,466988003
PWY-6003	gramicidin S biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,466988003
PWY-5834	CDP-tyvelose biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,466988003
NAD-BIOSYNTHESIS-II	NAD salvage pathway III (to nicotinamide riboside)	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,468753813
PWY-5485	pyruvate fermentation to acetate IV	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,470558422
PWY-5115	GDP-L-galactose biosynthesis	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,471029231
ARGDEG-V-PWY	L-arginine degradation X (arginine monooxygenase pathway)	0,09%	0,08%	0,03%	0,03%	0,471668004
PWY0-522	lipoate salvage I	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,472681378
TREDEGLOW-PWY	trehalose degradation I (low osmolarity)	0,08%	0,06%	0,05%	0,03%	0,472697105
LACTOSECAT-PWY	lactose and galactose degradation I	0,02%	0,04%	0,03%	0,04%	0,4728719
PWY-6322	phosphinothricin tripeptide biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,473284608
PWY-7759	bacteriochlorophyll <i>c</i> biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,473469941
PWY-7046	4-coumarate degradation (anaerobic)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,473469941
PWY-5736	isopropylamine degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,473469941
PWY-5358	tetrathionate reduction I (to thiosulfate)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,473469941
ASPAASN-PWY	superpathway of L-aspartate and L-asparagine biosynthesis	0,28%	0,26%	0,07%	0,06%	0,474053618
PWY-7377	cob(II)yrinate <i>a,c</i>-diamide biosynthesis I (early cobalt insertion)	0,12%	0,15%	0,07%	0,05%	0,474985934

PWY-6616	sulfolactate degradation I	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,475710389
BETSYN-PWY	glycine betaine biosynthesis I (Gram-negative bacteria)	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,477242452
PWY-6996	daidzin and daidzein degradation	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,478133017
PWY-7813	thiosulfate disproportionation III (quinone)	0,00%	0,01%	0,00%	0,01%	0,478699371
HCAMHPDEG-PWY	3-phenylpropanoate and 3-(3-hydroxyphenyl)propanoate degradation to 2-hydroxypentadienoate	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,479501097
PWY-6690	cinnamate and 3-hydroxycinnamate degradation to 2-hydroxypentadienoate	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,479501097
ARGDEG-IV-PWY	L-arginine degradation VIII (arginine oxidase pathway)	0,08%	0,06%	0,01%	0,05%	0,480345451
PWY-4922	6-methoxymellein biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,480586826
SUCSYN-PWY	sucrose biosynthesis I (from photosynthesis)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,480586826
PWY-6758	hydrogen production II	0,02%	0,03%	0,02%	0,03%	0,480765473
PWY-6744	hydrogen production I	0,02%	0,03%	0,02%	0,03%	0,480765473
PWY-6466	pyridoxal 5'-phosphate biosynthesis II	0,02%	0,02%	0,01%	0,02%	0,481878499
PWYG-321	mycolate biosynthesis	0,05%	0,03%	0,07%	0,01%	0,481909307
PWY-7715	superpathway of trichothecene biosynthesis	0,11%	0,13%	0,04%	0,03%	0,482841779
ASPARAGINESYN-PWY	L-asparagine biosynthesis II	0,11%	0,13%	0,04%	0,03%	0,482841779
PWY18C3-5	α-tomatine degradation	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,483134228
PWY-6767	4,4'-diapolycopenedioate biosynthesis	0,02%	0,03%	0,02%	0,03%	0,484968863
PWY-6638	sulfolactate degradation III	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,485349112
P421-PWY	4-nitrotoluene degradation I	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,485438077
CHOLINE-BETAINE-ANA-PWY	choline degradation I	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,485438077
HOMOSERSYN-PWY	L-homoserine biosynthesis	0,20%	0,17%	0,08%	0,06%	0,486390205
PWY-5862	superpathway of demethylmenaquinol-9 biosynthesis	0,04%	0,03%	0,03%	0,03%	0,486649789
PWYQT-4450	aliphatic glucosinolate biosynthesis, side chain elongation cycle	0,03%	0,03%	0,04%	0,02%	0,48685223
GALACT-GLUCUROCAT-PWY	superpathway of hexuronide and hexuronate degradation	0,29%	0,33%	0,11%	0,12%	0,487043891
PWY-6445	fenchol biosynthesis II	0,11%	0,13%	0,08%	0,05%	0,487128615
PWY-7208	superpathway of pyrimidine nucleobases salvage	0,25%	0,29%	0,10%	0,10%	0,487228529
PWY0-1577	hydrogen to dimethyl sulfoxide electron transfer	0,03%	0,03%	0,02%	0,02%	0,488392244
PWY66-409	superpathway of purine nucleotide salvage	0,08%	0,06%	0,05%	0,03%	0,488397451
PWY-8026	sterol biosynthesis (methylotrophs)	0,15%	0,17%	0,05%	0,05%	0,488646608
PWYQT-4427	sulfoquinovosyl diacylglycerol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,48900379
PWY-7954	tabtoxinine-β-lactam biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,490723995
PWY-7167	choline degradation III	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,491328487
PWY-6944	androstenedione degradation	0,02%	0,03%	0,02%	0,03%	0,491398685
PWY-7317	superpathway of dTDP-glucose-derived O-antigen building blocks biosynthesis	0,06%	0,07%	0,03%	0,03%	0,49228703
PWY-6842	glutathione-mediated detoxification II	0,03%	0,01%	0,03%	0,01%	0,493434665
PWY-882	L-ascorbate biosynthesis I (L-galactose pathway)	0,04%	0,03%	0,04%	0,02%	0,49394587
PWY-7285	methylwyosine biosynthesis	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,494696326
PWY-6087	4-chlorocatechol degradation	0,02%	0,00%	0,03%	0,01%	0,494696326
GLUT-REDOX-PWY	glutathione-glutaredoxin redox reactions	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,495576024
PWY-8018	itaconate biosynthesis II	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,497639216
PWY-101	photosynthesis light reactions	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,497747772
PWY-7731	superpathway of photosynthetic hydrogen production	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,497747772
PWY-7274	D-cycloserine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,498043341
PWY-7867	coenzyme B/coenzyme M regeneration IV (H₂-dependent)	0,03%	0,02%	0,04%	0,02%	0,501746333
PWY-7814	dTDP-L-daunosamine biosynthesis	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,501888859
PWY-5347	superpathway of L-methionine biosynthesis (transsulfuration)	0,31%	0,34%	0,11%	0,08%	0,502786032

PWY-7210	pyrimidine deoxyribonucleotides biosynthesis from CTP	0,08%	0,09%	0,06%	0,03%	0,504559628
PWY-7644	heparin degradation	0,07%	0,09%	0,05%	0,06%	0,505377958
P124-PWY	Bifidobacterium shunt	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,507127852
PWY-6786	detoxification of reactive carbonyls in chloroplasts	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,507127852
PWY-5433	superpathway of lipoxygenase	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,507127852
BIOTIN-BIOSYNTHESIS-PWY	biotin biosynthesis I	0,09%	0,08%	0,02%	0,04%	0,50887218
PWY-6143	CMP-pseudamate biosynthesis	0,10%	0,08%	0,07%	0,04%	0,50890943
PWY-3121	linamarin degradation	0,08%	0,10%	0,06%	0,06%	0,509445552
MGLDLCTANA-PWY	methylglyoxal degradation VI	0,04%	0,03%	0,04%	0,01%	0,50978849
P122-PWY	heterolactic fermentation	0,10%	0,11%	0,04%	0,04%	0,510073998
PWY-6558	heparan sulfate biosynthesis (late stages)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,513144685
PWY-8130	5'-deoxyadenosine degradation I	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,51320276
PWY-8132	<i>S</i>-methyl-5-thio-<i>α</i>-D-ribose 1-phosphate degradation III	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,51320276
POLYAMINSYN3-PWY	superpathway of polyamine biosynthesis II	0,07%	0,09%	0,04%	0,04%	0,514165046
NAGLIPASYN-PWY	lipid IV_A biosynthesis (E. coli)	0,08%	0,06%	0,09%	0,03%	0,514543239
PWY-6163	chorismate biosynthesis from 3-dehydroquinate	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,516055178
PWY-6675	sulfur oxidation IV (intracellular sulfur)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,516202901
PWY0-1602	D-gulosides conversion to D-glucosides	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,517321351
PWY-7440	dTDP-<i>β</i>-L-4-<i>epi</i>-vancosamine biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,519627609
PWY-6728	methylaspartate cycle	0,19%	0,17%	0,08%	0,05%	0,520719783
PWY-7376	cob(II)yrinate <i>a,c</i>-diamide biosynthesis II (late cobalt incorporation)	0,06%	0,08%	0,07%	0,03%	0,524214728
PWY-5283	L-lysine degradation V	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,524709572
PWY-6349	CDP-archaeol biosynthesis	0,12%	0,08%	0,12%	0,04%	0,525334646
PWY-7621	autoinducer CAI-1 biosynthesis	0,12%	0,08%	0,12%	0,04%	0,525334646
PWY-5883	ephedrine biosynthesis	0,03%	0,04%	0,02%	0,03%	0,525868533
PWY-6455	vancomycin resistance II	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,525879368
PWY-5403	betaxanthin biosynthesis (via dopamine)	0,02%	0,01%	0,03%	0,02%	0,527206122
PWY-6462	peptidoglycan cross-bridge biosynthesis III (Enterococcus faecalis)	0,04%	0,05%	0,02%	0,04%	0,527289531
PWY-5196	factor 430 biosynthesis	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,527569195
PWY0-1306	L-galactonate degradation	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,528379167
PWY-7020	superpathway of butirocin biosynthesis	0,76%	0,81%	0,08%	0,15%	0,528865651
PWY-5668	cardiolipin biosynthesis I	0,06%	0,04%	0,05%	0,04%	0,529659744
HISHP-PWY	L-histidine degradation VI	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,529661964
PWY-4061	glutathione-mediated detoxification I	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,530425242
PWY-7974	cobalamin salvage (eukaryotic)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,530430973
PHOSLIPSYN-PWY	superpathway of phospholipid biosynthesis I (bacteria)	0,13%	0,12%	0,07%	0,04%	0,530551799
P401-PWY	cyanide degradation	0,24%	0,21%	0,06%	0,07%	0,530984212
PWY-8096	5-methoxybenzimidazole biosynthesis (anaerobic)	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,531295985
PWY-7585	docosaehaenoate biosynthesis II (bacteria)	0,06%	0,08%	0,03%	0,09%	0,53155212
PWY-7919	protein <i>N</i>-glycosylation processing phase (plants and animals)	0,03%	0,02%	0,03%	0,03%	0,532051999
PWY-7889	tRNA-uridine 2-thiolation (mammalian mitochondria)	0,06%	0,07%	0,05%	0,04%	0,532361412
PRPP-PWY	superpathway of histidine, purine, and pyrimidine biosynthesis	1,36%	1,42%	0,05%	0,21%	0,532634191
PWY-8045	cylindrospermopsin biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,533294197
PWY-2221	Entner-Doudoroff pathway III (semi-phosphorylative)	0,03%	0,04%	0,03%	0,03%	0,533427897
PWY-6610	adenine salvage	0,16%	0,13%	0,06%	0,08%	0,535264552
ETOH-ACETYLCOA-ANA-PWY	ethanol degradation I	0,07%	0,06%	0,05%	0,02%	0,535669069

PWY-7852	6-hydroxymethyl-dihydropterin diphosphate biosynthesis IV (Plasmodium)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7442	drosoplerin and aurodrosoplerin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7179-1	purine deoxyribonucleosides degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-8064	sodorifen biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6872	retinoate biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-1042	glycolysis IV (plant cytosol)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7726	(4Z,7Z,10Z,13Z,16Z)-docosapentaenoate biosynthesis (6-desaturase)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-2582	brassinosteroid biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-699	brassinosteroid biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6834	spermidine biosynthesis III	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6544	superpathway of C28 brassinosteroid biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5129	sphingolipid biosynthesis (plants)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
GLUDEG-I-PWY	GABA shunt	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6113	superpathway of mycolate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6008	baruol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5867	<i>t</i>-anethole biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
TOLSULFDEG-PWY	4-toluenesulfonate degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7289	L-cysteine biosynthesis V (mycobacteria)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5872	ubiquinol-10 biosynthesis (eukaryotic)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-8036	chaxamycin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7998	menaquinol-4 biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5083	NAD/NADH phosphorylation and dephosphorylation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5389	3-methylthiopropionate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-1881	formate oxidation to CO₂	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6420	pyrroloquinoline quinone biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5653	NAD biosynthesis from 2-amino-3-carboxymuconate semialdehyde	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-4302	aerobic respiration III (alternative oxidase pathway)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7624	nystatin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7251	pentacyclic triterpene biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6116	mannosylfructose biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7069	oleanolate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5692	allantoin degradation to glyoxylate II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
SPHINGOLIPID-SYN-PWY	sphingolipid biosynthesis (yeast)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY0-1264	biotin-carboxyl carrier protein assembly	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5279	sulfite oxidation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5349	esculetin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7693	guadinomine B biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7496	linuron degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7428	2-chloroacrylate degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7425	2-chloroacrylate degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5525	D-glucuronate degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7786	D-threitol degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
P561-PWY	proline betaine degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7851	coenzyme A biosynthesis II (eukaryotic)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6148	tetrahydromethanopterin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7159	3,8-divinyl-chlorophyllide <i>a</i> biosynthesis III (aerobic, light independent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567

PWY-7238	sucrose biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-741	<l>p</l>-cymene degradation to <l>p</l>-cumate	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6997	furfural degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-3801	sucrose degradation II (sucrose synthase)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-8110	L-dopa degradation II (bacterial)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5152	leucodelphinidin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5794	malonate degradation I (biotin-independent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6922	L-<i>N^{δ}</i>-acetylornithine biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7784	reductive acetyl coenzyme A pathway II (autotrophic methanogens)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6039	chlorogenic acid biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6475	<i>trans</i>-lycopene biosynthesis II (oxygenic phototrophs and green sulfur bacteria)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
HEMESYN2-PWY	heme <i>b</i> biosynthesis II (oxygen-independent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6054	dimethylsulfoniopropanoate biosynthesis I (Wollastonia)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7706	dapdiamides biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6174	mevalonate pathway II (haloarchaea)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
TYRFUMCAT-PWY	L-tyrosine degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5951	(<i>R,R</i>)-butanediol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6390	(<i>S,S</i>)-butanediol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6391	<i>meso</i>-butanediol biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6392	<i>meso</i>-butanediol biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5647	2-nitrobenzoate degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7828	cyclobis-(1→6)-α-nigerosyl degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7540	aflatrem biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5703	urea degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7391	isoprene biosynthesis II (engineered)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5163	<l>p</l>-cumate degradation to 2-hydroxypentadienoate	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5273	<i>p</i>-cumate degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6146	<i>Methanobacterium thermoautotrophicum</i> biosynthetic metabolism	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7710	FeMo cofactor biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6056	dimethylsulfoniopropanoate degradation II (cleavage)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5278	sulfite oxidation III	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7968	5-methylbenzimidazolyl adenosylcobamide biosynthesis from adenosylcobinamide-GDP	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7881	virginiae butanolide type γ-butyrolactones biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7938	isorenieratene biosynthesis I (actinobacteria)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-7497	3β-hydroxysesquiterpene lactone biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6920	6-gingerol analog biosynthesis (engineered)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-8104	yangonin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6374	vibriobactin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-8094	superpathway of kavalactone biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-1263	taurine degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY66-373	sucrose degradation V (sucrose α-glucosidase)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6837	fatty acid β-oxidation V (unsaturated, odd number, di-isomerase-dependent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5726	deethylsimazine degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6084	3,5-dichlorocatechol degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-5199	factor 420 polyglutamylatation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567
PWY-6210	2-aminophenol degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,536074567

PWY-2781	<i>cis</i>-zeatin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-8027	parkeol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-6138	CMP-<i>N</i>-acetylneuraminate biosynthesis I (eukaryotes)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-8008	staphyloferrin B biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
COA-PWY-1	superpathway of coenzyme A biosynthesis III (mammals)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-7441	polymyxin A biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PHESYN	L-phenylalanine biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-7469	gentisate degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
GLUTAMATE-SYN2-PWY	L-glutamate biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-842	starch degradation I	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-8001	felinine and 3-methyl-3-sulfanylbutan-1-ol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-8029	limonene degradation IV (anaerobic)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-7136	β myrcene degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-6933	seleno-amino acid detoxification and volatilization III	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-7154	ergosterol biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-7564	bacimethrin and bacimethrin pyrophosphate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-8112	factor 420 biosynthesis I (archaea)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY66-368	ketolysis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-6534	phenylethylamine degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-5329	L-cysteine degradation III	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-5394	betalamic acid biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-7788	erythritol degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-6418	4-hydroxycoumarin and dicoumarol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-7524	mevalonate pathway III (Thermoplasma)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-6642	(<i>R</i>)-cysteate degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-762	phospholipid desaturation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY-5956	sterigmatocystin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536074567
PWY1G-170	formaldehyde oxidation III (mycothiol-dependent)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,536090884
PWY-5861	superpathway of demethylmenaquinol-8 biosynthesis I	0,06%	0,05%	0,04%	0,03%	0,5388095
PWY0-501	lipoate biosynthesis and incorporation I	0,06%	0,05%	0,04%	0,02%	0,539273315
PWY0-1590	NADH to hydrogen peroxide electron transfer	0,07%	0,05%	0,05%	0,04%	0,540298922
PWY-7462	3,3'-disulfanediyldipropionate degradation	0,05%	0,03%	0,07%	0,03%	0,541321674
PWY-5968	cinnamate esters biosynthesis	0,04%	0,03%	0,03%	0,03%	0,541636382
PWY-5360	superpathway of tetrathionate reduction (<i>Salmonella typhimurium</i>)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,541701973
PWY-7197	pyrimidine deoxyribonucleotide phosphorylation	0,06%	0,07%	0,05%	0,04%	0,54289139
PWY-5344	L-homocysteine biosynthesis	0,11%	0,13%	0,07%	0,04%	0,544546332
PWY-7944	bacterioruberin biosynthesis	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,544980984
PWY-8089	D-apiose degradation I	0,03%	0,02%	0,03%	0,02%	0,54504419
P185-PWY	formaldehyde assimilation III (dihydroxyacetone cycle)	0,04%	0,03%	0,03%	0,03%	0,546134334
PWY-5372	carbon tetrachloride degradation II	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,546456247
PWY-7335	UDP-<i>N</i>-acetyl-α-D-mannosaminouronate biosynthesis	0,09%	0,07%	0,04%	0,05%	0,547553271
BGALACT-PWY	lactose degradation III	0,21%	0,23%	0,06%	0,09%	0,547915651
PWY-4361	<i>S</i>-methyl-5-thio-α-D-ribose 1-phosphate degradation I	0,03%	0,04%	0,02%	0,04%	0,549733903
PWY0-1315	L-lactaldehyde degradation (anaerobic)	0,06%	0,05%	0,03%	0,04%	0,54976511
PWY-5088	L-glutamate degradation VIII (to propanoate)	0,33%	0,35%	0,09%	0,06%	0,550138263
PWY0-1545	cardiolipin biosynthesis III	0,01%	0,00%	0,02%	0,01%	0,550235522

PWY-6886	1-butanol autotrophic biosynthesis (engineered)	0,29%	0,26%	0,08%	0,08%	0,550379981
PWY-6613	tetrahydrofolate salvage from 5,10-methenyltetrahydrofolate	0,16%	0,13%	0,13%	0,06%	0,55085489
PWY-7456	β- (1,4)-mannan degradation	0,18%	0,14%	0,14%	0,07%	0,551298726
PWY-7886	cell-surface glycoconjugate-linked phosphocholine biosynthesis	0,03%	0,04%	0,03%	0,02%	0,551738313
PWY-6949	DIBOA-glucoside biosynthesis	0,03%	0,02%	0,03%	0,03%	0,552057703
KDO-LIPASYN-PWY	(Kdo) ₂ -lipid A biosynthesis I (E. coli)	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,552178527
PWY-6153	autoinducer AI-2 biosynthesis I	0,05%	0,04%	0,04%	0,04%	0,552377986
PWY-5155	β-alanine biosynthesis III	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,552629941
PWY-6938-1	NADH repair (prokaryotes)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,55263503
PWY-8136	NADPH repair (prokaryotes)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,55263503
PWY-7024	superpathway of the 3-hydroxypropanoate cycle	0,16%	0,19%	0,11%	0,06%	0,554093292
PWY0-381	glycerol and glycerophosphodiester degradation	0,08%	0,09%	0,02%	0,04%	0,554793549
PWY-8106	queuosine biosynthesis III (queuosine salvage)	0,25%	0,20%	0,15%	0,06%	0,555239712
PWY-7667	apicidin biosynthesis	0,02%	0,01%	0,02%	0,01%	0,555439631
PWY-7226	guanosine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis I	0,10%	0,12%	0,08%	0,04%	0,55711981
PWY-7674	CMP-8-amino-3,8-dideoxy-D- <i>l</i> -manno-octulosonate biosynthesis	0,07%	0,08%	0,01%	0,04%	0,557903146
PWY-6657	polyhydroxydecanoate biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,557956516
PWY-6422	D-arginine degradation	0,07%	0,05%	0,05%	0,03%	0,559413003
PWY-4985	mimosine biosynthesis	0,11%	0,12%	0,04%	0,05%	0,559700669
PWY-6024	isovitexin glycosides biosynthesis	0,06%	0,07%	0,02%	0,04%	0,560217162
PWY-6307	L-tryptophan degradation X (mammalian, via tryptamine)	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,561765564
DENOVOPURINE2-PWY	superpathway of purine nucleotides <i>de novo</i> biosynthesis II	0,66%	0,70%	0,07%	0,16%	0,562123136
PWY-5147	oleate biosynthesis I (plants)	0,01%	0,02%	0,01%	0,02%	0,563376156
PWY-2622	trehalose biosynthesis IV	0,02%	0,01%	0,03%	0,02%	0,564404525
PWY-7007	methyl ketone biosynthesis (engineered)	0,01%	0,00%	0,02%	0,00%	0,56660421
PWY-5386	methylglyoxal degradation I	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,567901378
PWY0-1477	ethanolamine utilization	0,29%	0,27%	0,03%	0,11%	0,568214163
PWY-6545	pyrimidine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis III	0,16%	0,14%	0,09%	0,06%	0,568242123
PWY-7842	UDP-yelosamine biosynthesis	0,03%	0,02%	0,04%	0,02%	0,568470593
PWY-7620	naphthalene degradation (anaerobic)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,570074656
PWY-7446	sulfoquinovose degradation I	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,570534682
PWY-5100	pyruvate fermentation to acetate and lactate II	0,21%	0,23%	0,08%	0,08%	0,572218236
PWY-7354	aclacinomycin biosynthesis	0,08%	0,09%	0,02%	0,04%	0,57355837
PWY-7286	7-(3-amino-3-carboxypropyl)-wyosine biosynthesis	0,16%	0,18%	0,11%	0,06%	0,574173163
DETOX1-PWY	superoxide radicals degradation	0,01%	0,02%	0,01%	0,01%	0,574975073
PWY-7775	propane degradation II	0,03%	0,04%	0,03%	0,02%	0,575234104
PWY-6627	salinosporamide A biosynthesis	0,02%	0,01%	0,04%	0,02%	0,575393764
PWY0-881	superpathway of fatty acid biosynthesis I (E. coli)	0,23%	0,26%	0,07%	0,12%	0,577849724
P142-PWY	pyruvate fermentation to acetate I	0,19%	0,21%	0,07%	0,07%	0,578992026
PWY-7184	pyrimidine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis I	0,19%	0,22%	0,12%	0,06%	0,580228477
P4-PWY	superpathway of L-lysine, L-threonine and L-methionine biosynthesis I	0,46%	0,49%	0,10%	0,09%	0,580497156
PWY-5480	pyruvate fermentation to ethanol I	0,20%	0,23%	0,10%	0,09%	0,580619035
PWY-5744	glyoxylate assimilation	0,05%	0,06%	0,03%	0,03%	0,580845097
P181-PWY	nicotine degradation I (pyridine pathway)	0,04%	0,05%	0,04%	0,04%	0,581456964
PWY-3001	superpathway of L-isoleucine biosynthesis I	0,53%	0,49%	0,16%	0,11%	0,582814368
PWY-6620	guanine and guanosine salvage	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,584162793

PWY-7325	salvigenin biosynthesis	0,04%	0,04%	0,02%	0,03%	0,584575621
PWY-6305	superpathway of putrescine biosynthesis	0,02%	0,03%	0,03%	0,03%	0,585837493
PWY-5641	2-nitrotoluene degradation	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,586643534
PWY-5642	2,4-dinitrotoluene degradation	0,28%	0,25%	0,12%	0,04%	0,587290287
HYDROXYPRODEG-PWY	<i>trans</i>-4-hydroxy-L-proline degradation I	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,588587905
PWY-7874	L-threonate degradation	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,589153465
PWY-7018	paromomycin biosynthesis	0,05%	0,04%	0,07%	0,03%	0,59053795
PWY-5705	allantoin degradation to glyoxylate III	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,590988845
THRESYN-PWY	superpathway of L-threonine biosynthesis	0,20%	0,22%	0,08%	0,09%	0,591004015
PWY-5529	superpathway of bacteriochlorophyll <i>a</i> biosynthesis	0,05%	0,04%	0,04%	0,03%	0,592664221
PWY-6797	6-hydroxymethyl-dihydropterin diphosphate biosynthesis II (<i>Methanocaldococcus</i>)	0,15%	0,13%	0,06%	0,05%	0,592680696
PWY-6243	bergamotene biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,593953699
PWY-5893	tridecaprenyl diphosphate biosynthesis	0,06%	0,06%	0,02%	0,03%	0,594172227
PWY-6661	4-hydroxy-2(1<i>H</i>)-quinolone biosynthesis	0,06%	0,06%	0,02%	0,03%	0,594172227
PWY-6901	superpathway of glucose and xylose degradation	0,07%	0,06%	0,06%	0,03%	0,594387156
PWY-7090	UDP-2,3-diacetamido-2,3-dideoxy-α-D-mannuronate biosynthesis	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,594690226
PWY-6118	glycerol-3-phosphate shuttle	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,596001834
PWY-8013	UDP-<i>N</i>-acetyl-D-galactosamine biosynthesis III	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,596406919
PWY-361	phenylpropanoid biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,596406919
PWY66-162	ethanol degradation IV	0,05%	0,04%	0,04%	0,02%	0,597508481
PWY-5747	2-methylcitrate cycle II	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,59768432
PWY-7971	adenosylcobinamide-GDP salvage from cobinamide I	0,07%	0,08%	0,01%	0,04%	0,598627861
GLUCARGALACTSUPER-PWY	superpathway of D-glucarate and D-galactarate degradation	0,05%	0,06%	0,04%	0,03%	0,599638551
PWY-6873	long chain fatty acid ester synthesis (engineered)	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,600086098
LACTOSEUTIL-PWY	lactose degradation II	0,02%	0,03%	0,03%	0,02%	0,603567548
PWY-7396	butanol and isobutanol biosynthesis (engineered)	0,02%	0,03%	0,03%	0,02%	0,604415091
PWY-6998	CDP-D-arabitol biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,605268888
PWY-6707	gallate biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,606603867
PWY-6308	L-cysteine biosynthesis II (tRNA-dependent)	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,609157157
PENTOSE-P-PWY	pentose phosphate pathway	0,18%	0,17%	0,07%	0,04%	0,609923564
PWY-7698	2,5-xlenol and 3,5-xlenol degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,610237531
PWY-6753	<i>S</i>-methyl-5'-thioadenosine degradation III	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,61097896
PWY-7182	linalool biosynthesis I	0,09%	0,11%	0,07%	0,05%	0,61264604
PWY-8125	mevalonate pathway IV (archaea)	0,06%	0,07%	0,03%	0,04%	0,613245603
PWY-5062	superpathway of nicotinate degradation	0,07%	0,08%	0,04%	0,05%	0,615656422
PWY-5481	pyruvate fermentation to (<i>S</i>)-lactate	0,02%	0,03%	0,02%	0,02%	0,616139018
PWY-8139	CDP-6-deoxy-D-gulose biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,617176082
MANNCAT-PWY	D-mannose degradation	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,617322504
PWY-5971	palmitate biosynthesis II (bacteria and plant cytoplasm)	0,16%	0,18%	0,04%	0,11%	0,619148595
PWY-5697	allantoin degradation to ureidoglycolate I (urea producing)	0,04%	0,06%	0,03%	0,07%	0,619449945
PWY-5665	vanillin biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,620690275
PWY-6192	3,4-dichlorotoluene degradation	0,09%	0,10%	0,05%	0,06%	0,621161998
PWY490-3	nitrate reduction VI (assimilatory)	0,03%	0,04%	0,03%	0,04%	0,621235669
PWY-7935	spongiadioxin C biosynthesis	0,15%	0,17%	0,07%	0,06%	0,62200985
PWY-6863	pyruvate fermentation to hexanol (engineered)	0,12%	0,15%	0,08%	0,09%	0,622043642
PWY-7194	pyrimidine nucleobases salvage II	0,03%	0,03%	0,03%	0,03%	0,62363899

PWY-8101	arsenate detoxification III (thioredoxin)	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,623964816
PWY-2661	trehalose biosynthesis V	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,625383025
PWY-7931	brominated pyrroles biosynthesis	0,05%	0,04%	0,03%	0,03%	0,626663882
PWY0-1479	tRNA processing	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,629389071
PWY-5181	toluene degradation III (aerobic) (via <i>p</i> -cresol)	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,629389071
PWY-7703	2,4-xylene degradation to protocatechuate	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,629389071
PWY-7700	4-methylphenol degradation to protocatechuate	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,629389071
PWY66-161	ethanol degradation III	0,08%	0,07%	0,06%	0,04%	0,629575939
PWY-7432	L-phenylalanine biosynthesis III (cytosolic, plants)	0,02%	0,01%	0,04%	0,02%	0,63034825
PWY-6268	adenosylcobalamin salvage from cobalamin	0,03%	0,03%	0,02%	0,02%	0,634920035
GLUCARDEG-PWY	<i>D</i> -glucarate degradation I	0,05%	0,05%	0,04%	0,03%	0,635009358
PWY-5918	superpathway of heme <i>b</i> biosynthesis from glutamate	0,14%	0,12%	0,04%	0,05%	0,636978857
PWY-8121	2-deoxy-D-glucose 6-phosphate degradation	0,13%	0,10%	0,12%	0,04%	0,637479363
PWY-7248	pectin degradation II	0,08%	0,09%	0,05%	0,04%	0,637496385
PWY-8099	tetrahydropteridine recycling	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,638966749
PWY-7397	naringenin biosynthesis (engineered)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,638966749
PWY-6451	3-carene biosynthesis	0,12%	0,10%	0,05%	0,04%	0,639118134
PWY-5830	CDP-ascarylose biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,640478325
PWY0-1471	uracil degradation III	0,02%	0,02%	0,02%	0,01%	0,643104592
PWY-7270	L-methionine salvage cycle II (plants)	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,644029179
PWY-5408	9-lipoxygenase and 9-hydroperoxide lyase pathway	0,02%	0,02%	0,02%	0,03%	0,645919427
PWY-5076	L-leucine degradation III	0,02%	0,02%	0,02%	0,03%	0,645919427
PWY-5078	L-isoleucine degradation II	0,02%	0,02%	0,02%	0,03%	0,645919427
PWY-5839	menaquinol-7 biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,646117812
PWY-5852	demethylmenaquinol-8 biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,646117812
PWY-7055	daphnetin modification	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,646554778
PWY-7290	<i>Escherichia coli</i> serotype O86 <i>O</i> -antigen biosynthesis	0,03%	0,03%	0,03%	0,02%	0,646561573
PWY-6408	pyochelin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,646701928
PWY-6385	peptidoglycan biosynthesis III (mycobacteria)	0,33%	0,34%	0,09%	0,05%	0,647384174
ETHYL-PWY	ethene biosynthesis I (plants)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,647990963
PWY-6032	digitoxigenin biosynthesis	0,02%	0,01%	0,03%	0,02%	0,65026897
PWY-7040	violacein biosynthesis	0,02%	0,01%	0,03%	0,02%	0,65026897
PWY-2161	folate polyglutamylation	0,10%	0,11%	0,06%	0,05%	0,650740877
ARO-PWY	chorismate biosynthesis I	0,14%	0,13%	0,04%	0,05%	0,650932745
PWY-5915	phycoerythrobilin biosynthesis I	0,07%	0,06%	0,05%	0,03%	0,651824536
PWY-5287	sanguinarine and macarpine biosynthesis	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,654689569
PWY0-1303	aminopropylcadaverine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,654892552
N2FIX-PWY	nitrogen fixation I (ferredoxin)	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,656400494
GLYCOGENSYNTH-PWY	glycogen biosynthesis I (from ADP-D-Glucose)	0,05%	0,06%	0,03%	0,03%	0,659299277
PWY-7195	pyrimidine ribonucleosides salvage III	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,659413218
PWY0-1309	chitobiose degradation	0,11%	0,10%	0,06%	0,03%	0,661343007
PWY-7574	propanoyl-CoA degradation II	0,13%	0,15%	0,06%	0,07%	0,661545321
PWY-3641	L-carnitine degradation III	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,66206787
PWY-6516	superpathway of microbial D-galacturonate and D-glucuronate degradation	0,42%	0,46%	0,13%	0,15%	0,662170804
PWY-6132	lanosterol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,66250523
PWY-6698	oxalate degradation V	0,33%	0,34%	0,09%	0,06%	0,662742722

PWY-8044	cyclohexane-1-carboxyl-CoA biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,662809641
METHFORM-PWY	methyl-coenzyme M reduction to methane	0,01%	0,00%	0,01%	0,00%	0,664553743
P141-PWY	atrazine degradation I (aerobic)	0,02%	0,03%	0,03%	0,03%	0,665317067
PWY-7572	lolitrem B biosynthesis	0,10%	0,11%	0,08%	0,06%	0,668320067
PWY-7721	methyl phomopsenoate biosynthesis	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,671795691
PWY-6293	superpathway of L-cysteine biosynthesis (fungi)	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,671795691
PWY-7686	L-malate degradation II	0,17%	0,18%	0,04%	0,06%	0,672236489
PWY0-321	phenylacetate degradation I (aerobic)	0,08%	0,07%	0,07%	0,04%	0,672853783
P121-PWY	adenine and adenosine salvage I	0,09%	0,11%	0,09%	0,06%	0,673070449
GLNSYN-PWY	L-glutamine biosynthesis I	0,03%	0,04%	0,03%	0,04%	0,673954049
PWY-6964	ammonia assimilation cycle II	0,03%	0,04%	0,03%	0,04%	0,673954049
PWY18C3-18	labdenediol and sclareol biosynthesis	0,10%	0,09%	0,04%	0,04%	0,675133673
PWY-5526	bacteriochlorophyll <i>a</i> biosynthesis	0,08%	0,08%	0,04%	0,03%	0,676983279
PWY-6817	λ -carrageenan degradation	0,05%	0,04%	0,06%	0,02%	0,677006974
PWY66-430	myristate biosynthesis (mitochondria)	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,677233441
PWY66-3	cholesterol biosynthesis II (via 24,25-dihydrolanosterol)	0,00%	0,01%	0,01%	0,02%	0,678713522
PWY-2722	trehalose degradation IV	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,680284861
PWY-2721	trehalose degradation III	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,680284861
PWY-7196	superpathway of pyrimidine ribonucleosides salvage	0,32%	0,35%	0,14%	0,13%	0,680361118
SUCUTIL-PWY	sucrose degradation I (sucrose phosphotransferase)	0,03%	0,02%	0,03%	0,03%	0,68093878
SAM-PWY	S-adenosyl-L-methionine biosynthesis	0,15%	0,13%	0,10%	0,03%	0,682970745
TEICHOICACID-PWY	poly(glycerol phosphate) wall teichoic acid biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,684294863
PWY-8055	palmitoyl ethanolamide biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,684294863
PWY-7250	[2Fe-2S] iron-sulfur cluster biosynthesis	0,14%	0,16%	0,10%	0,06%	0,686052394
PWY-5110	trigonelline biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,00%	0,68706486
PWY0-1277	3-phenylpropanoate and 3-(3-hydroxyphenyl)propanoate degradation	0,01%	0,01%	0,03%	0,01%	0,688857567
PWY-5509	adenosylcobalamin biosynthesis from adenosylcobinamide-GDP I	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,690081559
PWY-6000	γ -linolenate biosynthesis II (animals)	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,690081559
PWY-5972	stearate biosynthesis I (animals)	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,690081559
PWY-7592	arachidonate biosynthesis III (6-desaturase, mammals)	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,690081559
PWY-6478	GDP-D- <i>glycero</i> - α -D- <i>manno</i> -heptose biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,690912921
PWY-6672	<i>cis</i> -genanyl-CoA degradation	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,690942495
PWY-7212	baicalein metabolism	0,19%	0,18%	0,08%	0,04%	0,691526007
PWY-1121	suberin monomers biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,692536576
PWY-7527	L-methionine salvage cycle III	0,18%	0,16%	0,11%	0,03%	0,696980719
PWY-8014	L-phenylalanine degradation VI (Stickland reaction)	0,07%	0,08%	0,01%	0,03%	0,697210501
PWY-8016	L-tyrosine degradation V (Stickland reaction)	0,07%	0,08%	0,01%	0,03%	0,697210501
PWY-8017	L-tryptophan degradation XIII (Stickland reaction)	0,07%	0,08%	0,01%	0,03%	0,697210501
PWY-5659	GDP-mannose biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,698465673
PWY-6718	sulfoacetaldehyde degradation III	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,69912034
PWY-6104	3-chlorotoluene degradation II	0,70%	0,72%	0,10%	0,11%	0,699939968
PWY-I9	L-cysteine biosynthesis VI (from L-methionine)	0,21%	0,20%	0,09%	0,07%	0,700067031
PWY-5669	phosphatidylserine and phosphatidylethanolamine biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,703987136
P203-PWY	sulfur disproportionation I (anaerobic)	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,704384288
PWY-5629	isopenicillin N biosynthesis	0,02%	0,01%	0,04%	0,02%	0,704584202
PWY-7821	tunicamycin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,706177835

PWY-5400	amaranthin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,708204796
PWY-5640	nitrobenzene degradation II	0,04%	0,04%	0,03%	0,03%	0,70885731
PWY-7071	steviol glucoside biosynthesis (rebaudioside A biosynthesis)	0,12%	0,13%	0,08%	0,05%	0,708898265
PWY-7862	D-altritol and galactitol degradation	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,709232668
PWY-7770	indolmycin biosynthesis	0,07%	0,06%	0,06%	0,04%	0,713012335
PWY-7345	superpathway of anaerobic sucrose degradation	0,02%	0,01%	0,02%	0,02%	0,713086111
P381-PWY	adenosylcobalamin biosynthesis II (aerobic)	0,16%	0,18%	0,10%	0,05%	0,714140586
PWY-7581	<i>N</i>-acetylneuraminate and <i>N</i>-acetylmannosamine degradation II	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,714318302
GLYSYN-THR-PWY	glycine biosynthesis IV	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,714771692
PWY-5785	di-<i>trans</i>-poly-<i>cis</i>-undecaprenyl phosphate biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,716558782
PWY-7198	pyrimidine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis IV	0,06%	0,06%	0,04%	0,02%	0,717614847
PWY-7371	1,4-dihydroxy-6-naphthoate biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,723462747
PWY-7373	superpathway of demethylmenaquinol-6 biosynthesis II	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,723462747
PWY-7992	superpathway of menaquinol-8 biosynthesis III	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,723462747
PWY-5926	afrormosin conjugates interconversion	0,02%	0,02%	0,02%	0,01%	0,725406798
PWY-7742	phenolphthiocerol biosynthesis	0,02%	0,02%	0,02%	0,01%	0,725406798
PWY-1186	L-homomethionine biosynthesis	0,04%	0,04%	0,04%	0,02%	0,72576659
GALACTITOLCAT-PWY	galactitol degradation	0,13%	0,12%	0,06%	0,05%	0,726546985
PWY-5796	malonate decarboxylase activation	0,05%	0,06%	0,03%	0,04%	0,7275636
PWY-6883	pyruvate fermentation to butanol II (engineered)	0,11%	0,13%	0,07%	0,08%	0,730703376
PWY-7093	vicianin bioactivation	0,02%	0,02%	0,02%	0,03%	0,730995566
PWY-7847	heme degradation VI	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,732601858
GLYCOL-GLYOXDEG-PWY	superpathway of glycol metabolism and degradation	0,35%	0,34%	0,09%	0,06%	0,734764174
PWY-7755	iso-bile acids biosynthesis I	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,735223489
PWY-6630	superpathway of L-tyrosine biosynthesis	0,16%	0,15%	0,02%	0,04%	0,735356377
GLUCUROCAT-PWY	superpathway of β-D-glucuronosides degradation	0,23%	0,25%	0,10%	0,09%	0,737734503
PWY-5943	β-carotene biosynthesis	0,10%	0,11%	0,06%	0,04%	0,739076854
PWY-5107	phytol salvage pathway	0,11%	0,12%	0,05%	0,04%	0,741591685
PWY-7745	p-HBAD biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,743863603
PWY-7743	dimycocerosyl triglycosyl phenolphthiocerol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,743863603
PWY-6634	3-sulfopropanediol degradation	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,745497428
REDCITCYC	TCA cycle VI (Helicobacter)	0,05%	0,04%	0,04%	0,02%	0,745760331
TRNA-CHARGING-PWY	tRNA charging	1,84%	1,89%	0,39%	0,28%	0,745972136
PWY-7610	GDP-6-deoxy-D-<i>altro</i>-heptose biosynthesis	0,10%	0,12%	0,08%	0,06%	0,747713899
PWY-5482	pyruvate fermentation to acetate II	0,21%	0,22%	0,07%	0,07%	0,74862459
PWY-8020	D-xylose degradation V	0,06%	0,06%	0,04%	0,03%	0,751006504
PWY-6459	peptidoglycan cross-bridge biosynthesis I (S. aureus)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,751084542
PWY-5364	sulfur reduction II (via polysulfide)	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,75160739
PWY0-662	PRPP biosynthesis	0,06%	0,05%	0,03%	0,03%	0,75228824
GLYCOLATEMET-PWY	glycolate and glyoxylate degradation I	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,753285245
PWY-5704	urea degradation II	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,753926501
PWY-8038	naphthomycin biosynthesis	0,07%	0,06%	0,06%	0,05%	0,755518316
PWY-7409	phospholipid remodeling (phosphatidylethanolamine, yeast)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,756152018
KETOGLUCONMET-PWY	ketogluconate metabolism	0,03%	0,02%	0,03%	0,02%	0,757768605
PWY0-1312	acetate and ATP formation from acetyl-CoA I	0,19%	0,20%	0,07%	0,07%	0,760417209
PWY-6623	salicylate glucosides biosynthesis II	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,760458022

TRESYN-PWY	trehalose biosynthesis I	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,761264487
PWY-7791	UMP biosynthesis III	0,42%	0,45%	0,09%	0,17%	0,762892434
PWY-5686	UMP biosynthesis I	0,35%	0,37%	0,18%	0,09%	0,763215091
PWY-5863	superpathway of phyloquinol biosynthesis	0,05%	0,05%	0,03%	0,03%	0,763773546
PWY-5960	aflatoxins B ₂ and G ₂ biosynthesis	0,10%	0,09%	0,07%	0,05%	0,764689043
GALACTCAT-PWY	D-galactonate degradation	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,766192137
PWY-6126	superpathway of adenosine nucleotides <i>de novo</i> biosynthesis II	0,22%	0,24%	0,09%	0,06%	0,766397531
PWY-7380	biotin biosynthesis from 8-amino-7-oxononanoate II	0,03%	0,03%	0,03%	0,02%	0,766441296
P562-PWY	<i>myo</i> -inositol degradation I	0,04%	0,04%	0,03%	0,03%	0,767054447
PWY-7237	<i>myo</i> -, <i>chiro</i> - and <i>scyllo</i> -inositol degradation	0,04%	0,04%	0,03%	0,03%	0,767054447
SULFATE-CYS-PWY	superpathway of sulfate assimilation and cysteine biosynthesis	0,23%	0,22%	0,08%	0,06%	0,768634971
GLUTSYNIII-PWY	L-glutamate biosynthesis III	0,14%	0,14%	0,02%	0,04%	0,76901988
PWY-5443	aminopropanol phosphate biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,769566362
PWY-7220	adenosine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis II	0,11%	0,10%	0,08%	0,05%	0,769597856
P41-PWY	pyruvate fermentation to acetate and (<i>S</i>)-lactate I	0,22%	0,23%	0,07%	0,07%	0,769825337
PWY-6643	coenzyme M biosynthesis II	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,770457468
PWY-8056	anandamide lipoygenation	0,31%	0,32%	0,06%	0,06%	0,771199603
PWY-7242	D-fructuronate degradation	0,12%	0,13%	0,07%	0,08%	0,772524113
PWY-5297	siroheme amide biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,00%	0,773649661
PWY-6282	palmitoleate biosynthesis I (from (5Z)-dodec-5-enoate)	0,10%	0,11%	0,04%	0,08%	0,777483235
PHOTOALL-PWY	oxygenic photosynthesis	0,16%	0,15%	0,10%	0,05%	0,780178642
PWY-7911	6'-dechloromelleolide F biosynthesis	0,18%	0,17%	0,07%	0,06%	0,78187513
PWY-7910	homofuraneol biosynthesis	0,06%	0,06%	0,04%	0,02%	0,782245249
PWY66-374	C20 prostanoid biosynthesis	0,06%	0,06%	0,04%	0,02%	0,782245249
PWY-5507	adenosylcobalamin biosynthesis I (anaerobic)	0,36%	0,38%	0,14%	0,10%	0,782551673
PWY-821	superpathway of sulfur amino acid biosynthesis (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>)	0,07%	0,06%	0,05%	0,02%	0,783240816
PYRIDNUCSYN-PWY	NAD <i>de novo</i> biosynthesis I (from aspartate)	0,10%	0,11%	0,09%	0,04%	0,783982915
PWY-6609	adenine and adenosine salvage III	0,31%	0,32%	0,10%	0,10%	0,785908891
PWY-6703	preQ ₀ biosynthesis	0,03%	0,03%	0,02%	0,01%	0,786799913
THISYNARA-PWY	superpathway of thiamine diphosphate biosynthesis III (eukaryotes)	0,04%	0,03%	0,03%	0,03%	0,789414559
P183-PWY	catechol degradation to 2-hydroxypentadienoate I	0,06%	0,06%	0,06%	0,05%	0,789899458
PWY-5415	catechol degradation I (<i>meta</i> -cleavage pathway)	0,06%	0,06%	0,06%	0,05%	0,789899458
PWY-7790	UMP biosynthesis II	0,13%	0,14%	0,11%	0,06%	0,791277546
PWY-5738	GDP-6-deoxy-D-talose biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,794312707
PWY-6275	β -caryophyllene biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,794312707
PWY-1	lathyrine biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,796462429
HOMOSER-THRESYN-PWY	L-threonine biosynthesis	0,04%	0,04%	0,02%	0,04%	0,797588804
PWY-6405	Rapoport-Luebering glycolytic shunt	0,01%	0,00%	0,01%	0,01%	0,797837207
NADSYN-PWY	NAD <i>de novo</i> biosynthesis II (from tryptophan)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,79802117
PWY-7727	docosahexaenoate biosynthesis IV (4-desaturase, mammals)	0,12%	0,13%	0,05%	0,07%	0,798044018
PWY-7328	superpathway of UDP-glucose-derived O-antigen building blocks biosynthesis	0,20%	0,19%	0,05%	0,08%	0,798335589
PWY-6543	4-aminobenzoate biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,799478637
PWY-6612	superpathway of tetrahydrofolate biosynthesis	0,08%	0,07%	0,07%	0,03%	0,8000018
PWY0-862	(5Z)-dodecenoate biosynthesis I	0,10%	0,11%	0,04%	0,08%	0,800779192
PWY-5636	2-nitrophenol degradation	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,801766762
PWY-6530	perchlorate reduction	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,802137657

P162-PWY	L-glutamate degradation V (via hydroxyglutarate)	0,33%	0,34%	0,05%	0,06%	0,802592911
PWY-6759	hydrogen production III	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,802665861
PWY-6502	8-oxo-(d)GTP detoxification I	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,803418918
PWY-7330	UDP-<i>N</i>-acetyl-β-L-fucosamine biosynthesis	0,05%	0,05%	0,02%	0,04%	0,804476789
ARGASEDEG-PWY	L-arginine degradation I (arginase pathway)	0,01%	0,02%	0,02%	0,02%	0,804631971
PWY-6122	5-aminoimidazole ribonucleotide biosynthesis II	0,03%	0,03%	0,03%	0,02%	0,80500253
PWY-6955	lincomycin A biosynthesis	0,02%	0,02%	0,03%	0,03%	0,80558526
PWY-7382	lipoate biosynthesis and incorporation IV (yeast)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,806782733
PWY-7769	phosalacine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,807093195
PWY0-1305	L-glutamate degradation IX (via 4-aminobutanoate)	0,02%	0,01%	0,02%	0,02%	0,807813652
PWY0-1517	sedoheptulose bisphosphate bypass	0,16%	0,16%	0,08%	0,04%	0,808031426
PWY-5698	allantoin degradation to ureidoglycolate II (ammonia producing)	0,03%	0,03%	0,02%	0,02%	0,808597937
PWY-7033	alkane biosynthesis II	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,811219356
PWY-6051	2,4,6-trinitrotoluene degradation	0,09%	0,10%	0,06%	0,05%	0,812879282
PWY-5453	methylglyoxal degradation III	0,12%	0,11%	0,06%	0,06%	0,812907489
PWY-5840	superpathway of menaquinol-7 biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,813943351
PWY66-5	superpathway of cholesterol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,813943351
PWY0-1601	cadaverine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,815631272
PWY-7165	L-ascorbate biosynthesis VI (engineered pathway)	0,02%	0,01%	0,03%	0,01%	0,815913666
PWY-5486	pyruvate fermentation to ethanol II	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,815993097
PWY-5082	L-methionine degradation III	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,815993097
P101-PWY	ectoine biosynthesis	0,13%	0,12%	0,04%	0,05%	0,816019491
PWY-6756	<i>S</i>-methyl-5'-thioadenosine degradation II	0,13%	0,14%	0,05%	0,04%	0,817104427
PWY-6816	agarose degradation	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,817352535
THREOCAT-PWY	superpathway of L-threonine metabolism	0,64%	0,63%	0,09%	0,10%	0,817593789
PWY-6321	homotaurine degradation	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,8218223
URDEGR-PWY	superpathway of allantoin degradation in plants	0,42%	0,43%	0,11%	0,06%	0,822397961
PWY-5737	(5<i>R</i>)-carbapenem carboxylate biosynthesis	0,05%	0,05%	0,03%	0,04%	0,823283638
PWY-7247	β-D-glucuronide and D-glucuronate degradation	0,11%	0,11%	0,04%	0,04%	0,826243405
PWY-5327	superpathway of L-lysine degradation	0,02%	0,02%	0,02%	0,01%	0,827095744
ARGORNPROST-PWY	L-arginine degradation (Stickland reaction)	0,17%	0,18%	0,08%	0,06%	0,827202168
PWY-8007	staphylopine biosynthesis	0,03%	0,03%	0,04%	0,03%	0,827252241
PWY-6857	retinol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,827297112
PWY0-1546	muropeptide degradation	0,06%	0,06%	0,05%	0,03%	0,829018714
PWY-7510	rhizoctin A and B biosynthesis	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,829090111
PWY-5978	kanosamine biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,832875264
PWY-6614	tetrahydrofolate biosynthesis	0,04%	0,05%	0,07%	0,02%	0,832930435
PWY8J2-1	bacillithiol biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,834875955
ALADEG-PWY	L-alanine degradation I	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,83513927
LARABITOLUTIL-PWY	xylitol degradation	0,02%	0,02%	0,01%	0,04%	0,835164564
PWY-6556	pyrimidine ribonucleosides salvage II	0,02%	0,02%	0,01%	0,03%	0,836211725
POLYISOPRENSYN-PWY	polyisoprenoid biosynthesis (<i>E. coli</i>)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,836322072
PWY-6568	dermatan sulfate biosynthesis (late stages)	0,08%	0,09%	0,03%	0,04%	0,83720222
PWY-7222	guanosine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis II	0,13%	0,13%	0,10%	0,05%	0,839353388
PWY-6628	superpathway of L-phenylalanine biosynthesis	0,16%	0,16%	0,02%	0,04%	0,840241307
PWY-5123	<i>trans, trans</i>-farnesyl diphosphate biosynthesis	0,02%	0,02%	0,02%	0,01%	0,840853607

PWY-1541	superpathway of taurine degradation	0,09%	0,08%	0,05%	0,04%	0,841463346
PWY-6694	oxalate degradation I	0,26%	0,27%	0,06%	0,12%	0,841804799
PWY-7980	ATP biosynthesis	0,27%	0,28%	0,15%	0,06%	0,843085994
PWY-6735	starch degradation IV	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,844395097
BRANCHED-CHAIN-AA-SYN-PWY	superpathway of branched chain amino acid biosynthesis	0,39%	0,40%	0,09%	0,13%	0,844974156
PWY-7991	toxoflavin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,845570216
PWY-5087	L-glutamate degradation VI (to pyruvate)	0,09%	0,09%	0,05%	0,04%	0,849353029
PWY-6383	mono-<i>trans</i>, poly-<i>cis</i> decaprenyl phosphate biosynthesis	0,03%	0,03%	0,02%	0,02%	0,849628601
ASPARAGINE-BIOSYNTHESIS	L-asparagine biosynthesis I	0,07%	0,06%	0,03%	0,03%	0,85340299
PWY-6269	superpathway of adenosylcobalamin salvage from cobinamide II	0,09%	0,10%	0,04%	0,05%	0,854497025
M-CRESOL-DEGRADATION-PWY	<l>m</l>-cresol degradation	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,856200711
PWY-7414	dTDP-α-D-mycaminose biosynthesis	0,43%	0,43%	0,09%	0,09%	0,856569552
PWY-5070	gibberellin biosynthesis I (non C-3, non C-13 hydroxylation)	0,06%	0,07%	0,04%	0,05%	0,856913248
PWY-7413	dTDP-6-deoxy-α-D-allose biosynthesis	0,00%	0,01%	0,01%	0,01%	0,858197373
PWY-8088	dipicolinate biosynthesis	0,15%	0,14%	0,05%	0,04%	0,858441866
PWY-5188	tetrapyrrole biosynthesis I (from glutamate)	0,12%	0,12%	0,05%	0,05%	0,858588453
PWY-7206	pyrimidine deoxyribonucleotides dephosphorylation	0,04%	0,04%	0,02%	0,03%	0,859033767
PWY-6839	2-aminoethylphosphonate biosynthesis	0,20%	0,19%	0,09%	0,09%	0,860271136
PWY-8138	polyphosphate metabolism	0,10%	0,10%	0,05%	0,06%	0,863572263
PWY-7832	ABH and Lewis epitopes biosynthesis from type 1 precursor disaccharide	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,864740374
PWY-5826	hypoglycin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,864740374
PWY-8077	ginkgotoxin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,865268748
PWY-5818	validamycin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,865268748
GLUTAMATE-DEG1-PWY	L-glutamate degradation I	0,15%	0,14%	0,02%	0,04%	0,865890596
PWY-5817	dodecaprenyl diphosphate biosynthesis	0,28%	0,29%	0,10%	0,04%	0,866312695
PWY-7241	<l>myo</l>-inositol degradation II	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,86723274
ARG+POLYAMINE-SYN	superpathway of arginine and polyamine biosynthesis	0,27%	0,27%	0,09%	0,07%	0,867928675
PWY-7388	octanoyl-[acyl-carrier protein] biosynthesis (mitochondria, yeast)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,867934363
PWY-6142	gluconeogenesis II (<i>Methanobacterium thermoautotrophicum</i>)	0,33%	0,32%	0,10%	0,06%	0,868880793
PWY-6333	acetaldehyde biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,870305779
PWY-7994	dolabralexins biosynthesis	0,05%	0,05%	0,04%	0,03%	0,870471205
PWY-7752	gadusol biosynthesis	0,21%	0,20%	0,12%	0,08%	0,871469606
PWY-8072	alanine racemization	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,871573703
PWY-7845	heme degradation II	0,06%	0,06%	0,06%	0,05%	0,871594582
PWY-7227	adenosine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis	0,08%	0,09%	0,06%	0,03%	0,872612307
PWY-8039	mitomycin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,872733323
PWY-7896	isoniazid activation	0,02%	0,02%	0,02%	0,01%	0,873133889
PWY-6641	superpathway of sulfolactate degradation	0,09%	0,08%	0,06%	0,04%	0,874984075
THISYN-PWY	superpathway of thiamine diphosphate biosynthesis I	0,43%	0,42%	0,10%	0,09%	0,875851718
PWY-2504	superpathway of aromatic compound degradation via 3-oxoadipate	0,05%	0,05%	0,02%	0,04%	0,875852762
PWY-5032	<i>ent</i>-kaurene biosynthesis I	0,05%	0,05%	0,02%	0,04%	0,875852762
PWY-2981	diterpene phytoalexins precursors biosynthesis	0,05%	0,05%	0,02%	0,04%	0,875852762
PWY-5052	superpathway of gibberellin biosynthesis	0,05%	0,05%	0,02%	0,04%	0,875852762
PWY-5667	CDP-diacylglycerol biosynthesis I	0,06%	0,06%	0,03%	0,04%	0,877794717
PWY-5505	L-glutamate and L-glutamine biosynthesis	0,31%	0,32%	0,13%	0,11%	0,877812937
P164-PWY	purine nucleobases degradation I (anaerobic)	0,08%	0,08%	0,03%	0,05%	0,87798166

PHOSLIPSYN2-PWY	superpathway of phospholipid biosynthesis II (plants)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,882583092
PWY0-41	allantoin degradation IV (anaerobic)	0,07%	0,07%	0,06%	0,05%	0,883545961
PWY-5651	L-tryptophan degradation to 2-amino-3-carboxymuconate semialdehyde	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,886578886
PWY-3502	superpathway of NAD biosynthesis in eukaryotes	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,886578886
PWY-6302	dihydroconiferyl alcohol biosynthesis	0,07%	0,06%	0,06%	0,03%	0,887997561
PWY-7514	L-tyrosine degradation IV (to 4-methylphenol)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,888388574
PWY-6737	starch degradation V	0,10%	0,10%	0,05%	0,07%	0,889064727
TRYPDEG-PWY	L-tryptophan degradation II (via pyruvate)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,889815565
PWY-7767	L-leucine degradation IV (Stickland reaction)	0,04%	0,03%	0,06%	0,03%	0,892785802
PWY0-1061	superpathway of L-alanine biosynthesis	0,13%	0,13%	0,04%	0,04%	0,892817873
PWY-3462	L-phenylalanine biosynthesis II	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,894805527
PWY1ZNC-1	assimilatory sulfate reduction IV	0,06%	0,06%	0,05%	0,03%	0,895164145
PWY-6304	casbene biosynthesis	0,04%	0,04%	0,03%	0,02%	0,897762003
PWY-8076	8-O-methylated benzoxazinoid glucoside biosynthesis	0,04%	0,04%	0,03%	0,02%	0,897762003
PWY-7392	taxadiene biosynthesis (engineered)	0,26%	0,27%	0,04%	0,06%	0,89830165
PWY-7111	pyruvate fermentation to isobutanol (engineered)	0,37%	0,36%	0,16%	0,12%	0,898614342
PWY-6088	3-chlorobenzoate degradation I (via chlorocatechol)	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,898901022
PWY-5116	sakuranetin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,898901022
PWY-7374	1,4-dihydroxy-6-naphthoate biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,899884961
PWY-6263	superpathway of menaquinol-8 biosynthesis II	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,899884961
PWY-7407	aurachin A, B, C and D biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,901494772
XYLCAT-PWY	D-xylose degradation I	0,06%	0,05%	0,03%	0,03%	0,901644506
PWY-5121	superpathway of geranylgeranyl diphosphate biosynthesis II (via MEP)	0,31%	0,30%	0,07%	0,08%	0,902174077
NADPHOS-DEPHOS-PWY-1	NAD phosphorylation and transhydrogenation	0,02%	0,02%	0,04%	0,03%	0,903923266
PWY-8097	5-hydroxybenzimidazole biosynthesis (anaerobic)	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,904380822
ARGSYN-PWY	L-arginine biosynthesis I (via L-ornithine)	0,19%	0,19%	0,09%	0,06%	0,90740085
PWY0-1319	CDP-diacylglycerol biosynthesis II	0,07%	0,07%	0,03%	0,04%	0,907402814
PWY490-4	L-asparagine biosynthesis III (tRNA-dependent)	0,11%	0,11%	0,06%	0,04%	0,908035165
PWY-6828	linezolid resistance	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,913002434
PWY-5120	geranylgeranyl diphosphate biosynthesis	0,02%	0,02%	0,02%	0,01%	0,913915489
PWY-7117	C4 photosynthetic carbon assimilation cycle, PEPCK type	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,915179801
PWY-7383	anaerobic energy metabolism (invertebrates, cytosol)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,915179801
PWY-7930	pyoluteorin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,9162732
PWY-7651	heparan sulfate degradation	0,10%	0,10%	0,08%	0,07%	0,918805188
PWY-7459	kojibiose degradation	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,918896681
PWY-6507	4-deoxy-L-threo-hex-4-enopyranuronate degradation	0,04%	0,04%	0,03%	0,03%	0,919364276
PWY0-1324	N-acetylneuraminic acid and N-acetylmannosamine degradation I	0,02%	0,01%	0,02%	0,02%	0,91988422
PWY-6151	S-adenosyl-L-methionine cycle I	0,19%	0,18%	0,08%	0,06%	0,92071361
POLYAMSYN-PWY	superpathway of polyamine biosynthesis I	0,08%	0,08%	0,03%	0,05%	0,924290435
PWY4LZ-257	superpathway of fermentation (Chlamydomonas reinhardtii)	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,924525644
PWY-6662	superpathway of quinolone and alkylquinolone biosynthesis	0,14%	0,14%	0,14%	0,07%	0,925508139
GLUGLNSYN-PWY	L-glutamate biosynthesis IV	0,14%	0,14%	0,14%	0,07%	0,925508139
PWY-6605	adenine and adenosine salvage II	0,07%	0,08%	0,08%	0,03%	0,92635531
PWY-6645	labdane-type diterpenes biosynthesis	0,36%	0,35%	0,16%	0,11%	0,926729867
SER-GLYSYN-PWY	superpathway of L-serine and glycine biosynthesis I	0,20%	0,20%	0,05%	0,06%	0,926786213
PWY-6519	8-amino-7-oxononanoate biosynthesis I	0,15%	0,15%	0,05%	0,08%	0,929829022

PWY-7209	superpathway of pyrimidine ribonucleosides degradation	0,05%	0,05%	0,04%	0,04%	0,930125564
PWY-5648	2-nitrobenzoate degradation II	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,932688673
PWY-6808	dTDP-D-forosamine biosynthesis	0,03%	0,03%	0,02%	0,02%	0,934033417
PWY-7846	heme degradation V	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5825	dalpatein and dalnigrein biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5750	itaconate biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-6622	heptadecane biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY0-1554	5-(methoxycarbonylmethoxy)uridine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5749	itaconate degradation	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-8031	epiberberine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
DISSULFRED-PWY	dissimilatory sulfate reduction I (to hydrogen sulfide))	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
P641-PWY	phenylmercury acetate degradation	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5656	mannosylglycerate biosynthesis I	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5752	piperine biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-8053	anandamide biosynthesis II	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY0-1241	ADP-L-<i>glycero</i>-β-D-<i>manno</i>-heptose biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7563	bassianin and desmethylbassianin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5367	petroselinic acid biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7660	tryptophan biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7702	sch210971 and sch210972 biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7692	bikaverin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7672	fusaric acid biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7670	fusaridione A biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7641	5-hexynoate biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5710	capsaicin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7565	aspyridone A biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7587	oleate biosynthesis III (cyanobacteria)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7695	aurofusarin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7669	equisetin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7650	echinocandin B biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7659	viridicatumtoxin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7673	fusarin C biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-6027	capsiconic acid biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-8075	(Kdo)₂-lipid A biosynthesis II (<i>P. putida</i>)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7561	tenellin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7689	8-<i>O</i>-methylfusarubin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5954	(1'-<i>S</i>,5'-<i>S</i>)-averufin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5366	palmitoleate biosynthesis II (plants and bacteria)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-8082	glycine lipid biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5989	stearate biosynthesis II (bacteria and plants)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY30-355	stearate biosynthesis III (fungi)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7746	mycobacterial sulfolipid biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7696	citreisocoumarin and bikisocoumarin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-6585	2-methylketone biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-6799	fatty acid biosynthesis initiation (plant mitochondria)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5156	superpathway of fatty acid biosynthesis II (plant)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567

PWY-5142	acyl-[acyl-carrier protein] thioesterase pathway	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5961	superpathway of aflatoxin biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7668	apicidin F biosynthesis	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-7596	superpathway of stearidonate biosynthesis (cyanobacteria)	0,01%	0,01%	0,02%	0,01%	0,934673567
PWY-5938	pyruvate fermentation to (<i>R</i>)-acetoin I	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,935974826
PWY-2681	<i>trans</i>-zeatin biosynthesis	0,02%	0,02%	0,03%	0,02%	0,936933899
PWY-7848	heme degradation VII	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,937051157
PWY-5429	1,4-dimethylbenzene degradation to 4-methylbenzoate	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,937051157
PWY-5428	1,3-dimethylbenzene degradation to 3-methylbenzoate	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,937051157
TOLUENE-DEG-CATECHOL-PWY	toluene degradation to benzoate	0,01%	0,01%	0,02%	0,02%	0,937051157
PWY-7089	taxiphyllin bioactivation	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,937415118
PWY-7336	UDP-<i>N</i>-acetyl-α-D-galactosaminuronate biosynthesis	0,04%	0,03%	0,05%	0,02%	0,937572923
SORBDEG-PWY	D-sorbitol degradation II	0,00%	0,00%	0,00%	0,01%	0,938875453
PWY-7528	L-methionine salvage cycle I (bacteria and plants)	0,18%	0,17%	0,10%	0,03%	0,940778914
PWY-4741	creatinine degradation III	0,08%	0,07%	0,04%	0,02%	0,941404994
PWY-7820	teichuronic acid biosynthesis (<i>B. subtilis</i> 168)	0,14%	0,15%	0,06%	0,06%	0,941744775
GALACTARDEG-PWY	D-galactarate degradation I	0,05%	0,05%	0,04%	0,02%	0,947071456
P221-PWY	octane oxidation	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,947854268
PWY-7694	zwittermicin A biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,949726221
PWY-6517	<i>N</i>-acetylglucosamine degradation II	0,15%	0,14%	0,06%	0,06%	0,950870219
PWY-5515	L-arabinose degradation II	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,951668391
GLUTORN-PWY	L-ornithine biosynthesis I	0,03%	0,03%	0,03%	0,02%	0,951991119
METH-ACETATE-PWY	methanogenesis from acetate	0,08%	0,08%	0,05%	0,04%	0,952010629
PWY-1281	sulfoacetaldehyde degradation I	0,08%	0,08%	0,05%	0,04%	0,952010629
PWY-6637	sulfolactate degradation II	0,08%	0,08%	0,05%	0,04%	0,952010629
ARGDEGRAD-PWY	L-arginine degradation V (arginine deiminase pathway)	0,06%	0,06%	0,03%	0,03%	0,952062175
CITRULLINE-DEG-PWY	L-citrulline degradation	0,06%	0,06%	0,03%	0,03%	0,952062175
PWY-3982	uracil degradation I (reductive)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,952971686
PWY-7245	superpathway of NAD/NADP - NADH/NADPH interconversion (yeast)	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,95569969
PWY-5941	glycogen degradation II	0,12%	0,11%	0,06%	0,07%	0,956930058
PWY-5195	artemisinin and arteannuin B biosynthesis	0,02%	0,02%	0,03%	0,03%	0,957324982
PWY-6368	3-phosphoinositide degradation	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,957866627
PWY-5757	fosfomycin biosynthesis	0,26%	0,26%	0,04%	0,06%	0,961753225
PWY-7941	isorenieratene biosynthesis II (<i>Chlorobiaceae</i>)	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,964292582
PWY-6578	8-amino-7-oxononanoate biosynthesis III	0,03%	0,03%	0,03%	0,02%	0,964851654
PWY-7835	superpathway of glycosphingolipids biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,96822244
NADPHOS-DEPHOS-PWY	NAD phosphorylation and dephosphorylation	0,02%	0,02%	0,04%	0,02%	0,97080394
PWY4FS-13	extended VTC2 cycle	0,56%	0,56%	0,15%	0,10%	0,972863664
PWY-5743	3-hydroxypropanoate cycle	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,973362649
PWY-6270	isoprene biosynthesis I	0,21%	0,20%	0,07%	0,07%	0,974913478
ILEUSYN-PWY	L-isoleucine biosynthesis I (from threonine)	0,38%	0,38%	0,16%	0,11%	0,97521825
PWY-5754	4-hydroxybenzoate biosynthesis I (eukaryotes)	0,18%	0,18%	0,07%	0,05%	0,975928956
PWY-6344	L-ornithine degradation II (Stickland reaction)	0,03%	0,03%	0,03%	0,05%	0,977170005
PWY66-399	gluconeogenesis III	0,05%	0,05%	0,03%	0,03%	0,978199816
PWY-7972	adenosylcobinamide-GDP salvage from cobinamide II	0,09%	0,09%	0,03%	0,04%	0,978424831
PWY-5094	naringenin glycoside biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,01%	0,978814585

PWY-5472	bisbenzylisoquinoline alkaloid biosynthesis	0,04%	0,04%	0,04%	0,02%	0,979664713
PWY-8049	pederin biosynthesis	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,97986739
PWY-5741	ethylmalonyl-CoA pathway	0,06%	0,07%	0,05%	0,03%	0,982976424
PWY-7344	UDP-α-D-galactose biosynthesis	0,09%	0,09%	0,06%	0,06%	0,983878677
PWY-8128	biotin biosynthesis from 8-amino-7-oxononanoate III	0,03%	0,03%	0,03%	0,02%	0,984618172
PWY-5806	all-<i>trans</i>-decaprenyl diphosphate biosynthesis	0,20%	0,20%	0,07%	0,07%	0,986656708
PWY-7187	pyrimidine deoxyribonucleotides <i>de novo</i> biosynthesis II	0,14%	0,14%	0,08%	0,07%	0,989255102
PWY-7560	methylethritol phosphate pathway II	0,00%	0,00%	0,01%	0,01%	0,989799061
PWY-5079	L-phenylalanine degradation III	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,990047902
PWY-5081	L-tryptophan degradation VIII (to tryptophol)	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,990047902
PWY30-4108	L-tyrosine degradation III	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,990047902
P184-PWY	protocatechuate degradation I (<i>meta</i>-cleavage pathway)	0,17%	0,17%	0,06%	0,05%	0,990402353
PWY-6772	hydrogen production V	0,02%	0,02%	0,05%	0,05%	0,991673333
PWY-6123	inosine-5'-phosphate biosynthesis I	0,12%	0,12%	0,06%	0,05%	0,994020614
PWY-7603	stephacidin A biosynthesis	0,09%	0,09%	0,05%	0,03%	0,994648847
PWY0-1576	hydrogen to fumarate electron transfer	0,14%	0,14%	0,11%	0,07%	0,995029238
PWY-2301	<i>myo</i>-inositol biosynthesis	0,01%	0,01%	0,01%	0,02%	0,996788583
CRNFORCAT-PWY	creatinine degradation I	0,02%	0,02%	0,02%	0,02%	0,996915683
PWY-7343	UDP-α-D-glucose biosynthesis I	0,03%	0,03%	0,02%	0,02%	0,998299351
PWY-6164	3-dehydroquinate biosynthesis I	0,07%	0,07%	0,03%	0,03%	0,999388445