

**Verschiedene Gene des
Ubiquitin-Proteasom-Systems regulieren
Entwicklung und Virulenz im
Getreidepathogen *Fusarium graminearum***

Dissertation

zur Erlangung der Würde des Doktors der Naturwissenschaften

Dr. rer. nat.: Doctor rerum naturalium

des Fachbereiches Biologie

der Fakultät Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften

der Universität Hamburg

vorgelegt von

Gunnar Baermann

geb. 05.12.1988 in Hamburg

Hamburg, Dezember 2018

1. Dissertationsgutachter: Prof. Dr. Wilhelm Schäfer
Fachbereich Molekulare Phytopathologie, Fakultät der Mathematik, Informatik und
Naturwissenschaften, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie, Universität
Hamburg.

2. Dissertationsgutachter: Prof. Dr. Joachim Hauber
Heinrich-Pette-Institut, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie, Hamburg

Vorsitzende der Prüfungskommission: Prof. Dr. Julia Kehr

Datum der Disputation: 03. Mai 2019

„Der Zufall begünstigt den vorbereiteten Geist“

Louis Pasteur

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis.....	V
Abbildungs- und Tabellenverzeichnis.....	IX
Inhaltsverzeichnis.....	I
1 Einleitung	1
1.1 Der phytopathogene Pilz <i>Fusarium graminearum</i>	1
1.1.1 Der Lebenszyklus	2
1.2 Pathogenitätsfaktoren	4
1.2.1 Die Zellwand filamentöser Pilze.....	4
1.2.1.1 Struktureller Zellwandaufbau	6
1.2.2 Sekundärmetabolit-Cluster von <i>F. graminearum</i>	7
1.2.2.1 Deoxynivalenol (DON)	8
1.2.2.2 Aurofusarin	9
1.2.3 Energiestoffwechsel.....	10
1.2.3.1 Die Atmungskette (Oxidative Phosphorylierung)	12
1.2.4 Reaktive Sauerstoffspezies.....	13
1.3 Proteinstoffwechsel.....	14
1.3.1 Das Ubiquitin-Proteasom System	15
1.3.2 Das regulatorische Ubiquitin Protein.....	16
1.3.3 Die F-Box-Protein Familie.....	18
1.4 Zielsetzung des Promotionsvorhabens.....	19
2 Material und Methoden	20
2.1 Material.....	20
2.1.1 Versuchsorganismen.....	20
2.1.2 Chemikalien	20
2.1.3 Verwendete Antiseren	21
2.1.4 Verwendete Enzyme und Reaktions-Kits	21
2.1.5 Synthetische Oligonukleotide.....	22
2.1.6 Vektoren.....	25
2.1.7 Kulturmedien.....	25
2.2 Methoden	27
2.2.1 Kultivierung	27
2.2.1.1 Anzucht auf Festmedium.....	27
2.2.1.2 Anzucht in Flüssigkultur.....	27
2.2.1.3 Anzucht der Konidien	28

2.2.2	Polymerase-Kettenreaktion.....	28
2.2.3	Restriktionsverdau	29
2.2.4	Agarose-Gelelektrophorese.....	30
2.2.5	Isolierung genomischer DNA	30
2.2.6	Klonierungsstrategien	31
2.2.6.1	In silico Vektorenerstellung	31
2.2.6.2	Hefe-Rekombinationsystem	33
2.2.6.3	Plasmidisolierung aus <i>S. cerevisiae</i>	33
2.2.6.4	Transformation chemisch kompetenter <i>E. coli</i>	35
2.2.6.5	Protoplasten-Transformation von <i>F. graminearum</i>	35
2.2.6.6	Vereinzelung der Primärtransformanden-Konidien.....	37
2.2.6.7	Southern-Blotting.....	37
2.2.7	Allgemeine phänotypische Analyse	41
2.2.7.1	Wachstumsanalyse auf Festmedium und Flüssigmedium	41
2.2.7.2	Charakterisierung der Konidien	41
2.2.7.3	Anzucht von Perithezien auf Weizennodien.....	42
2.2.7.4	Pathogenitätstests von <i>F. graminearum</i> auf Weizen.....	42
2.2.7.5	Betrachtung der Infektionsstruktur-Entwicklung auf Hüll- und Deckspelzen	43
2.2.7.6	Pathogenitätstests von <i>F. graminearum</i> auf Mais.....	43
2.2.8	Transfer-Vitalitätstest	43
2.2.9	Bestimmung reaktiver Sauerstoffspezies (ROS)	44
2.2.9.1	Nitroblautetrazoliumchlorid (NBT) -Färbung.....	44
2.2.9.2	AmplexRed-Bestimmung von Wasserstoffperoxid	44
2.2.9.3	CellRox-Bestimmung von zellulären ROS	45
2.2.9.4	Ermittlung der mitochondrialen Sauerstoffsverbrauchsrate	46
2.2.10	Mikroskopische Verfahrenstechniken	48
2.2.10.1	Licht- und epifluoreszenzmikroskopische Analyse.....	48
2.2.10.2	Transmissionselektronenmikroskopie.....	49
2.2.11	Zellwandanalyse	52
2.2.11.1	Polysaccharid-Extraktion durch chemische Hydrolyse.....	52
2.2.11.2	Monosaccharid-Bestimmung mittels HPAEC-PAD	52
2.2.12	Erstellung des Proteoms sowie Ubiquitoms.....	53
2.2.12.1	Proteom-Proteinisolation	53
2.2.12.2	Ubiquitom-Immunaффinitätsaufreinigung	54
2.2.12.3	SDS-Gelelektrophorese (SDS-PAGE).....	54
2.2.12.4	LC-MS/MS-Analyse	56

3	Ergebnisse	57
3.1	Auswahl und Identifizierung der Kandidatengene des Ubiquitin-Proteasom-Systems....	57
3.2	Generierung und Nachweis der Deletionsmutanten.....	59
3.3	Allgemeine Charakterisierung der Mutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2.....	64
3.3.1	Pilzwachstum auf verschiedenen Fest- und Flüssigmedien	64
3.3.2	Bestimmung der Bildung von Superoxidationen auf CM-Festmedium.....	66
3.3.3	Stresstoleranz gegenüber oxidativem und osmotischem Stress.....	66
3.3.3.1	Death After Transfer (DAT) innerhalb des Transfer-Vitalitätstests.....	68
3.3.4	Beeinträchtigung der sexuellen sowie asexuellen Fortpflanzung	70
3.3.4.1	Perithezienbildung	70
3.3.4.2	Charakterisierung der Konidien	71
3.3.5	Analyse der Virulenz auf Weizen und Charakterisierung der Infektionsstrukturen .	76
3.3.6	Analyse der Virulenz auf Mais	80
3.4	Proteomanalyse.....	82
3.4.1	Gruppenanalyse der signifikant veränderten Proteine.....	85
3.4.2	Proteomanalyse einzelner Sekundärmetabolit-Cluster	89
3.5	Detektion Ubiquitin-modifizierter Proteine in <i>F. graminearum</i>	92
3.5.1	Gruppenanalyse der signifikant veränderten ubiquitinierten Proteine.....	93
3.6	Spezifische phänotypische Betrachtung der Deletionsmutanten	97
3.6.1	Untersuchung des ROS-Metabolismus der Δ FgBox2-Mutanten	98
3.6.1.1	Erhöhte H ₂ O ₂ -Akkumulation im Myzel der Δ FgBox2-Mutante.....	98
3.6.1.2	Fluorogene Messung des zellulären oxidativen Stresses der vegetativen Wachstumsphase	99
3.6.1.3	Verringerte mitochondriale Sauerstoff-Konsumption-Rate der Δ FgBox2-Mutante	101
3.6.2	Untersuchung der Zellwandstabilität der Δ FgBox4-Mutanten.....	105
3.6.2.1	Untersuchung des Koloniewachstums nach Zellwandstress	106
3.6.2.2	Fluoreszenzmikroskopische Analyse der Zellwandpolymere der Konidien	107
3.6.2.3	Analyse der Zellwandkomponenten mittels HPLC.....	108
3.6.2.4	Histologie der Zellwandbestandteile Chitin und (1,3)- β -Glucan mittels TEM	109
4	Diskussion.....	113
4.1	Identifizierung von 118 exprimierten Genen des UPS in <i>F. graminearum</i> der frühen Infektionsphase	114
4.1.1	Differentielle Unterschiede innerhalb der Proteome der einzelnen Deletionsmutanten FgBox1, FgBox4 und FgRAD6.....	116
4.2	Die F-Box-Proteine FgBox2 und FgBox4 regulieren Aspekte wie Wachstum, sexuelle Entwicklung und Virulenz	120

4.2.1	Charakterisierung des F-Box Proteins FgBox2.....	121
4.2.1.1	Defizite des Zytoskeletts führen zu gestörter Hyphenpolarisierung in den Δ FgBox2-Mutanten	122
4.2.1.2	Die gestörte Aurofusarin-Biosynthese führt zur Akkumulation von Rubrofusarin in den Δ FgBox2-Mutanten	124
4.2.1.3	Transkriptionsfaktor-vermittelte Zellzyklusprogression beeinflusst die asexuelle sowie sexuelle Reproduktion der Δ FgBox2-Mutanten	127
4.2.1.4	Verringerte Stresstoleranz der Δ FgBox2-Mutanten gegenüber osmotischem und oxidativem Stress	129
4.2.1.5	FgBox2 ist zellulärer Regulator des Redox-Gleichgewichts in <i>F. graminearum</i> ..	131
4.2.1.6	Die Δ FgBox2-Mutanten zeigen einen Einbruch der mitochondrialen Respiration ..	134
4.2.1.7	Die Akkumulation von zellulären ROS übt negativen Einfluss auf das Infektionsverhalten und die Infektionskissen-Bildung der Δ FgBox2-Mutanten aus.....	136
4.2.2	Charakterisierung des F-Box-Proteins FgBox4.....	137
4.2.2.1	Deletion des FgBox4-Proteins führt zum Zusammenbruch der sexuellen Reproduktion	138
4.2.2.2	Gesteigerte α -Glucanase-Aktivität beeinflusst die Zellwandstabilität der Δ FgBox4-Mutanten	139
4.2.2.3	Die verminderte Zellwandstabilität übt negativen Einfluss auf die Infektion der Δ FgBox4-Mutanten auf Weizen und Mais aus.....	141
4.3	Nachweis globaler Defizite der Δ FgRAD6-Mutanten auf die Aspekte Wachstum, sexuelle Entwicklung und Virulenz	143
4.3.1	Die Charakterisierung des Ubiquitin-konjugierenden Enzyms FGSG_12683 identifizierte dieses als RAD6 Homolog in <i>F. graminearum</i>	144
4.3.1.1	Deletion von FgRAD6 führt zu einer Zellzyklus-Progression innerhalb der Δ FgRAD6-Mutanten	145
4.3.1.2	Nachweis des direkten Einflusses der FgRAD6 vermittelten Histon-Ubiquitinierung auf die Reproduktion von <i>F. graminearum</i>	146
4.3.1.3	Erhöhte Expression von Enzymen des Aurofusarin-Biosyntheseweges führen zur gesteigerten Pigmentierung der Δ FgRAD6-Mutanten	149
4.3.1.4	Defizite innerhalb des Lipidstoffwechsels führen zur gestörten ATP-Versorgung und Avirulenz der Δ FgRAD6-Mutanten	150
5	Zusammenfassung.....	156
5	Summary	157
6	Literaturverzeichnis	159
7	Anhang	XIV
	Danksagung.....	CLIV
	Eidesstattliche Erklärung.....	CLVI

Abkürzungsverzeichnis

Abb.	Abbildung
Amp	Ampicillin
ANOVA	Varianzanalyse (engl. <i>Analysis of Variance</i>)
AOX	Alternative Oxidase
ATP	Adenosintriphosphat
bp	Basenpaare
C°	Celsius
<i>C. albicans</i>	<i>Candida albicans</i>
cAMP	Cyclisches Adenosinmonophosphat
cDNA	<i>Complementary (komplementäre) DNA</i>
CLSM	konfokale Laserscanning-Mikroskopie (engl. <i>Confocal laser scanning microscopy</i>)
CM	Komplettmedium (engl. <i>Complete media</i>)
cm	Zentimeter
CoA	Coenzym A
CSPD	Chemilumineszenzsubstrat für alkalische Phosphatase
CTAB	Cetyltrimethylammoniumbromid
ddH ₂ O	doppelt destilliertes Wasser
DIG	Digoxygenin
DNA	Desoxyribonukleinsäure
DON	Desoxynivalenol
dpi	Tage nach der Inokulation (engl. <i>days post inoculation</i>)
dTTP	Desoxythymidin-Triphosphat
dUTP	Deoxyuridin-Triphosphat
E1	Ubiquitin-aktivierendes Enzym
E2	Ubiquitin-konjugierendes Enzym
E3	Ubiquitin-Ligase

EBI.	<i>European Bioinformatics Institute</i>
<i>E. coli</i>	<i>Escherichia coli</i>
EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure
engl.	Englisch
et al	und andere (Lateinisch, et alteri)
ETK	Elektronentransportkette
FCCP	Cyanid-p-trifluoromethoxyphenylhydrazon
<i>F. graminearum</i>	<i>Fusarium graminearum</i>
FHB	Ährenbleiche (engl. <i>Fusarium head blight</i>)
For.	forward
<i>F. oxysporum</i>	<i>Fusarium oxysporum</i>
FPKM	Fragmente pro Exon-Kilobase pro Millionen annotierter Fragmente (engl. <i>Fragments Per Kilobase of exon per Million reads mapped</i>)
g	Gramm
GABA	4-Aminobuttersäure
gDNA	genomische Desoxyribonukleinsäure
GPI	Glycosylphosphatidylinositol
HPAEC-PAD	<i>High Performance Anion Exchange Chromatography with Pulsed Amperometric Detection</i>
HPLC	Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (engl. <i>High Performance Liquid Chromatography</i>)
HygB	Hygromycin B
IK	Infektionskissen (engl. <i>infection cushions</i>)
IPM	Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie
L	Liter
LB	engl. <i>lysogeny broth</i>
LC-MS/MS	Flüssigkeitschromatographie mit Massenspektrometrie-Kopplung
LH	Laufhyphen (engl. <i>runner hyphae</i>)
LF	Linke Flanke

LRR	<i>Leucine-rich Repeat</i>
M	Molar
mA	Milliampere
mg	Milligramm
<i>M. grisea</i>	<i>Magnaporthe grisea</i>
min	Minute
MM	Minimalmedium
mM	Millimolar
<i>M. oryzae</i>	<i>Magnaporthe oryzae</i>
MR	Mitochondriale Atmung
mRNA	<i>messenger RNA</i>
MW	Mittelwert
NADH	Nikotinamidadenindinukleotid
NAT	Nourseothricin
NBT	Nitroblautetrazoliumchlorid
nm	Nanometer
OCR	Sauerstoffverbrauchsrate (engl. <i>Oxygen consumption rate</i>)
OD	optische Dichte
ORF	Offener Leserahmen (engl. <i>Open reading frame</i>)
PAMP	Pathogen-assoziierte molekulare Muster
PBS	Phosphatgepufferte Salzlösung (engl. <i>Phosphate buffered saline</i>)
PCD	Programmierter Zelltod (engl. <i>Programmed cell death</i>)
PCR	Polymerasekettenreaktion (engl. <i>Polymerase chain reaction</i>)
PEG	Polyethylenglykol
pH	lateinisch, Potentia hydrogenii
Primer	Oligonukleotide
PRRs	Mustererkennungsrezeptoren(engl. <i>Pattern recognition receptors</i>)
PR-Proteine	PR-Proteine (engl. <i>Pathogenesis-related proteins</i>)
RF	Rechte Flanke

ROS	Reaktive Sauerstoffspezies (engl. <i>Reactive oxygen species</i>)
rpm	Umdrehungen pro Minute (engl. <i>Rounds per minute</i>)
<i>S. cerevisiae</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>
SDS	Natriumdodecylsulfat (engl. <i>Sodium dodecyl sulfate</i>)
SDS-PAGE	Natriumdodecylsulfat-Polyacrylamid-Gelelektrophorese
SM	Sekundärmetabolite
SNA	Synthetischer Nährstoffarmer Agar
sp.	Art (engl. <i>Species</i>)
Std	Stunde
SUMO	engl. <i>Small Ubiquitin-like Modifier</i>
TAE	TRIS-Acetat-EDTA
TCA-Zyklus	Tri-Carbon-Säure Zyklus
TE	Tris-EDTA
TEM	Transmissionselektronenmikroskop(ie)
T _M	Schmelztemperatur
TRIS	Tris(hydroxymethyl)-aminomethan
Ub	Ubiquitin
μM	Mikromolar
μm	Mikrometer
UPS	Ubiquitin-Proteasom-System
UQ	Ubichinon-10
URA3	Gen zur Uracil Synthese
v/v	Volumen pro Volumen
WGA	engl. <i>Wheat Germ Agglutinin</i>
Wt	Wildtyp
w/v	Gewicht pro Volumen
YPD	Vollmedium (engl. <i>Yeast Pepton Dextrose</i>)

Abbildungs- und Tabellenverzeichnis

Abbildungen

Abbildung 1: Schadbilder von der durch <i>F. graminearum</i> -Infektion verursachten Ährenbleiche auf Weizen und der Kolbenfäule auf Mais im Vergleich zu nicht infizierter H ₂ O-Kontrolle	1
Abbildung 2: Schematische Darstellung des Lebenszyklus von <i>F. graminearum</i>	3
Abbildung 3: Allgemeiner struktureller Aufbau einer pilzlichen Zellwand	7
Abbildung 4: Schematische Darstellung der Elektronentransportkette (ETK) in Pilzen	12
Abbildung 5: Schematische Darstellung des durch das Ubiquitin-Proteasom-System vermittelten Abbaus oder der Modifikation des Zielsubstrates	15
Abbildung 6: Für eine Ubiquitinierung verfügbare Lysinreste (K) des Ubiquitins (A) sowie eine Übersicht möglicher Ubiquitinierungen des Zielsubstrates (B).	17
Abbildung 7: Schematische Darstellung der in den <i>S. cerevisiae</i> Stamm FV834 durchgeführten Hefe-Rekombinationsklonierung.....	32
Abbildung 8: Schematische Darstellung des Messprinzips an einem „XF24 extracellular flux analyzer“	47
Abbildung 9: Generierung und molekularbiologischer Nachweis der Δ FgBox2-Deletionsmutante	60
Abbildung 10: Generierung und molekularbiologischer Nachweis der Δ FgBox4-Deletionsmutante	61
Abbildung 11: Generierung und molekularbiologischer Nachweis der Δ FgUbc2-Deletionsmutante	63
Abbildung 12: Wachstum des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) sowie der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 auf CM-Festmedium	64
Abbildung 13: In vitro Wachstum des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) sowie der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 in CM-Flüssigmedium	65
Abbildung 14: Nitroblautetrazoliumchlorid (NBT)-Färbung des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 kultiviert auf CM-Festmedium.....	66
Abbildung 15: Untersuchung der Stresstoleranz des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutanten auf 5 mM H ₂ O ₂ , 15 mM H ₂ O ₂ und 1,2 M NaCl.....	67
Abbildung 16: Transfer-Vitalitätstest des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox2-Mutante	69

Abbildung 17: Perithezien-Formierung des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 auf Weizennodien	71
Abbildung 18: Morphologie und Länge von in Weizen-Medium kultivierten Konidien	72
Abbildung 19: Konidienzahl des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 sowie Δ FgUbc2, kultiviert in Weizen-Medium.....	73
Abbildung 20: Mikroskopische Betrachtung der Zellwand-Instabilität der Δ FgBox4-Mutanten. Zeitreihe 30-60 min in CM-Flüssigmedium	74
Abbildung 21: Konidienkeimung und primäres Hyphenwachstum des Wildtyps (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 innerhalb der ersten 14 Stunden	75
Abbildung 22: Stereomikroskopische Betrachtung der Auskeimung des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2	76
Abbildung 23: Schadbild des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 auf Weizenähren des Kultivars Nandu	77
Abbildung 24: Virulenz des Wildtyps 8.1 und der UPS-Deletionsmutanten Δ FgBox2 auf dem Weizenähren Kultivar Nandu und Analyse des Schadbildes nach Sprüh-Inokulation	78
Abbildung 25: Stereomikroskopische (A,B) und fluoreszenzmikroskopische (C) Betrachtung der mit WGA Alexa Fluor 488 gefärbten Infektionsstrukturen des Wildtyps 8.1 sowie der UPS-Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2	79
Abbildung 26: Schadbild des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 auf Maiskolben der Zuchtlinie A188.	80
Abbildung 27: Evaluation der Schadbilder der mit dem Wildtyp 8.1 (Wt8.1) sowie den UPS-Deltionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 infizierten Maiskolben	82
Abbildung 28: Hierarchisches Clustering der jeweiligen vier biologischen Replikate (#1-#4) des Wildtyps (Wt 8.1) sowie der Δ UPS-Deletionsmutanten (x-Achse) und Proteinhäufigkeitsmuster der 4535 identifizierten Proteine (y-Achse), dargestellt in einer Heat map	83
Abbildung 29: Vergleichende Analyse der zum Wildtyp 8.1-Proteom signifikant veränderten Proteine der einzelnen UPS-Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2.....	84

Abbildung 30: Anzahl der im Verhältnis zum Wildtyp 8.1 signifikant runter (rote Balken) sowie hoch (blaue Balken) regulierte Proteine innerhalb der einzelnen Deletionsmutanten mit einem Log ₂ -Verhältnis von -1,5- +1,5	85
Abbildung 31: Gruppenanalyse der signifikant runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten Proteine der Δ FgBox2-Mutanten	86
Abbildung 32: Gruppenanalyse der signifikant runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten Proteine der Δ FgBox4-Mutanten	87
Abbildung 33: Gruppenanalyse der signifikant runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten Proteine der Δ FgUbc2-Mutante	88
Abbildung 34: Anzahl der im Verhältnis zum Wildtyp 8.1 signifikant regulierten postranslational mit Ubiquitin-modifizierten Proteine der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2	92
Abbildung 35: Gruppenanalyse der signifikant zum Wildtypen runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten ubiquitinierten Proteine der Δ FgBox2-Mutanten	94
Abbildung 36: Gruppenanalyse der signifikant zum Wildtypen runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten ubiquitinierten Proteine der Δ FgBox4-Mutanten	95
Abbildung 37: Gruppenanalyse der signifikant zum Wildtypen runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten ubiquitinierten Proteine der Δ FgBox4-Mutanten	96
Abbildung 38: Fluorometrische Konzentrationsbestimmung von Wasserstoffperoxid (H ₂ O ₂) des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox2-Mutanten über den Zeitraum von 0-90 min	99
Abbildung 39: In vivo-Analyse der Akkumulation reaktiver Sauerstoffspezies in der vegetativen Wachstumszone des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox2-Mutanten	100
Abbildung 40: Ermittlung der Sauerstoffverbrauchsrate von Konidien des Wildtyps 8.1 und der Δ FgBox2-Mutante	102
Abbildung 41: Vergleichende Bestimmung der basalen und maximalen Respiration des Wildtyp 8.1 und Δ FgBox2-Mutanten im Rahmen der Untersuchung der Sauerstoffverbrauchsrate	103
Abbildung 42: Vergleichende Bestimmung der mitochondrialen und ATP-gekoppelten Respiration des Wildtyps 8.1 und Δ FgBox2-Mutanten im Rahmen der Untersuchung der Sauerstoffverbrauchsrate	104

Abbildung 43: Vergleichende Bestimmung der zusätzlichen respiratorischen Kapazität und des Protonendurchflusses des Wildtyp 8.1 und Δ FgBox2-Mutanten im Rahmen der Untersuchung der Sauerstoffverbrauchsrate	105
Abbildung 44: Untersuchung der Zellwand-Stresstoleranz des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutanten gegenüber Calcofluor White (50 μ g / L)	106
Abbildung 45: Fluoreszenzmikroskopische Analyse der mit Anilinblau eingefärbten Zellwände des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutanten ..	107
Abbildung 46: Monosaccharid-Bestimmung aus Myzel- und Konidien-Zellwandextrakten des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutanten	108
Abbildung 47: Transmissionselektronenmikroskopische (TEM) Betrachtung der Querschnitte der Konidien des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutanten	109
Abbildung 48: Transmissionselektronenmikroskopische (TEM) Betrachtung der Zellwände des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante	110
Abbildung 49: TEM-Analyse der immunogoldmarkierten Zellwand-Polysaccharide Chitin und (1,3)- β -Glucan	111
Abbildung 50: Vergleichende Analyse der äußeren Mannan-Zellwandschicht des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante	112
Abbildung 51: Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppe (reaktive Sauerstoffspezies) an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in den Δ FgBox2-Mutanten.....	XIV
Abbildung 52: Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppe (Transkriptionsfaktoren) an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in den Δ FgBox4-Mutanten	XV
Abbildung 53: Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppe (reaktiven Sauerstoffspezies) an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in den Δ FgUbc2-Mutanten	XVI
Abbildung 54: Wachstumsphänotyp des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutante Δ FgBox4 kultiviert unter verschiedenen Temperaturen von 26 °C bis 50 °C. Für den Wildtyp 8.1 und die unabhängige Mutante wurden jeweils jeweils sechs biologische Replikate angefertigt	CL
Abbildung 55: Sequenzalignment des Gens YGL058 (RAD6) von <i>Saccharomyces cerevisiae</i> mit dem Gen FGSG_12683 (Ubc2) von <i>Fusarium graminearum</i>	CLI

Tabellen

Tabelle 1: Verwendete Antiseren	21
Tabelle 2: Verwendete Enzyme und Reaktions-Kits	21
Tabelle 3: Verwendete Primer zur Klonierung der Deletionsplasmide der Δ FgBox2-Mutanten.	22
Tabelle 4: Verwendete Primer zur Klonierung der Deletionsplasmide der Δ FgBox4-Mutanten.	23
Tabelle 5: Verwendete Primer zur Klonierung der Deletionsplasmide der Δ FgUbc2-Mutanten.	23
Tabelle 6: Verwendete Primer für den Nachweis der Integration des Deletionskonstrukts und der Resistenzkassette sowie die Synthese der HYG-Resistenzkassette.	24
Tabelle 7: Agilent Seahorse XF-Zell-Mito-Stress-Test-Reagenzien.....	46
Tabelle 8: Für die Fluoreszenzmikroskopie verwendete Fluorophore, deren Zielstrukturen sowie Extinktions- und Emissionswerte.....	49
Tabelle 9: Kandidatengene des Ubiquitin-Proteasom-Systems ausgewählt für eine Deletion in <i>F. graminearum</i>	59
Tabelle 10: Inhibierung des Koloniedurchmessers bei oxidativem sowie osmotischem Stress in %	68
Tabelle 11: Vergleichende Proteomanalyse der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 auf die 67 Sekundärmetabolit-Cluster von <i>F.graminearum</i>	90
Tabelle 12: Aurofusarin-Biosynthese-Cluster und Log2-Verhältnis der involvierten Proteine der einzelnen Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2.	90
Tabelle 13: Trichothecen-Biosynthese-Cluster und Log2-Verhältnis der involvierten Proteine der einzelnen Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2.	91
Tabelle 14: Auflistung der insgesamt 2858 zum Wildtyp 8.1 signifikant veränderten Proteine der Δ FgBox2-, Δ FgBox4- und Δ FgRAD6-Deletionsmutanten... XVII	
Tabelle 15: Auflistung der insgesamt 243 detektierten Ubiquitinierungsstellen der Δ FgBox2-, Δ FgBox4- und Δ FgRAD6-Deletionsmutanten.	CXXXVIII

1 Einleitung

In der vorliegenden Arbeit wurde der Einfluss des Ubiquitin-Proteasom-Systems auf unterschiedliche Aspekte des Lebenszyklus des Pilzes *Fusarium graminearum* (Teleomorph: *Gibberella zeae*) (Petch, 1936; Schwabe, 1839) und essentielle Pathogenitätsfaktoren betrachtet.

1.1 Der phytopathogene Pilz *Fusarium graminearum*

Der nekrotrophe pflanzenpathogene Pilz *Fusarium graminearum* (Teleomorph: *Gibberella zeae*), eingegliedert in die Abteilung haploider homothallischer Ascomycota, infiziert alle Gräser (Poacea). Als der Erreger der Ährenbleiche (engl. *Fusarium head blight; FHB*) bei Weizen (*Triticum aestivum* L.) sowie der Kolbenfäule (engl. *cob rot*) bei Mais (*Zea mays*) ist er von weltweiter ökonomischer Bedeutung (McMullen, Jones und Gallenberg, 1997).

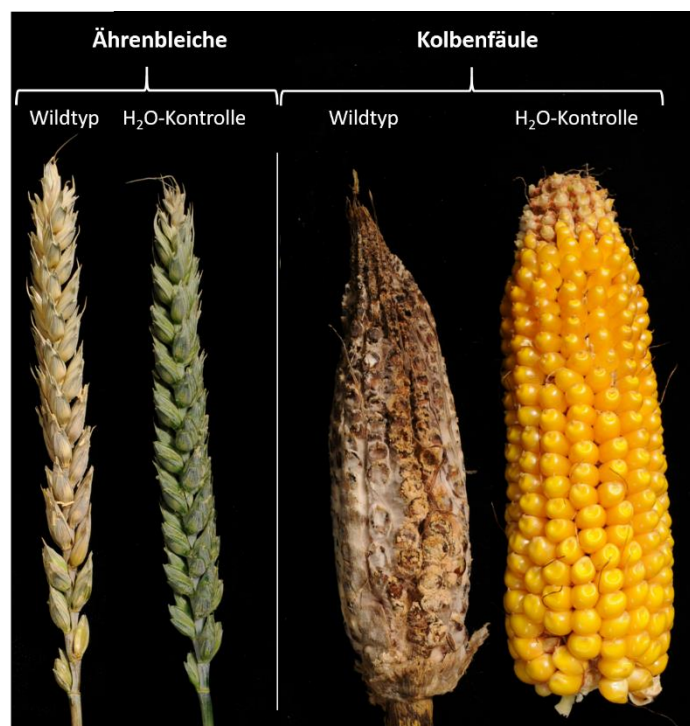


Abbildung 1: Schadbilder von der durch *F. graminearum*-Infektion verursachten Ährenbleiche auf Weizen und der Kolbenfäule auf Mais im Vergleich zu nicht infizierter H₂O-Kontrolle. (Weizeninfektion 21 dpi, Maisinfektion 42 dpi).

Ausgangspunkt einer *F. graminearum* Infektion und der weiteren Kolonisierung der gesamten Wirtspflanze bilden hierbei die Blüten. Typische Schadbilder sind in Abbildung 1 dargestellt. Neben Weizen infiziert das Blütenpathogen *F. graminearum* auch kleinkörnige Getreide wie Gerste (*Hordeum* sp.), Roggen (*Secale* sp.), Triticale, Reis (*Oryza* sp.) sowie weitere einjährige und mehrjährige Pflanzen wie die Sojabohne (*Glycine max*) (Cumagun, 2004; Cumagun und Miedaner, 2004; Paccanaro et al., 2017) und verursacht weltweit Schäden in getreideanbauenden Ländern (Dubin et al., 1997; Goswami und Kistler, 2004; Madgwick et al., 2011). Infizierte Getreidesorten zeigen drastische Einbußen der Samenqualität wie auch -quantität und sind durch die Belastung mit Mykotoxinen wie dem Trichothecen Deoxynivalenol (DON), dem phytoöstrogen Zearalenon sowie Fusarin C (Juliano und Bechtel, 1985; McMullen, et al., 1997; Trail, 2009) für die weitere Verwendung als Lebensmittel oder Futtermittel ungeeignet (D’Mello, Placinta und Macdonald, 1999). Der voranschreitende Klimawandel und dessen Einfluss auf die Häufigkeit sowie Intensität von Epidemien von Pflanzenkrankheiten (Beddington, 2010; Chakraborty, 2005; Garrett et al., 2006;) sowie die bereits heute beträchtlichen Ernteeinbußen und hohen ökonomischen Verluste (Duveiller, Singh und Nicol, 2007) rücken *Fusarium* in den globalen Fokus der Forschung.

1.1.1 Der Lebenszyklus

Die Infektion der Wirtspflanze geht von saprophytischem Myzel aus, welches auf infizierten Ernterückständen überwintert und im Frühjahr zeitgleich mit der Getreideblüte unter warmen und feuchten Bedingungen die sexuellen Fortpflanzungsstrukturen der Fruchtkörper (Perithezien) ausbildet (Gilbert und Fernando, 2004; Markell und Francl, 2003). Die von den Perithezien explosionsartig freigesetzten haploiden Ascosporen werden durch Wind, Regen oder Insekten auf die Wirtspflanzen verbreitet (Goswami und Kistler 2004; Parry, Jenkinson und McLeod, 1995; Sutton, 1982) und stellen epidemiologisch das Primärinokulum dar (Beyer und Verreet, 2005). Innerhalb der von den Ascosporen ausgehenden Besiedelung der Wirtspflanze durchläuft *F. graminearum* verschiedene morphologische Entwicklungsphasen. Die erste Phase zeichnet sich durch eine vermehrte Bildung von nicht invasiven Laufhyphen (engl. *runner hyphae*) aus, welche der schnellen Kolonisierung der Blütenblattoberfläche dienen. Für eine erfolgreiche Penetration der

Pflanzenoberfläche differenzieren sich in der zweiten Phase einzelne Hyphen zu komplexen Toxin bildenden Hyphengeflechten, den Infektionskissen (engl. *infection cushions*), durch welche die Infektion der unteren Zellschichten erfolgt (Boenisch und Schäfer, 2011). Die dritte Phase zeichnet sich durch das intra- als auch interzelluläre Wachsen der Hyphen in den Geweben der Pflanze aus. Hierbei wächst das Pathogen durch die Rachilla in die Rachis der Ähre und kolonisiert diese (Ribichich, Lopez und Vegetti, 2000).

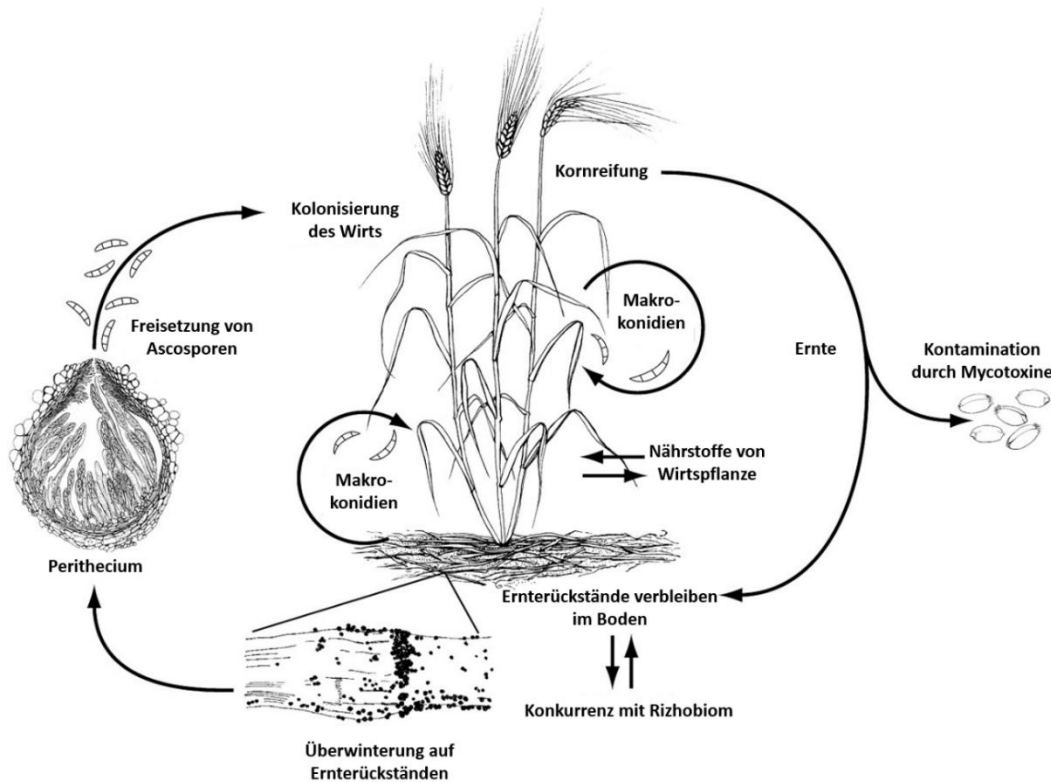


Abbildung 2: Schematische Darstellung des Lebenszyklus von *F. graminearum*. Die in den Perithezien sexuell gebildeten Ascosporen werden im Frühjahr explosionsartig freigesetzt und ermöglichen die Kolonisierung der Wirtspflanze. Während der Infektion des Wirtes werden asexuelle Sporen (Makrokonidien) gebildet, welche die Sekundärinfektion wie auch die Ausbreitung der Infektion auf weitere Wirte auslösen. Nach der Ernte des mit Mykotoxinen kontaminierten Getreides verbleibt der Pilz auf Ernterückständen und überwintert bis zur erneuten Infektion im Frühjahr im Boden. Abbildung modifiziert nach Trail (2009).

Auf den infizierten Ähren werden in der späten Phase der Infektion vegetative Makrokonidien gebildet, welche weitere Pflanzen infizieren und die Ausbreitung der Krankheit bewirken. Der Lebenszyklus ist in Abbildung 2 zusammengefasst. Entscheidend für eine erfolgreiche Kolonisierung und Infektion der Wirtspflanze ist das komplexe Zusammenspiel einer Vielzahl von zellulären Prozessen und biologischen Mechanismen. Nachfolgend wird die Rolle der Zellwand, der Biosynthese von Sekundärmetaboliten und des Energiestoffwechsels innerhalb des komplexen Infektionsprozesses von *F. graminearum* näher betrachtet.

1.2 Pathogenitätsfaktoren

Das Genom des Getreidepathogens *Fusarium graminearum* wie auch das weiterer der Gattung *Fusarium* angehörender Arten wie *Fusarium oxysporum* wurde sequenziert. Der Vergleich verwandter Protein-Familien mit nicht- pathogenen Pilzen zeigte eine Vielzahl von Genen, die für Proteine codieren, welche in die Pathogenität involviert sind (Cuomo et al., 2007; Ma et al., 2010). Unter Ihnen befinden sich neben Transkriptionsfaktoren und Transportern diverse Enzyme von Stoffwechsel- und Biosynthesewegen, wie dem Energiestoffwechsel oder der Zellwandbiosynthese wie auch eine Vielzahl an Sekundärmetaboliten wie z.B. Deoxynivalenol.

1.2.1 Die Zellwand filamentöser Pilze

Die Zellwand ist ein essentieller Faktor innerhalb des Lebenszyklus filamentöser Pilze. So ist sie involviert in Prozesse der Morphogenese, des Wachstums und der Infektion (Bartnicki-Garcia, 1968; Free, 2013; Gow, Latge und Munro, 2017). Sie stellt ein dynamisches Organell dar, welches neben einer schützenden Barriere gegen chemische und mechanische Einwirkungen auch der Aufrechterhaltung der zellulären Form sowie der Integrität dient (Gastebois et al., 2009) und es dem Organismus ermöglicht mit seiner Umgebung zu interagieren (Bartnicki-Garcia et al., 2000; Latgé, 2007). Für phytopathogene Pilze ist die Zellwand des Weiteren für die übergeordneten Prozesse der Adhäsion an den Wirtsorganismus, der Penetration sowie des Eindringens in die Wirtsoberfläche und dem Schutz vor wirtsspezifischen Abwehrmechanismen verantwortlich (Free, 2013). Aufgebaut aus einem Geflecht von Polysacchariden und Proteinen unterliegt die Zellwandkomposition ständigen morphologischen Umstrukturierungen und Modifikationen. Der komplexe Mechanismus der zeitlichen und räumlichen Synthese sowie Degradation von Zellwandbestandteilen bestimmt hierbei die Beschaffenheit, Plastizität und Dynamik (García-Rodríguez et al., 2000). Genannte Eigenschaften sind von essentieller Bedeutung innerhalb der phytopathogenen Lebensweise und der Pathogen-Wirt Interaktion. So gewährleisten sie eine starre Beschaffenheit und erhöhte Zellwandstabilität während des Kolonisierungs- wie auch Penetrations-Prozesses. Weiter ist die Umstrukturierung der Zellwand-Architektur innerhalb der Formierung von Infektionsstrukturen wie Infektionskissen sowie Appresorien während der Pflanzeninfektion essentiell. (Boenisch

und Schäfer, 2011; García-Rodríguez et al., 2000;). Die Zellwand bildet innerhalb des Infektionsprozesses die erste Komponente, welche mit den Wirtszellen interagiert und somit von der Wirtsabwehr erkannt werden könnte (Yoshimi, Miyazawa und Abe, 2017). Studien zur Zellwand filamentöser Pilze belegen, dass bestimmte Zellwand-Polysaccharide vom Wirt als Pathogen-assoziierte molekulare Muster (engl. *Pathogen-Associated Molecular Pattern*; PAMPs) identifiziert werden und so die Abwehrmechanismen auslösen (Beauvais et al., 2013). Kommt es zu einer Immunantwort der Wirtspflanze steht die Zellwand einer Kaskade von Abwehrmechanismen gegenüber. Untersuchungen zu den Abwehrmechanismen der Wirtspflanze zeigten ein umfassendes Arsenal von Stoffen mit zellwandschädigenden Eigenschaften. Unter ihnen befinden sich Phytoalexine, phenolische Verbindungen, reaktive Sauerstoffspezies, PR-Proteine (engl. *Pathogenesis-Related Protein*) sowie Zellwand lysierende Enzyme. (Elstner, 1982; Hematy, Cherk und Somerville et al., 2009; Møller und Lin, 1986; Nicholson und Hammerschmidt, 1992; Vera-Estrella et al., 1994). Phytopathogene Pilze haben daher Zellwand-Strategien entwickelt um eine Identifizierung durch das Wirtsimmunsystem zu vermeiden und die Wirtsabwehrmechanismen zu umgehen. Um die Identifizierung von PAMPs durch Mustererkennungszellwandsrezeptoren (engl. *Pattern Recognition Receptors*, PRR) des Wirtsimmunsystems zu verringern, modifizieren pathogene Pilze ihre Zellwand-Architektur. Zellwandbestandteile, die durch PRRs identifiziert werden können, werden durch solche die nicht erkannt werden überlagert und sind dadurch für eine Erkennung durch die PRRs verborgen (Rappleye, Eissenberg und Goldman, 2007). Weiter nutzen Pflanzenpathogene Polysaccharide, welche nicht durch gängige Zellwand-lytische Enzyme abbaubar sind. Die Synthese und Einlagerung dieser spezifischen Polysaccharide in die Zellwand findet daher hauptsächlich während des Infektionsprozesses statt und dient als verstärkte Barriere gegen pflanzliche Abwehrmechanismen und der Aufrechterhaltung der Zellwandstrukturen auch während erhöhtem Zellwandstress. (Fujikawa et al., 2012).

Neben dem Infektionsprozess üben veränderte Nährstoffversorgung, wechselnde Umwelteinflüsse sowie die jeweilige Entwicklung des Organismus Einfluss auf die strukturelle Zellwandkomposition aus. (Klis, 1994; Latgé, 2010; Mauro und Dietrich, 1981). So können spontan auftretende abiotische und biotische Veränderungen sowie externer Stress durch z.B. Pflanzenabwehrmechanismen aber auch der morphogenetische Wechsel von Konidien hin zur vegetativen oder invasiven Myzelformen Kompensationsreaktionen

auslösen, welche die Zellwand-Architektur hinsichtlich ihrer Struktur sowie ihrer chemischen Zusammensetzung beeinflussen (Latgé und Beauvais, 2014). Aufgrund der Zusammensetzung aus hoch konservierten wie auch artspezifischen Zellwandbausteinen und der ständigen Umstrukturierung der Zellwand-Architektur stellt die Zellwand das wohl phänotypisch vielfältigste und plastischste Organell der Zelle da (Coronado et al., 2007; Gow et al., 2017). Obgleich von zentraler Bedeutung für den Organismus, ist die Zellwand sowie deren Biosynthese besonders unter filamentösen Pilzen nur unvollständig charakterisiert (Latgé und Calderone, 2005; Lesage und Bussey, 2006).

1.2.1.1 Struktureller Zellwandaufbau

Aktuelle Studien zeigen eine hohe Variabilität des strukturellen Aufbaus und der chemischen Zusammensetzung der Zellwand innerhalb systematischer Pilzgruppen wie auch einzelner Gruppen sowie Pilzarten (Latgé, 2007). Studien zur Zellwand von *F. graminearum* sind selten und daher ist nur die chemische Komposition bekannt (Barbosa und Kimmelmeier, 1993). Auf Grundlage des Aufbaus und der Biosynthese von Zellwänden des Modellorganismus *Saccharomyces cerevisiae* (Orlean, 2012) sowie verschiedener Ascomyceten (Free, 2013; Latgé und Beauvais, 2014) kann der allgemeine strukturelle Aufbau pilzlicher Zellwände jedoch in eine innere sowie äußere Schicht aufgeteilt werden (Gow et al., 2012). Die innere Schicht, bestehend aus einem faserigen Netzwerk von Kohlenhydratpolymeren, bildet das dehnbare sowie zugleich robuste Kerngerüst, auf dem sich die äußere Schicht aus diversen Proteinen sowie Oberflächenkomponenten befinden (Gow et al., 2016). Die Zellwandproteine können hierbei durch verschiedene Kohlenhydrate wie auch Glycosylphosphatidylinositol-Anker (GPI-Anker) modifiziert sein (Bates et al., 2006; Ene et al., 2015; Warit et al., 2000). Durch die Beteiligung am Erhalt der Zellform, der Vermittlung der Adhäsion und Fusion, dem Schutz vor Fremdstoffen, der Aufnahme und Abgabe von Molekülen, der äußeren Reizübertragung und der Synthese sowie Umbau von Zellwandkomponenten tragen die Zellwandproteine und Oberflächenkomponenten entscheidend zu der Zellwand-Architektur wie auch zur Pathogenität bei (Klis et al., 2009; Pérez und Ribas, 2013). Vergleichende transmissionselektronenmikroskopische (TEM) Aufnahmen von *F. graminearum* zeigen den typischen zweischichtigen Aufbau der Zellwand. Diese besteht aus einer dunkler

erscheinenden, elektronendichten Außenschicht sowie einer transparenteren darunterliegenden inneren Schicht. Die äußere Schicht setzt sich hierbei aus glykolysierten Proteinen zusammen, welche meistens kovalent an ein Mannanrückgrat gebunden sind (Free, 2013; Klis, 1994; Schoffemeer et al., 1999). Die Hauptbestandteile der inneren Schicht bilden die Polysaccharide (1,3)- β -Glucan, (1,6)- β -Glucan und Chitin (Fontaine et al., 2000; Pérez und Ribas, 2013). Die Stabilität der Zellwand wird über eine β -(1,4)-Bindung des Glucans an das Chitin vermittelt. Der allgemeine zweischichtige Zellwandaufbau ist in Abbildung 3 dargestellt.

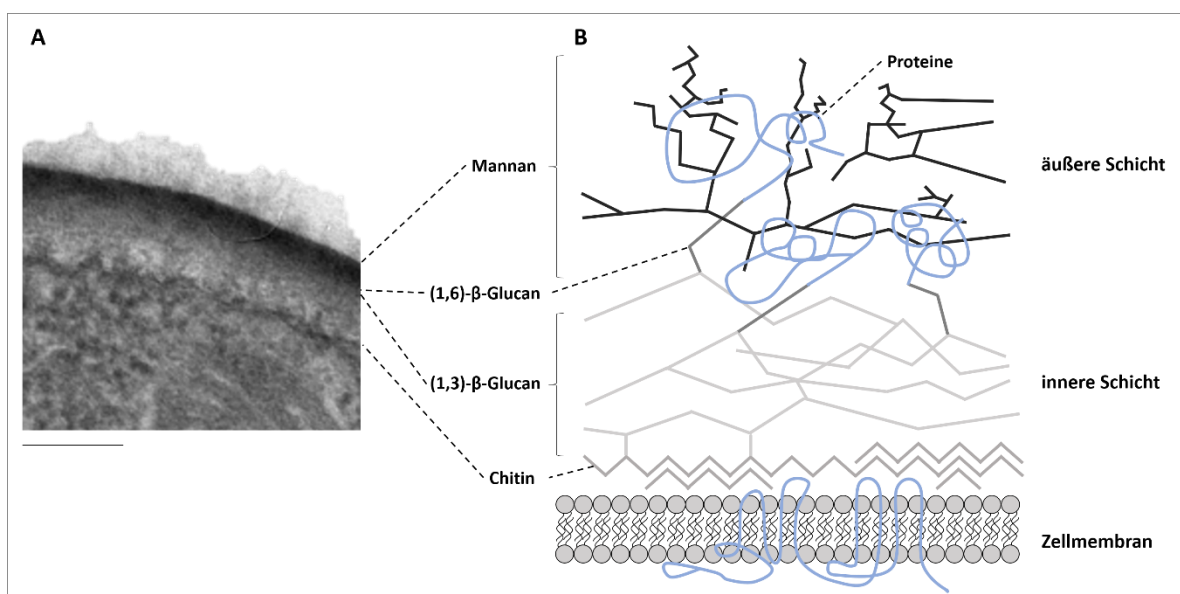


Abbildung 3: Allgemeiner struktureller Aufbau einer pilzlichen Zellwand.

A Die Transmissionselektronenmikroskopische (TEM) Aufnahme (Baermann) des zweischichtigen Zellwandaufbaus von *F. graminearum*. zeigt eine dunkel gefärbte, elektronendichte Außenschicht und eine helle, darunterliegende Schicht. Maßstab: 50 nm.

B Schematische Darstellung des allgemeinen Zellwandaufbaus von Pilzen. Dargestellt ist die Anordnung der Hauptkomponenten am Beispiel von *C. albicans* (Gow et al., 2012). In der Zellmembran verankerte Zellwand-Strukturproteine (blau) katalysieren die Biosynthese von strukturgebenden Polymeren, wie Chitin und (1,3)- β -Glucan. Die innere Zellwand, im TEM als helle Schicht erkennbar, besteht aus einem Netzwerk von Chitin, (1,3)- β -Glucan und (1,6)- β -Glucan. Die äußere Schicht der Zellwand besteht aus Glycoproteinen, zusammengesetzt aus Mannan und je nach Pilz artspezifischen Proteinen.

1.2.2 Sekundärmetabolit-Cluster von *F. graminearum*

Während des vegetativen Wachstums wie auch des Infektionsprozesses synthetisieren filamentöse Pilze eine Vielzahl bioaktiver niedermolekularer Verbindungen, die Sekundärmetabolite (SM). Sie werden innerhalb verschiedener Entwicklungsprozesse gebildet (Perez-Nadales et al., 2014; Scharf, Heinekamp und Brakhage, 2014) und ihre

Produktion korreliert mit spezifischen Stadien der morphogenetischen Differenzierung (Keller, Turner und Bennett, 2005). Sekundärmetabolite nehmen eine wichtige Rolle in der Infektion der Wirtspflanze, der kompetitiven Abwehr von Mikroorganismen, der Differenzierung, der interspezifischen Kommunikation und Symbiose sowie als Transportmittel ein (Demain und Fang, 2000). Aufgrund ihrer umfangreichen Eigenschaften und ihrer Bedeutung für die Organismen befassen sich immer mehr Studien mit der Aufklärung und Identifizierung neuer SM-Biosynthesewege sowie mit den an der Synthese beteiligten Genen (Yu und Keller 2005; Zain et al., 2009). Die Synthese der meisten Sekundärmetabolite erfolgt über Intermediate aus Stoffwechselwegen des primären Metabolismus. So bildet das aus dem Tricarbonsäurezyklus stammende Acetyl-CoA die Grundlage für Sekundärmetabolite der Gruppen der Polyketide, Terpene, Steroide sowie von Fettsäurederivaten. Weitere Sekundärmetabolite entstehen aus Intermediaten des Shikimisäureweges sowie aus Aminosäuren (Dreyfuss und Chapela 1994). Die Gene, welche für die an der SM-Synthese beteiligten Enzyme kodieren, sind in Sekundärmetabolit-Gen-Clustern zusammengefasst. Diese sind innerhalb eines Genabschnitts lokalisiert und weisen ähnliche Expressionsprofile auf (Keller und Hohn, 1997). Charakteristisch für ein Sekundärmetabolit-Cluster ist das Vorhandensein von Schlüsselenzymen wie Polyketidsynthasen, nicht-ribosomale Proteinsynthasen, Tryptophansynthasen und Dimethylallyltryptophansynthasen. Sie treten vermehrt in SM-Clustern auf und übernehmen entscheidende Syntheseschritte hin zum Sekundärmetabolit. Weitere Enzyme wie die Cytochrom P450 Monooxygenasen sind ebenfalls gute Indikatoren, um Sekundärmetabolit-Cluster zu identifizieren (Pusztahelyi, Holb und Pócsi, 2015). Anhand dieser Charakteristika und bioinformatischer Analysen konnten 67 mögliche Sekundärmetabolit-Cluster und dazugehörige Gene in *F. graminearum* identifiziert werden. Von diesen wurden 13 SM-Cluster bereits beschrieben. Unter ihnen befinden sich das Mykotoxin Deoxynivalenol und das Polyketid Aurofusarin (Sieber et al., 2014).

1.2.2.1 Deoxynivalenol (DON)

Das für Tiere und Menschen toxische Sekundärmetabolit Deoxynivalenol (DON) gehört zur Gruppe der Trichothecene. In Eukaryoten hemmen Trichothecene die Proteinbiosynthese und interferieren wahrscheinlich mit Genen, die während der Pflanzenabwehr exprimiert

werden. DON wird von *F. graminearum* während des Infektionsprozesses gebildet und ist ein bedeutender Virulenzfaktor der frühen Infektionsphase von Weizen (Boenisch und Schäfer, 2011; Poppenberger et al., 2003; Rocha et al., 2005). Bereits während der Ausbildung von Infektionsstrukturen, wie den Infektionskissen, kommt es zu einer Induktion der DON-Synthese. Die Erstellung von DON defizienten Mutanten zeigte jedoch, dass der DON-Biosyntheseweg nicht an der Bildung der Infektionskissen wie auch des Penetrationsprozesses beteiligt ist (Boenisch und Schäfer, 2011). Die Deletion von Schlüsselenzymen der DON-Biosynthese wie der Trichodien-Synthase FgTRI5 zeigten jedoch, dass DON von entscheidender Bedeutung für die weitere Kolonisierung des Leitgewebes der Weizenähre durch die Überwindung des Rachisknoten der infizierten Blüte ist (Maier et al. 2006; Proctor, Hohn und McCormick, 1995). Durch die Deletion zweier negativer Regulatoren der DON-Biosynthese konnte die DON-Synthese erhöht und die Virulenz gesteigert werden (Gardiner, Kazan und Manners, 2009).

1.2.2.2 Aurofusarin

Ein weiteres von *F. graminearum* gebildetes Sekundärmetabolit ist das rote Pigment Aurofusarin. Das zur Stoffgruppe Naphthochinone gehörende Metabolit ist ein Homodimer und in der Gattung *Fusarium* weit verbreitet (Baker und Roberts 1996; Samson, Frisvad und Hoekstra, 2000; Shibata et al., 1966). Nachgewiesen werden konnte die Synthese von Aurofusarin während des *in vitro* Wachstums. Weiter wurden in infizierten Weizenkörnern Konzentrationen von 4,2 mg/kg Aurofusarin beschrieben (Kotik und Trufanova, 1998). Naphthochinone werden in die große und sehr diversen Klasse der Polyketide eingegliedert und kommen sowohl in Pilzen, Pflanzen und Bakterien vor (Hranueli et al., 2001; Medentsev und Akimenko, 1998; Thomson, 1971). Neben der biologischen Funktion als Pigment (Butler et al., 2001) umfasst das Wirkspektrum der Polyketide insektizide (Claydon und Groves, 1982), antibakterielle (Berdy et al., 1980; Ramesh und Mathivanan 2009), fungizide (Baker, Tatum und Nemeč, 1990; Medentsev et al., 1993) und mycotoxische Eigenschaften (Uhlig et al., 2006; Vejdovszky et al., 2017). In *F. graminearum* wurde 2005 von Malz et al. die Struktur des Genclusters des Aurofusarin-Biosyntheseweges beschrieben und das Schlüsselenzym, die Polyketidsynthase 12 (FgPKS12), deletiert. Trotz der nachgewiesenen Synthese von Aurofusarin während des Infektionsprozesses zeigten

Aurofusarin-defiziente Mutanten keine Verringerung in der Virulenz gegenüber Weizen (Malz et al., 2005). Neben der unveränderten Virulenz wiesen die Aurofusarin-defizienten Mutanten je nach deletiertem Enzym des Clusters veränderte Wachstumsphänotypen wie auch eine veränderte Pigmentierung des Myzels auf (Malz et al., 2005; Frandsen et al., 2006). Untersuchungen zur antibakteriellen und fungiziden Eigenschaft von Aurofusarin in *F. graminearum* zeigte eine teilweise sowie vollständige Hemmung des Wachstums von sowohl gram-positiver Bakterien und Hefen sowie des phytopathogenen Pilzes *Pyrenophora teres* (Malz, 2004). Anhand von vergleichenden Transkriptomanalysen der Infektionsstrukturen der frühen Infektionsphase von *F. graminearum* konnte eine erhöhte Expression des Aurofusarin-Biosynthese-Clusters in Laufhyphen nachgewiesen werden (Persönliche Mitteilung Prof. Dr. Wilhelm Schäfer, Arbeitsgruppe Molekulare Phytopathologie, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie (IPM), Universität Hamburg). Die erhöhte Expression des Biosynthese-Clusters innerhalb der Laufhyphen der frühen Infektionsphase und die bekannte antibakterielle sowie fungizide Eigenschaft könnte auf eine antagonistische Funktion bezüglich konkurrierender Mikroorganismen hindeuten.

1.2.3 Energiestoffwechsel

Die Grundlage des gesamten Metabolismus eukaryotischer Organismen ist die Bereitstellung von Energie. Sie wird für alle zellulären Prozesse wie den Zellwandaufbau sowie Synthese von Molekülen und in allen Biosynthesewegen benötigt. Bereitgestellt wird diese Energie in Form des universellen Energieträgers Adenosintriphosphats (ATP). ATP wird hierbei aus Adenosinediphosphate (ADP) und anorganischem Phosphat (engl. *Inorganic Phosphate*, Pi) innerhalb unterschiedlichster Stoffwechselwege direkt oder indirekt durch Bereitstellung von Reduktionsäquivalenten generiert. Allgemein werden diese Stoffwechselwege in Elektronentransportphosphorylierung, zu welcher die Atmungskette gehört und Substratkettenphosphorylierung unterteilt. Eingegliedert in die Substratkettenphosphorylierung werden unter anderem die Glykolyse und der Tricarbonsäurezyklus (TCA-Zyklus). Die Stoffwechselwege sind komplexe Reaktionsabfolgen, welche linear oder zyklisch ablaufen und in deren Verlauf sowohl katabole als auch anabole Reaktionsschritte vorkommen. Die einzelnen Stoffwechselwege

und deren Zwischen- sowie Endprodukte bilden ein eng miteinander verbundenes Netzwerk. So werden Endprodukte der Glykolyse, der β -Oxidation wie auch des Proteinstoffwechsels in den TCA-Zyklus eingeschleust, dort weiter verstoffwechselt und die Zwischenprodukte wie FADH_2 oder NADH in die Atmungskette transferiert. Diese Verbundenheit der einzelnen Stoffwechselwege untereinander sowie die essentiellen Schlüsselsubstrate an wichtigen Knotenpunkten wie Acetyl-CoA, α -D-Glucose-6-phosphat, Oxalacetat, Pyruvat, Succinyl-CoA machen das System anfällig für Störungen. Kommt es zum Verlust eines der Schlüsselenzyme innerhalb eines Stoffwechselweges sind mit hoher Wahrscheinlichkeit auch weitere Stoffwechselwege davon betroffen. Aufgrund dieser übergeordneten Bedeutung können Defizite in einzelnen Stoffwechselwegen Einfluss auf eine Vielzahl von Prozessen des Lebenszyklus ausüben. So zeigten Untersuchungen von Oxalacetat, dass dieses als Vorstufe der Oxalsäure ein wichtiger Pathogenitätsfaktor des Pilzes *Botrytis cinerea* bei der Infektion der Wirtspflanze ist (Gonzalez-Fernandez et al., 2014). Oxalacetat ist ein Schlüsselsubstrat des TCA-Zyklus. Weitere Studien zum im TCA-Zyklus gebildeten Stoffwechselprodukt Glutamat und dessen Folgeprodukt γ -Aminobuttersäure (engl. **Gamma-Aminobutyric Acid**, GABA) in *F. graminearum* zeigten, dass GABA neben der allgemein bekannten Funktion als Botenstoff auch Einfluss auf die Virulenz sowie die mitochondriale Respiration ausübt (Bönnighausen et al., 2015). Ein weiterer wichtiger Pathogenitätsfaktor ist das vom Energieträger ATP abgeleitete cyclische Adenosinmonophosphat (eng. **cyclic Adenosine Monophosphate**, cAMP). Die Deletion der Adenylylcyclase (ΔFgac1), welche die Reaktion von ATP zu cAMP vermittelt, konnte zeigen, dass die Störung des intrazellulären cAMP Levels der ΔFgac1 -Mutanten Einfluss auf das Wachstum, die sexuelle Reproduktion und den morphogenetischen Wechsel von vegetativen zu pathogenem Lebensstil in *F. graminearum* hat (Bormann et al. 2014). Die bedeutendste Quelle für ATP und damit für den gesamten Energiestoffwechsel des Organismus ist die Atmungskette. Weiter werden in ihr die aus der Substratkettenphosphorylierung stammenden Reduktionsäquivalente wie FADH_2 oder NADH regeneriert und so wieder für den Stoffwechsel zur Verfügung gestellt. Störungen in der mitochondrialen Atmung können daher weitreichende Folgen für den gesamten Organismus haben.

1.2.3.1 Die Atmungskette (Oxidative Phosphorylierung)

Der während der aeroben Atmung in den Mitochondrien stattfindende Prozess der Energiegewinnung ist innerhalb der Domäne der Eukaryoten für etwa 95 % der zellulären ATP-Synthese verantwortlich (Gonçalves und Videira, 2015; Grahl et al., 2012). Der Elektronentransfer von NADH sowie NAD(P)H zu molekularem Sauerstoff (O_2) und Wasser (H_2O) wird in der Atmungskette über vier Enzym-Komplexe vermittelt. Er dient neben der Energiegewinnung über oxidative Phosphorylierung von Adenosindiphosphat (ADP) zu Adenosintriphosphat (ATP) auch der Oxidation reduzierter Reduktionsäquivalente durch schrittweise Übertragung von Elektronen (s. Abbildung 4, Elektron (e^-)). Grundlage der Energiegewinnung sind die in der inneren Mitochondrienmembran lokalisierten Komplexe I (NADH-Dehydrogenase), III (Cytochrom-c-Reduktase) und IV (Cytochrom-c-Oxidase). Diese generieren durch Pumpen von Protonen aus der mitochondrialen Matrix in den Intermembranraum einen elektrochemischen Protonengradienten (s. Abbildung 4, H^+).

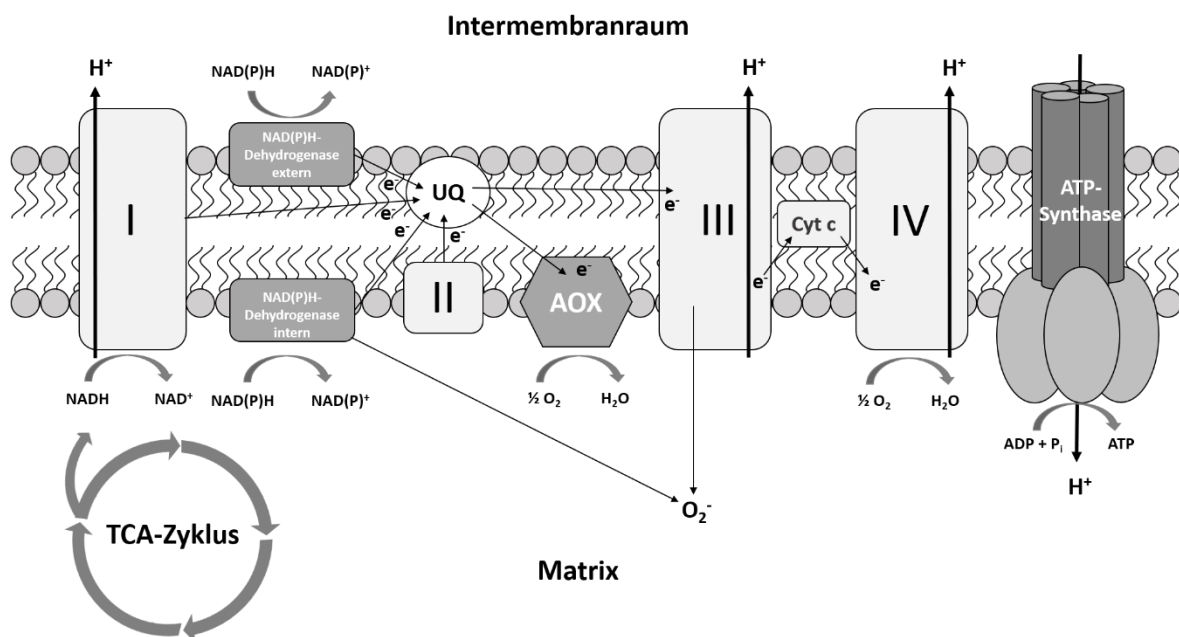


Abbildung 4: Schematische Darstellung der Elektronentransportkette (ETK) in Pilzen. Die Komplexe I, III und IV erzeugen durch Pumpen von Protonen aus der Matrix in den Intermembranraum einen Protonengradienten. Der Protonengradient wird von der ATP-Synthase zur Generierung von ATP aus ADP und P_i genutzt. Der lineare Elektronenfluss (e^-) erfolgt dabei über Komplex I und II auf das Coenzym Ubiquinon (UQ), welches die Elektronen weiter zum Komplex III vermittelt. Dieser transferiert die Elektronen anschließend durch Cytochrom c zum Komplex IV. Der nicht lineare Elektronenfluss beinhaltet die Alternative Oxidase (AOX) sowie die Alternative NAD(P)H-Dehydrogenase. Die AOX überbrückt die Komplexe III sowie IV und überträgt Elektronen vom Ubiquinon direkt auf Sauerstoff ($\frac{1}{2} O_2$). Die Alternative NAD(P)H-Dehydrogenase vermittelt die Oxidation von internen und externen NADH wie auch NAD(P)H. Das im TCA-Zyklus generierte NADH und Succinat wird über die ETK zu NAD^+ sowie Fumarat oxidiert. Abbildung modifiziert nach Vanlerberghe (2013).

Der Protonengradient wird von der ATP-Synthase verwendet, um die Synthese von ATP zu katalysieren. Neben den herkömmlichen Komplexen der Atmungskette konnten weitere alternative Enzyme wie NAD(P)H-Dehydrogenasen und Oxidasen (Alternative Oxidasen, AOX) identifiziert werden, welche entweder parallel zu den Komplexen arbeiten oder deren Funktion bei einer etwaigen Störung übernehmen können. So fungieren die alternativen NAD(P)H-Dehydrogenasen ähnlich wie Komplex I und oxidieren Matrix-NADH + H⁺ zu NAD⁺. Zusätzlich ermöglichen sie auch die Oxidation von zytoplasmatischem NADH wie auch NAD(P)H. Die Alternative Oxidase ermöglicht die Fortsetzung der zellulären Atmung trotz Inhibierung der Komplexe III und IV durch direkte Übertragung der Elektronen des Ubiquinon (s. Abbildung 4, UQ) auf die AOX und anschließende Reduktion von O₂ zu H₂O (Elthon und McIntosh, 1987; Joseph-Horne, Hollomon und Wood., 2001). Die Energieausbeute ist aufgrund des verringerten Protonengradienten hierbei deutlich reduziert (Avila-Adame und Köller, 2003). Während der Elektronentransportkette und letztlichen Reduktion von Sauerstoff kann es zur Bildung relativ stabiler Zwischenprodukte kommen. Eines dieser Produkte ist das hoch reaktive Superoxid (O₂⁻), welches den reaktiven Sauerstoffspezies (ROS) zugeordnet wird und Ausgangspunkt für die Generierung weiterer ROS ist (Forman und Kennedy 1974; Loschen et al. 1974). Das macht die Mitochondrien zu einer der wichtigsten Quellen von reaktiven Sauerstoffspezies innerhalb der Zelle (Andreyev, Kushnareva und Starkov, 2005; Turrens, 2003).

1.2.4 Reaktive Sauerstoffspezies

Reaktive Sauerstoffspezies (ROS) bezeichnet eine Anzahl von hoch reaktiven Molekülen, die durch Energietransfer oder Elektronentransfer aus molekularem Sauerstoff entstehen (Klotz, 2002). Hierzu werden freie Radikale oder nicht-radikale Verbindungen wie Superoxid (O₂⁻), Hydroxyl (OH) und Wasserstoffperoxid (H₂O₂) sowie die Unterklasse der Stickstoffverbindungen enthaltenen reaktiven Stickstoffspezies (RNS) gezählt (Elstner, 1982). Hauptsächlich entstehen reaktive Sauerstoffspezies als Nebenprodukte verschiedener Stoffwechselwege wie z.B. dem Lipidstoffwechsel oder der Elektronentransportkette in Zellkompartimenten wie den Mitochondrien und Peroxisomen (Heller und Tudzynski, 2011). Aufgrund ihrer Reaktivität und zellschädigender Eigenschaft bei erhöhter Konzentration wird ein zelluläres Gleichgewicht aus Generierung und Abbau

von ROS aufrechterhalten (Babior, 2000; Moncada, Palmer und Higgs, 1991; Suzuki, Forman und Sevanian, 1997). Der Abbau von ROS wird hierbei über antioxidative Enzyme wie Superoxid-Dismutasen (SOD), Katalasen, Peroxidasen, Glutathion und Thioredoxin vermittelt (Babior, 2000; Marroquin-Guzman et al., 2017; Moncada et al., 1991; Suzuki et al., 1997;). Der unkontrollierte Anstieg und die Verschiebung des Gleichgewichts zu Gunsten der Generierung von ROS (oxidativer Stress) führt zur Kettenreaktion, in dessen Verlauf es zur Lipidperoxidation, Oxidation von Makromolekülen, Schädigung von Nukleinsäuren sowie programmiertem Zelltod (engl. *Programmed Cell Death*, PCD) kommt (Beckman und Ames, 1998; Meriga et al., 2004; Shah et al.; 2001; Verma und Dubey 2003). Daten neuerer Arbeiten zeigten neben der zellschädigenden Eigenschaft reaktiver Sauerstoffspezies auch die Bedeutung für zellinterne Prozesse wie Apoptose, Genexpression, Differenzierung, Signaltransduktion, Ionentransport, Immunantwort und Zell-Signalkaskaden (Hancock, Desikan und Neill, 2001; Dröge, 2002).

1.3 Proteinstoffwechsel

Der Proteinstoffwechsel in lebenden Zellen ist ein eng auf äußere Bedingungen und intrazelluläre Anforderungen abgestimmter Prozess (Kafri et al., 2015). Immer mehr Indizien weisen aber darauf hin, dass die Proteine die an Stoffwechselwegen wie der Glykolyse, des Tricarbonsäurezyklus, des Glyoxylatzyklus und weiteren verschiedenen Biosynthesewegen mitwirken auch an der Virulenz und Pathogenese beteiligt sind (McClelland et al., 2016). Der Proteinstoffwechsel und die Regulation einzelner Proteine einer Zelle sind somit von entscheidender Bedeutung (Finley, 2009; Ho et al., 2006; Mitch und Goldberg, 1996). Die Anzahl sowie Spezifität der Proteine innerhalb einer Zelle werden hierbei durch die Prozesse der Proteinsynthese sowie des Proteinabbaus bestimmt (Mitch und Goldberg, 1996). Ist die Biosynthese von Proteinen und deren Einfluss in Pilzen bereits intensiv untersucht, sind Studien über die Bedeutung des gezielten Proteinabbaus auf zelluläre Prozesse selten (Margaret, Pei-I und Chien, 2006). Vermittelt wird der Proteinabbau durch lysosomale Proteolyse oder das Ubiquitin-Proteasom-System (Lecker, Goldberg und Mitch, 2006), wobei die lysosomale Proteolyse intrazellulärer Proteine im Vergleich zum Ubiquitin-Proteasom-System eine untergeordnete Rolle einnimmt (Glickman und Ciechanover, 2002; Lecker et al., 2006; Rock et al., 1994).

1.3.1 Das Ubiquitin-Proteasom System

Die schnelle und spezifische Protein-Degradation sowie -Modifikation durch das Ubiquitin-Proteasom-System (UPS) umfasst zwei wesentliche Schritte. Die kovalente Bindung der Ubiquitin-Moleküle an das zu degradierende Protein und der Abbau des so markierten Proteins durch das 26S-Proteasom (Hershko und Ciechanover, 1998; Kornitzer und Ciechanover, 2000; Voges, Zwickl und Baumeister, 1999). Die Markierung des Ziel-Proteins durch Ubiquitin gliedert sich in drei einzelne Kaskaden. Die Aktivierung durch ein Ubiquitin-aktivierendes Enzym (E1), die Konjugation an ein Ubiquitin-konjugierendes Enzym (E2) und die Übertragung an das Ziel-Protein durch eine Ubiquitin-Ligase (E3). Der C-terminale Glycin-Rest des Ubiquitin wird in einem ersten ATP-verbrauchenden Schritt durch eine Thioesterbindung an den Cystein-Rest des E1-Enzyms gebunden. Das aktivierte Ubiquitin wird anschließend auf einen Cystein-Rest des Zentrums des Ubiquitin-Trägerproteins E2 übertragen. Im dritten Schritt, der durch die Ubiquitin-Proteinligase E3 katalysiert wird, erfolgt die Übertragung des Ubiquitins an das Substratprotein. Diese Übertragung wird über eine Isopeptid-Bindung zwischen der Aminogruppe des Lysin-Rests des Zielproteins und dem C-Terminus des Glycin-Rest des Ubiquitins vermittelt (Cardozo und Pagano, 2004; Hershko und Ciechanove, 1998; Ou und Chien, 2003; Pickart und Eddins, 2004).

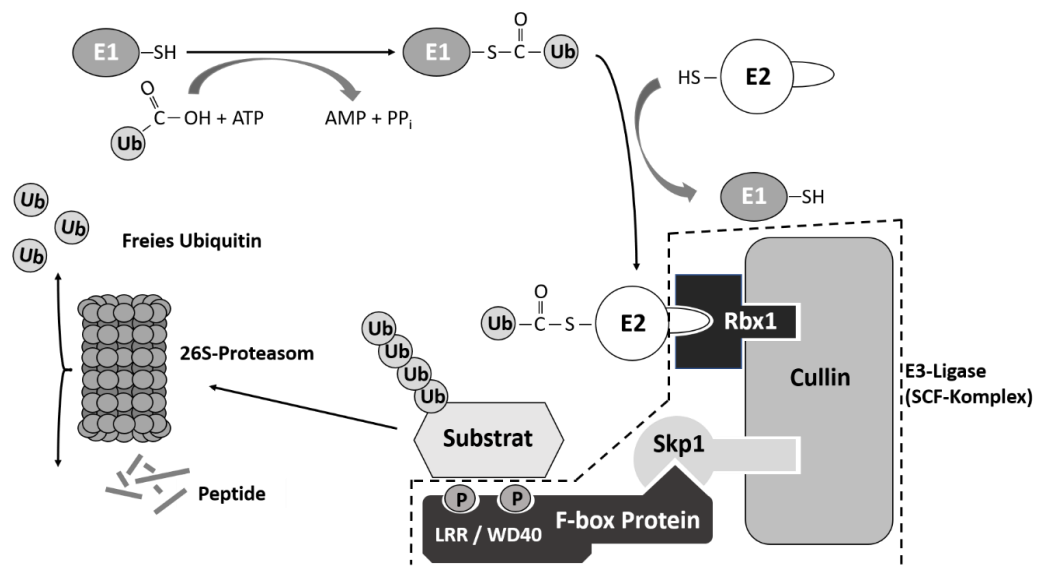


Abbildung 5: Schematische Darstellung des durch das Ubiquitin-Proteasom-System vermittelten Abbaus oder der Modifikation des Zielsubstrates. Das in einem ATP-abhängigen Prozess durch das Ubiquitin-aktivierende Enzym (E1) rekrutierte Ubiquitin (Ub) wird in einem nächsten Schritt an das Ubiquitin-konjugierende Enzym (E2) überführt. Das Ubiquitin wird letztlich mittels des dritten Enzymkomplexes, der Ubiquitin-Ligase (E3), an das durch ein F-Box Protein rekrutierte Zielsubstrat gebunden. Die Bindung erfolgt hierbei über die C-terminale Substratbindungsdomäne Leucin reicher Wiederholungen (engl. *Leucine-rich repeat*, LRR) oder die Bindedomäne WD40. Der Prozess der Markierung kann hierbei wiederholt werden. Der Abbau erfolgt schließlich über das 26S-Proteasom. Abbildung modifiziert nach Liu und Xue (2011).

Die kovalente Bindung des Ubiquitins an das Zielsubstrat, die Ubiquitinierung, ist hierbei entscheidend für das weitere Schicksal des Zielsubstrates (Sadowski et al., 2012). Wesentlich für den Einfluss auf die Vielzahl an zellulären Prozessen wie Zellzyklus, zirkadiane Uhr, Transkription, Entwicklung, Signalübertragung und Nährstofferkennung (Jonkers und Rep, 2009) ist die kovalente Bindung des Ubiquitin an das Zielsubstrat wie auch die spezifische Rekrutierung des Zielsubstrates durch die F-Box-Proteine. Studien befassten sich bereits mit dem regulatorischen Einfluss des Ubiquitin-Proteasom-Systems in pathogenen Pilzen und konnten zeigen, dass es neben einer Vielzahl an regulatorischen Prozessen auch die Virulenz beeinflusst (Duyvesteijn et al., 2005; Liu et al., 2011).

1.3.2 Das regulatorische Ubiquitin Protein

Das innerhalb der Domäne der Eukaryoten hoch konservierte Polypeptid Ubiquitin (Ub), besteht aus 76 Aminosäuren und bildet die Grundlage der UPS vermittelten Proteindegradation sowie -modifikation. Die Konjugation an Lysin-Reste des Zielsubstrates erfolgt über den Glycin-Rest des Ubiquitins. Ubiquitin selbst enthält jedoch auch sieben Lysin-Reste, die jeweils alle als Akzeptoren für eine weitere Ubiquitin-Konjugation fungieren (s. Abbildung 6, B). Die Eigenschaft der Monomeren- sowie Polymeren-Konjugation ermöglicht die Monoubiquitinierung (Bindung eines Substrat-Lysins), Multi-Monoubiquitinierung (Bindung mehrerer Substrat-Lysine) wie auch Polyubiquitinierung (Bindung an weiteres Ub-Lysin) des Zielsubstrates (Haglund und Dikic, 2005; Welchman, Gordon und Mayer, 2005). Es bildet damit die Grundlage der Vielseitigkeit der Regulierung, die sich keinesfalls nur auf die Degradation des ubiquitinierten Proteins beschränkt. Nachgewiesen ist der Einfluss der Monoubiquitinierung des Zielsubstrates auf zelluläre Prozesse wie DNA-Reparatur, Genexpression und Endozytose (Di Fiore, Polo und Hofmann, 2003; Haglund et al., 2003; Hicke, 2001) sowie bei der Multi-Monoubiquitinierung auf die rezeptorvermittelte Endozytose. Die Degradation des Zielsubstrates durch das 26S-Proteasom wird im Allgemeinen durch die Polyubiquitinierung von Lysinen auf den Positionen K11 und K48 vermittelt (Thrower et al., 2000; Williamson et al., 2009). Wohingegen Ubiquitin-Ketten an Position K63 die Signaltransduktion wie auch Endozytose beeinflussen. Lineare Ubiquitin-Ketten gebunden an einen N-terminalen Methionin-Rest, regulieren die NF- κ B-Aktivität und darüber die Transkription (Tokunaga et al., 2009).

Weitgehend unbekannt ist die Rolle von Polyubiquitinierungen an den Positionen K6-, K27-, K29- und K33 (Johnson et al., 1995; Kim et al., 2007; Peng et al., 2003). Eine Übersicht über die verschiedenen Ubiquitinierungen ist in Abbildung 6 gezeigt. Vor dem eigentlichen Prozess der Ubiquitinierung muss das Zielsubstrat jedoch lokalisiert, rekrutiert und zur SCF-Ligase (E3) transportiert werden. Die F-Box-Proteine, welche diesen Prozess vermitteln, bilden die zweite Schlüsselkomponente, auf der die Vielseitigkeit und Spezifität des UPS beruht.

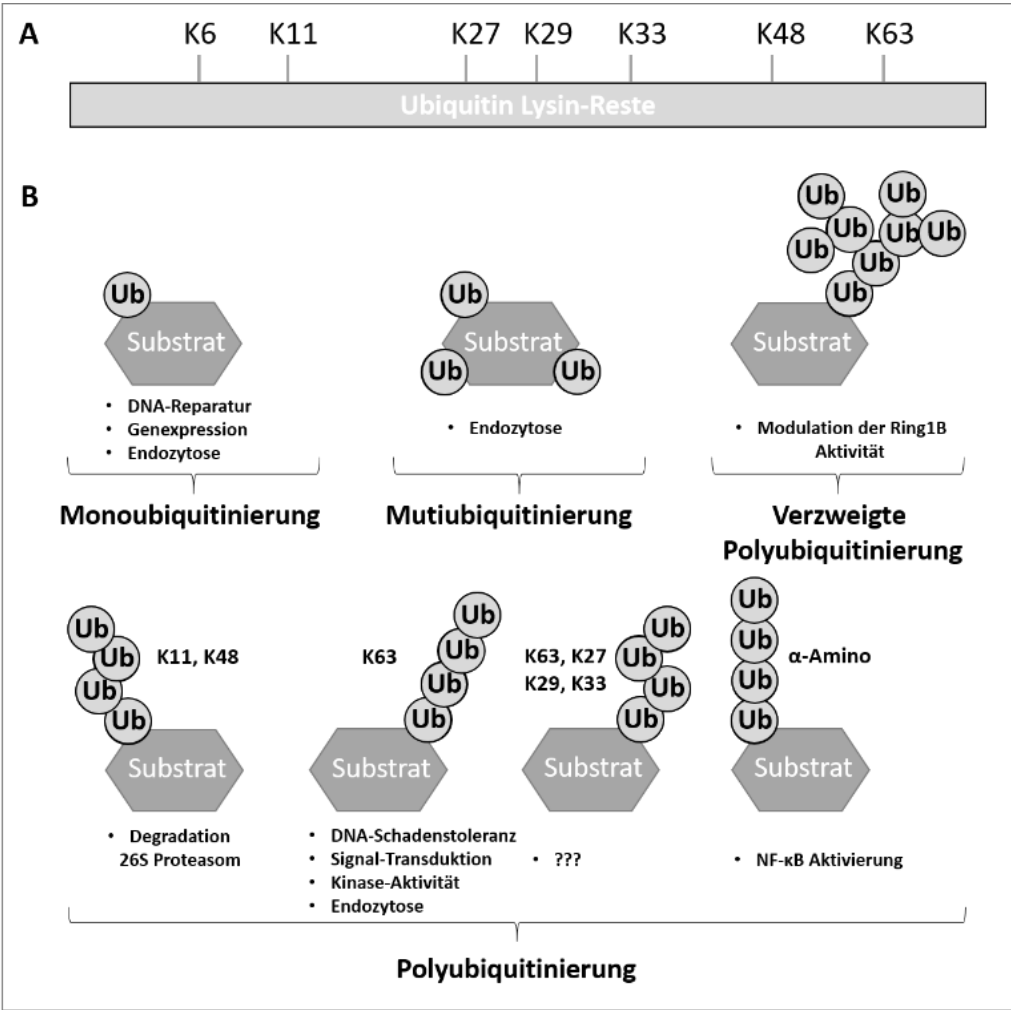


Abbildung 6: Für eine Ubiquitinierung verfügbare Lysinreste (K) des Ubiquitins (A) sowie eine Übersicht möglicher Ubiquitinierungen des Zielsubstrates (B).

A: Die sieben verfügbaren Lysin-Reste auf der Oberfläche des Ubiquitin Moleküls.
B: Schematische Darstellung der einzelnen Ubiquitin-Modifikationen sowie ihre Funktionen. Die Vielseitigkeit von Ub bei der Regulierung verschiedener Prozesse ist von seiner Fähigkeit begleitet, Mono-, Multi- und Polyubiquitinierungen einzugehen. Abbildung modifiziert nach Sadowski et al. (2012).

1.3.3 Die F-Box-Protein Familie

Die F-box-Proteine sind neben Ubiquitin ein unerlässlicher Bestandteil des UPS und wurden erstmals 1996 beschrieben (Bai et al., 1996). Sie sind nach der konservierten Domäne, in welcher es identifiziert wurde, dem humanem Cyclin F (Bai, Richman und Elledge, 1994), benannt. Innerhalb des UPS interagieren sie im Allgemeinen mit Skp1 des SCF E3-Ligasekomplexes (Skp1, Cullin, F-Box-Proteine), für den sie die für eine Ubiquitinierung vorgesehen Zielproteine rekrutieren (Feldman et al., 1997; Skowrya et al., 1997). F-Box-Proteine besitzen hierfür neben einem F-Box-Motiv, welches die Bindung an Skp1 vermittelt, auch Leucin-reiche Wiederholungen (engl. *Leucin rich repeats*, LRR) sowie WD40-Wiederholungen. WD40-Wiederholungen bestehen aus etwa 40 Aminosäuren und enden oft auf Tryptophan (W)-Asparaginsäure (D), mit denen sie an das Zielprotein binden (Bai et al., 1996; Kipreos und Pagano, 2000). Aufgrund der Substratspezifität spielen F-Box-Proteine eine entscheidende Rolle in der Regulierung des Niveaus bestimmter Proteine innerhalb einer Zelle. Sie beeinflussen hierrüber eine Vielzahl von grundlegenden zellulären Mechanismen wie Zellzyklus, mitochondriale Konnektivität, zirkadiane Uhr, Transkription, Entwicklung, Signalübertragung und Nährstofferkennung (Enkhbayar et al., 2004; Ho, Tsai und Chien, 2006; Jonkers und Rep, 2009). Aktuelle Studien des F-Box-Proteins Frp1 in *F. graminearum* bestätigten die Bedeutung, welche auf F-Box-Proteine entfällt. Es zeigte sich, dass eine Deletion des F-Box-Proteins Frp1 neben der sexuellen Fortpflanzung auch die Infektion negativ beeinträchtigt (Jonkers et al., 2011). Trotz einiger neuer Studien rückt die Rolle von F-Box-Proteinen in filamentösen Pilzen erst langsam in den Fokus der Forschung (Duyvesteijn et al., 2005; Krappmann et al., 2006).

1.4 Zielsetzung des Promotionsvorhabens

Fusarium graminearum (Teleomorph: *Gibberella zeae*) hat vielfältige Infektionsstrategien für die Kolonisierung und Infektion der Wirtspflanzen entwickelt (Jonkers et al., 2011). Ein großer Anteil an der Regulation der während der Kolonisierung und der Infektion beteiligten Virulenzfaktoren sowie grundlegender physiologischer Prozesse entfällt hierbei auf die Kontrolle des Proteinumsatzes (Han et al., 2007) über das Ubiquitin-Proteasom-System (UPS). Nur wenig ist allerdings derzeit über den Einfluss des UPS auf die Biologie von *F. graminearum* bekannt. Ziel ist es deswegen, ein besseres Verständnis über das UPS und seiner beteiligten Komponenten zu erlangen und mögliche betroffene Signalwege oder zelluläre Mechanismen zu charakterisieren. Im Verlauf der Arbeit wurden hierfür auf Grundlage von Transkriptomdaten vielversprechende Kandidatengene deletiert. Die daraus resultierenden Mutanten wurden mittels anschließender Proteom-, Ubiquitom- und Funktionsanalyse auf Veränderungen des Wachstumsverhaltens, der sexuellen Entwicklung und der Virulenz getestet. Von besonderem Interesse waren die allgemeinen Veränderungen im Proteom und spezifischen Veränderungen im Ubiquitom.

2 Material und Methoden

2.1 Material

2.1.1 Versuchsorganismen

Fusarium graminearum

Das Wildtyp-Isolat *Fusarium graminearum* 8.1 (Miedaner, Reinbrecht und Schilling, 2000) bildete die Grundlage aller generierten Mutanten. Die über Protoplasten-Transformation (s. 2.2.6.5) in das Genom des 8.1 Wildtyps integrierte Hygromycin-Resistenz ist Bestandteil aller für die Doktorarbeit verwendeten Deletions-Mutanten (s. 3.2).

Saccharomyces cerevisiae

Das aufgrund seiner Uracil-Auxotrophie für das Hefe-Rekombinationssystem (s. 2.2.6.2) verwendete Isolat FY 834/FGSC #9721 (Winston, Dollard und Ricupero-Hovasse, 1995) wurde sowohl für die Generierung der Deletion sowie Komplementation-Mutanten verwendet.

Escherichia coli

Die Vervielfältigung der Klonierungsprodukte (s. 2.2.6.1) erfolgte in chemisch kompetenten *E.coli* One Shot® OmniMAX™ (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten von Amerika) sowie kompetenten *E.coli* vertrieben vom DNA Cloning Service (D-22609 Hamburg, Deutschland).

2.1.2 Chemikalien

Die verwendeten Chemikalien wurden, wenn nicht anders beschrieben, von folgenden Herstellern bezogen:

- AppliChem GmbH (D-64291 Darmstadt, Deutschland)
- Carl Roth GmbH & Co. KG (D-76185 Karlsruhe, Deutschland)
- Fermentas (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten)
- F. Hoffmann-La Roche AG (CH-4070 Basel, Schweiz)
- Promega (Promega Corporation, 53711 Wisconsin, Vereinigte Staaten)
- Sigma-Aldrich Co. LLC. (Merck KGaA, D-64293 Darmstadt, Deutschland)

Die Reinheit der Chemikalien variierte je nach Verwendungszweck von "reinst", "zur Analyse" und "ultrarein". Die in der Arbeit verwendeten Kultivierungsmedien und Puffer wurden, wenn nicht anders beschrieben, mit deionisiertem Wasser (ddH₂O) angesetzt.

2.1.3 Verwendete Antiseren

Für die immunohistochemischen Studien (s. 2.3), zur Untersuchung der Zellwandbestandteile Chitin und (1,3)- β -Glucan mittels Immunogoldmarkierung und Transmissionselektronenmikroskop wurden folgende Antiseren verwendet.

Tabelle 1: Verwendete Antiseren

Bezeichnung	Name	Firma	Bindungsstelle
<i>Anti-WGA</i>	Anti-WGA-Antikörper	(Sigma-Aldrich Co. LLC., St. Louis, MO 63103, USA	Primärer-Antikörper WGA
<i>WGA-Konjugat</i>	Anti-Rabbit IgG (whole molecule)-Gold antibody	(Sigma-Aldrich Co. LLC., St. Louis, MO 63103, USA Sigma G-7402	Sekundärer-Antikörper Anti-WGA
<i>Anti-(1,3)-β-Glucan</i>	Beta-glucan-directed monoclonal antibody	(Biosupplies, Yagoona NSW 2199, Australien) 400-2	Primärer-Antikörper (1,3)- β -Glucan
<i>(1,3)-β-Glucan Konjugat</i>	Anti-Mouse IgG (whole molecule)-Gold antibody	(Sigma-Aldrich Co. LLC., St. Louis, MO 63103, USA) Sigma G-7652	Sekundärer-Antikörper Anti-Glucan

2.1.4 Verwendete Enzyme und Reaktions-Kits

Die in der Arbeit eingesetzten Reaktions-Kits sowie deren Verwendung werden in Tabelle 2 aufgeführt.

Tabelle 2: Verwendete Enzyme und Reaktions-Kits

Name	Firma	Verwendung
<i>NucleoSpin® Gel and PCR Clean-up Kit</i>	MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG, D-52355 Düren, Deutschland	Aufreinigung von PCR Produkten und DNA-Fragmenten aus Agarosegelen

<i>NucleoBond® Xtra Mini/Midi Kit</i>	MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG, D-52355 Düren, Deutschland	Mini/Midi-Präparation von Plasmiden aus <i>Escherichia coli</i>
<i>Amplex® Red Glutamic Acid/Glutamate Oxidase Kit</i>	Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten	Detektion intrazellulären Wasserstoffperoxids
<i>PTMScan® Ubiquitin Remnant Motif (K-ε-GG) Kit</i>	Cell Signaling Technology Europe B.V., D-60314 Frankfurt am Main, Deutschland	Aufreinigung spezifischer ubiquitiniertes Proteine

2.1.5 Synthetische Oligonukleotide

Alle verwendeten Oligonukleotide (engl. Primer) wurden von der Firma Eurofins Genomics GmbH (D-85560 Ebersberg, Deutschland) synthetisiert. Das Primerdesign erfolgte mittels der *Open-source* Software PerlPrimer (v1.1.21, Marshall, O.J. (© 2003-2011)) sowie mittels der online Toolbox Primerfox (<http://www.primerfox.com/index.html>, Stephan Fuchs, Ernst-Moritz-Arndt-Universität, D-17489 Greifswald, Deutschland). Alle Primer, Fragmente und Konstrukte wurden vor dem eigentlichen Ligationsprozess mittels des Gene-Editing-Programmes Seqbuilder (DNASTAR, Inc., Madison, WI 53705 Vereinigte Staaten von Amerika) auf ihre Kompatibilität hin überprüft. Die Berechnung der Schmelztemperatur erfolgte nach der Wallace-Regel (s. Wallace et al., 1979) mit folgender Formel:

$$\text{Schmelztemperatur in } ^\circ\text{C} = 4 \times (\text{G} + \text{C}) + 2 \times (\text{A} + \text{T})$$

In den nachfolgenden Tabellen 3-6 sind alle Oligonucleotide jeweils nach Gruppen aufgelistet. Der spezielle Verwendungszweck kann dem Methodenteil entnommen werden.

Tabelle 3: Verwendete Primer zur Klonierung der Deletionsplasmide der ΔFgBox2-Mutanten. Großgeschriebene Nucleotide kennzeichnen die Überhänge, welche für die Hefe-Rekombinationsklonierung benötigt werden.

Bezeichnung	Nr.	Sequenz (5'→3')	Schmelztemp. (T _M in °C)	Fragment (bp)
<i>GB_LFFor02552</i>	1	ggccccccctcgaggctgacggtatcga tCCTAGGGTAATGAGATGTGC A	62	836

<i>GB_LFRev02552</i>	2	gagggcaaaggaatagagtagatgcc gTGCAGGGGAAGAGAAAGAA CG	64	836
<i>GB_RFFor02552</i>	3	gcttccaagcggagcaggctcgacgtat tTGTGGTGAGATTGTTGGGTT	62	836
<i>GB_RFRev02552</i>	4	gctctagaactagtggatccccgggct gGCGGGAAGTTCTTATTGCCAA	62	836

Tabelle 4: Verwendete Primer zur Klonierung der Deletionsplasmide der Δ FgBox4-Mutanten. Großgeschriebene Nucleotide kennzeichnen die Überhänge, welche für die Hefe-Rekombinationsklonierung benötigt werden.

Bezeichnung	Nr.	Sequenz (5'->3')	Schmelztemp. (T_M in °C)	Fragment (bp)
<i>GB_LFFor04444</i>	5	ggccccctcgaggtcgacggatcga tTACTCCAAGACTGAAGGCCAA	60	617
<i>GB_LFRev04444</i>	6	gagggcaaaggaatagagtagatgccg GAACGTTGAGTTCAGAGGAGG	64	617
<i>GB_RFFor04444</i>	7	gcttccaagcggagcaggctcgacgtat tGAGCGTGTACTTGTATGGCAT	62	477
<i>GB_RFRev04444</i>	8	gctctagaactagtggatccccgggct gAGAGTTCAGCTACCAGAAGCA	58	477

Tabelle 5: Verwendete Primer zur Klonierung der Deletionsplasmide der Δ FgUbc2-Mutanten. Großgeschriebene Nucleotide kennzeichnen die Überhänge, welche für die Hefe-Rekombinationsklonierung benötigt werden.

Bezeichnung	Nr.	Sequenz (5'->3')	Schmelztemp. (T_M in °C)	Fragment (bp)
<i>GB_LFFor12683</i>	9	ggccccctcgaggtcgacggatcgat CCAGTACGTATAGCTGCTAGT	62	663
<i>GB_LFRev12683</i>	10	gagggcaaaggaatagagtagatgccg GGTGAGTAGAGATGGAAGTCA	62	663
<i>GB_RFFor12683</i>	11	gcttccaagcggagcaggctcgacgtatt CAACGTCGATTTGTCCGGTAA	62	773
<i>GB_RFRev12683</i>	12	gctctagaactagtggatccccgggctg TCCGTACTGTTCAAAGTGGTC	62	773

Tabelle 6: Verwendete Primer für den Nachweis der Integration des Deletionskonstrukts und der Resistenzkassette sowie die Synthese der HYG-Resistenzkassette.

Bezeichnung	Nr.	Sequenz (5'→3')	Schmelztemp. (T_M in °C)	Fragment (bp)
<i>GB_Dig02552_For</i>	17	CACTTTGATGGTTG TCGCACC	64	693
<i>GB_Dig02552_Rev</i>	18	ATTCAGTGCCGGAT GGTTTGC	64	693
<i>GBDi2_02552_For</i>	19	TCAAGTTACATCTC GTCGGGC	64	3224
<i>GBDi2_02552_Rev</i>	20	TTCGTCATGAGCTG GAGAAGC	64	3224
<i>GB_Dig04444_For</i>	21	AGCGAATCAAGCA CATGTGC	60	614
<i>GB_Dig04444_Rev</i>	22	TTTCTCAGCACGTG TAGACC	60	614
<i>GBDi2_04444_For</i>	23	TGCGTGCCGAATTT CAAAGC	60	2755
<i>GBDi2_04444_Rev</i>	24	TGCGTGCCGAATTT CAAAGC	60	2755
<i>GB_Dig12683_For</i>	25	TGGTTCGTACGCTT TGTTTCG	60	439
<i>GB_Dig12683_Rev</i>	26	TCTCCACTGTCTCTC TAACG	60	439
<i>GBDi2_12683_For</i>	27	TATACAACGAGAC GACCTCGG	64	2448
<i>GBDi2_12683_Rev</i>	28	GCTCAAATCGTAGA GAACGCG	64	2448
<i>3'Over-HYG_JBFo</i>	29	CATCGTCCCAAAGC TATTGGC	60	3167
<i>5'Over-HYG-JBRe</i>	30	CTGACATCGACACC AACGATC	60	3167

2.1.6 Vektoren

Die Klonierung von Deletionsplasmiden des Hefe-Rekombinationssystems erfolgte unter Verwendung des Vektors pRS426 (Christianson et al., 1992). Für die Amplifikation der Hygromycin-Resistenzkassette mittels PCR (s. 2.2.2) wurde der pGEM-T/Hyg Vektor als Template verwendet (Prof. Dr. Wilhelm Schäfer, Arbeitsgruppe Molekulare Phytopathologie, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie (IPM), Universität Hamburg).

2.1.7 Kulturmedien

Die für die Kultivierung verwendeten Medien wurden, wenn nicht anders beschrieben, in ddH₂O gelöst und bei 121 °C und 1 bar für 20 min autoklaviert. Die Zugabe temperaturempfindlicher Substanzen, wie Antibiotika oder auch Monosacharide, erfolgte nach Sterilfiltration durch einen 0,45 µm Filter (Sarstedt AG & Co. KG, D-51588 Nümbrecht, Deutschland) in das handwarme (< 50 °C) Medium.

CM-Flüssigmedium:	1 g	Hefeextrakt	CM-Lösung A	100 g	Ca(NO ₃) ₂ ×4H ₂ O
(Leach et al., 1982)	500 mg	Casein (enzymatisch)		ad 1000 ml	ddH ₂ O
	500 mg	Casein (hydrolytisch)			
	10 ml	Lösung A	CM-Lösung B	20 g	KH ₂ PO ₄
	10 ml	Lösung B		25 g	MgSO ₄ ×7H ₂ O
	50 ml	Lösung C		10 g	NaCl
	1 ml	Lösung D		ad 1000 ml	ddH ₂ O
optional	250 mg	Hygromycin B			
ad	1000 ml	ddH ₂ O	CM-Lösung C	200g	Glukose
				ad 1000 ml	ddH ₂ O
CM-Festmedium:	1 g	Hefeextrakt			
(Leach et al., 1982)	500 mg	Casein (enzymatisch)	CM-Lösung D	60 g	H ₃ BO ₃
	500 mg	Casein (enzymatisch)		390 mg	CuSO ₄ ×5H ₂ O
	10 ml	Lösung A		13 mg	KI
	10 ml	Lösung B		60 mg	MuSO ₄ ×H ₂ O
	50 ml	Lösung C		51 mg	(NH ₄) ₆ MO ₇ O ₂₄ ×4H ₂ O
	1 ml	Lösung D		5,48 mg	ZnSO ₄ ×7H ₂ O
	16 g	Mikroagar		923 mgm	FeCl ₃ ×6H ₂ O

Material und Methoden

	optional	250 mg	Hygromycin B		567 mg	FeCl ₃
	ad	1000 ml	ddH ₂ O		2 ml	Chloroform
				ad	1000 ml	ddH ₂ O

<u>Minimal-Festmedium:</u>	10 ml	Lösung A		<u>Minimal-Festmedium:</u>	10 ml	Lösung A
(Leach et al., 1982)	10 ml	Lösung B		(Leach et al., 1982)	10 ml	Lösung B
	50 ml	Lösung C			50 ml	Lösung C
	1 ml	Lösung D			1 ml	Lösung D
	16 g	Mikroagar		ad	1000 ml	ddH ₂ O
ad	1000 ml	ddH ₂ O				

<u>SD-Ura-Festmedium:</u>	8 g	D-Glukose		<u>SD-Ura-Flüssigmedium:</u>	8 g	D-Glukose
(pH 5,8)	6,7 g	Difco® Stickstoffquelle		(pH 5,8)	6,7 g	Difco® Stickstoffquelle
		o. Aminosäuren.				o. Aminosäuren.
	0,77 g	Clontech-Ura Zusatz			0,77 g	Clontech-Ura Zusatz
	16 g	Mikroagar		ad	1000 ml	ddH ₂ O
ad	1000 ml	ddH ₂ O				

<u>LB-Festmedium:</u>	10 g	Trypton		<u>LB-Flüssigmedium:</u>	10 g	Trypton
(Lysogeny broth)	5 g	Hefeextrakt		(Lysogeny broth)	5 g	Hefeextrakt
	10 g	NaCl			10 g	NaCl ₂
	16 g	Mikroagar		optional	200 µg/ml	Ampicillin
optional	200 µg/ml	Ampicillin		ad	1000 ml	ddH ₂ O
ad	1000 ml	ddH ₂ O				

<u>YPG-Medium:</u>	10 g	Hefeextrakt		<u>SNA-Agarplatten:</u>	1 g	KH ₂ PO ₄
	20 g	Peptone		(Nirenberg, 1981)	1 g	KNO ₃
	20 g	Glukose			0,5 g	MgSO ₄ × 7H ₂ O
ad	1000 ml	ddH ₂ O			0,5 g	KCl
					0,2 g	Glukose
					0,2 g	Saccharose
					20 g	Mikroagar
				ad	1000 ml	ddH ₂ O

<u>H₂O-Festmedium:</u>	16 g	Mikroagar	<u>Weizen-Medium:</u>	16 g	homogenisierte Weizenblätter
ad	1000 ml	ddH ₂ O	ad	1000 ml	ddH ₂ O und tyndallisiert
<u>TB3-Agar:</u>	15 g	Agar			
ad	1000 ml	TB3-Puffer			

2.2 Methoden

2.2.1 Kultivierung

Die Kultivierung des Wildtyps 8.1 (s. 2.1.1) und der generierten Deletionsmutanten (s. 0) erfolgte auf Fest- und Flüssigkomplettmedium (engl. *Complete Medium*; CM). Bei beiden Kultivierungsbedingungen wurde *F. graminearum* anschließend für 3-4 Tage bei 28 °C im Dunkeln inkubiert.

2.2.1.1 Anzucht auf Festmedium

Die Kultivierung auf Festmedium erfolgte durch den Transfer eines mittels Korkbohrers ausgestanzten Myzel-Agarblocks (Ø 6 mm) von der alten auf die neue Nähragarplatte (92 mm) oder durch die Inokulation des Komplettmediums (s. 2.1.7) mit 200-500 Konidien. Dem Komplettmedium wurde je nach vorhandener Antibiotikaresistenz des Isolats das entsprechende Antibiotikum zugesetzt. Im Hinblick auf den Verwendungszweck wurden dem Komplettmedium weitere Komponenten wie z.B. Natriumchlorid oder Wasserstoffperoxid hinzugefügt. Das auf Festmedium angezogene Pilzmyzel wurde durch einfaches Entfernen mittels Pinzette und Skalpel von der Nähragaroberfläche geerntet.

2.2.1.2 Anzucht in Flüssigkultur

Die Inokulation einer 20 ml CM-Flüssigkultur (s. 2.1.7) erfolgte über drei Myzel-Agarblöcke (Ø 6 mm) oder 5000 Konidien. Die in 100 ml Erlenmeyerkolben befindliche Flüssigkultur wurde während der Kultivierung zusätzlich bei 145 rpm geschüttelt. Die Ernte des in Flüssigkultur angezogenen Pilzmyzels erfolgte in einem ersten Schritt durch das Abtrennen des Mediums mittels Myra cloth (Merck KGaA, D-64293 Darmstadt, Deutschland) über

einen Trichter. In einem weiteren Schritt wurde das Myzel dreimal mit sterilen ddH₂O gewaschen, getrocknet und für die weitere Verwendung bei -80°C eingelagert.

2.2.1.3 Anzucht der Konidien

Für die Produktion von Konidien wurde SNA-Festmedium sowie Weizen-Medium (s. 2.1.7) verwendet. Die SNA-Platten wurden hierfür mit einem Myzel-Agarblock angeimpft und für 7-10 Tage bei 20 °C sowie einer Lichtperiode von 16 Stunden inkubiert. Die Konidien wurden anschließend mittels 2-3 ml sterilem H₂O von der Oberfläche ab gespült und in ein 2 ml Reaktionsgefäß überführt. Für die Konidienproduktion in Weizen-Medium wurden je nach Bedarf 20-1000 ml Medium mit Luftmyzel oder mit Myzel-Agarblöcken angeimpft und bei 28 °C für 3 Tage im Dunkeln schüttelnd (145 rpm) inkubiert. Die Ernte erfolgte über die Filtration des Weizen-Medium durch Wilson-Siebe (Siebdurchmesser 40-80 µm) und anschließende Zentrifugation des Filtrats. Die pelletierten Konidien wurden anschließend mittels ddH₂O gewaschen und entweder sofort verwendet oder bei -80 °C eingelagert.

2.2.2 Polymerase-Kettenreaktion

Die Polymerasekettenreaktion (PCR) wurde für die Synthese der Rekombinationsfragmente und der anschließenden Verifizierung der Deletions- sowie Komplementations-Mutanten verwendet. Die Amplifikation erfolgte über die OneTaq® 2X Master Mix oder die Q5® High-Fidelity DNA Polymerase mit Proof-Reading Aktivität (New England BioLabs GmbH, D-65929 Frankfurt am Main, Deutschland). Wenn nicht anders beschrieben, wurde der PCR-Ansatz wie folgt vorbereitet:

PCR-Ansatz (OneTaq®):

1,5-5 µg DNA-Template

- + 1 µl Primer sense (20 pmol)
- + 1 µl Primer antisense (20 pmol)
- + 2 µl dNTPs (10 mM)
- + 10 µl 5X Reaction Buffer (NEB)
- + 1 µl OneTaq Polymerase (NEB)
- Auf 50 µl mit ddH₂O auffüllen

PCR-Ansatz (Q5®):

1,5-5 µg DNA-Template

- + 2,5 µl Primer sense (20 pmol)
- + 2,5 µl Primer antisense (20 pmol)
- + 2 µl dNTPs (10 mM)
- + 10 µl 5X Q5 Reaction Buffer (NEB)
- + 0,5 µl Q5 Polymerase (NEB)
- Auf 50 µl mit ddH₂O auffüllen

Der Ansatz wurde in den Thermocycler TGradient (Biometra GmbH, D-37079 Göttingen, Deutschland) überführt und das Programm unter Berücksichtigung der optimalen Temperatur, Zeit und Zyklenanzahl programmiert.

	<u>PCR-Programm (OneTaq®):</u>			<u>PCR-Programm (Q5®):</u>	
Initiale Denaturierung	94 °C	30 s.		98 °C	30 s.
Denaturierung	94 °C	30 s.	} x20-30	98 °C	10 s.
Hybridisierung	55-62 °C	45 s.		55-62 °C	45 s.
Elongation	68 °C	60 – 90 s.		72 °C	30 s.
Finale Elongation	68 °C	5 min.		72 °C	2 min.
Halteschritt	4 °C	∞		4 °C	∞

2.2.3 Restriktionsverdau

Für den Restriktionsverdau der gDNA (s. 2.2.5) sowie von Plasmiden (s. 2.1.6) wurden Restriktionsendonukleasen und Puffer der Firma New England BioLabs GmbH (D-65929 Frankfurt am Main, Deutschland) verwendet. Die Restriktion erfolgte nach folgendem Ansatz jeweils über Nacht:

Restriktions-Ansatz:

- 0,5-20 µg gDNA/Plasmid
- + 0,5-5 µl Restriktionsendonuklease (10 U/µl)
- + x µl CutSmart Puffer (10x)
- Auf 50-200 µl mit ddH₂O auffüllen

Die Inkubationstemperatur variierte in Abhängigkeit zur verwendeten Restriktionsendonuklease. Das Restriktionsprodukt wurde gelelektrophoretisch aufgetrennt (s. Agarose-Gelelektrophorese) und auf die richtige Fragmentgröße hin überprüft.

2.2.4 Agarose-Gelelektrophorese

Soweit nicht anders beschrieben, wurde die DNA-Agarosegel-Elektrophorese, wie nachfolgend beschrieben, durchgeführt. Die Auftrennung erfolgte je nach Größe des zu erwarteten Fragments über ein 0,8-1,2 % (w/v) Agarosegel, in 1x TAE-Laufpuffer. Hierfür wurden 0,8-1,2 % (w/v) Agarose in 1x TAE-Puffer aufgekocht, die flüssige Agarose in ein Gelträger überführt und vor dem auspolymerisieren die Probentaschen mittels eines Kammes ausgeformt. Die aufzutrennende Probe wurde im Verhältnis 1:6 mit 6x Ladepuffer versetzt und in die Geltaschen pipettiert. Die Laufbedingung der Gelelektrophorese waren 60-120 Minuten bei 75-120 Volt. Anschließend wurde das Agarosegel in einem Ethidiumbromidbad (0,005 mg/ml Wasser) für 10-20 min eingefärbt und die Fragmente mittels eines UV-Transilluminators (SynGene Genius, Bio Imaging System, CB4 1TG Cambridge, Vereinigtes Königreich) detektiert sowie dokumentiert.

<u>1x TAE-Puffer:</u>	40 mM Tris-Acetat
(pH 8,0)	1 mM EDTA-Na ₂
<u>6x Ladepuffer:</u>	0,03% (w/v) Bromophenolblau
(pH 7,6)	0,03% (w/v) Xylencyanol
	10 mM Tris-HCl
	60 % (v/v) Glycerol

2.2.5 Isolierung genomischer DNA

Die genomische DNA (gDNA) wurde nach Murray und Thompson (1980) isoliert. Das Pilzmyzel (s. 2.2.1) wurde mechanisch mittels Mörser sowie unter Verwendung von flüssigem Stickstoff aufgeschlossen und in 1 ml CTAB-Lysispuffer 60 min bei 65 °C schüttelnd inkubiert. Durch Zentrifugation für 10 min bei 11337 xg wurde grobes Zellmaterial pelletiert. Der Überstand wurde mit 700 µl Chloroform versetzt und die Lösung nach 10-fachem Invertieren erneut, wie oben beschrieben, zentrifugiert. Die gDNA enthaltende wässrige Phase wurde in ein neues Reaktionsgefäß überführt und die gDNA mit 700 µl Isopropanol für 60 min bei -20 °C ausgefällt. Die gDNA wurde durch die sich

anschließende Zentrifugation für 30 min bei 11337 xg und 4 °C sedimentiert. Der Überstand wurde verworfen, das Pellet mit 500 µl 70 % (v/v) Ethanol gewaschen und anschließend luftgetrocknet. Die gDNA aus dem Pellet wurde in 100 µl RNase A (1mg/ml) versetzten TE-Puffer aufgenommen, für 30 min bei 55 °C inkubiert und anschließend die Konzentration photometrisch via des Nano Vue Plus Spektrophotometer (GE Healthcare Europe GmbH, 79111 Freiburg, Deutschland) bestimmt.

<u>CTAB-Lysispuffer:</u>	100 mM Tris-HCl
(pH 8,0)	1,4 M NaCl
	20 mM EDTA
	2 % (w/v)CTAB

<u>TE-Puffer:</u>	10 mM Tris-HCl
(pH 7,0)	1 mM EDTA-Na ₂

2.2.6 Klonierungsstrategien

2.2.6.1 *In silico* Vektorenerstellung

Die Deletion sowie die Komplementation von Genen erfolgte nach dem Prinzip des Doppelten-Crossingovers und der Eigenschaft, dass homologe DNA-Abschnitte untereinander ausgetauscht werden können. Das Hefe-Rekombinationssystem (s. 2.2.6.2) sowie die *F. graminearum*-Transformation (s. 2.2.6.5) machen sich diese Eigenschaft zunutze. Die für das Hefe-Rekombinationssystem verwendeten Fusion-Fragmente wiesen Homologien zu den flankierenden Bereichen (abgek. Flanken) der Zielsequenz auf. Als sogenannte Flanken werden jene Abschnitte direkt vor sowie hinter dem ORF liegend (engl. **Open Reading Frame**) bezeichnet. Die Fusions-Fragmente wurden mittels PCR (Δ FgBox2: Tabelle 3, Primer-Nr. 1-4; Δ FgBox4: Tabelle 4, Primer-Nr. 5-8; Δ FgUbc2: Tabelle 5, Primer-Nr. 9-12) synthetisiert. Für eine höhere Genauigkeit der DNA-Synthese wurde bei der Amplifikation eine Polymerase mit Proofreading-Mechanismus (Q5[®] High-Fidelity DNA Polymerase) verwendet. Als Template diente sowohl genomische DNA des Wt 8.1, als auch das pGEM-T/Hyg Plasmid.

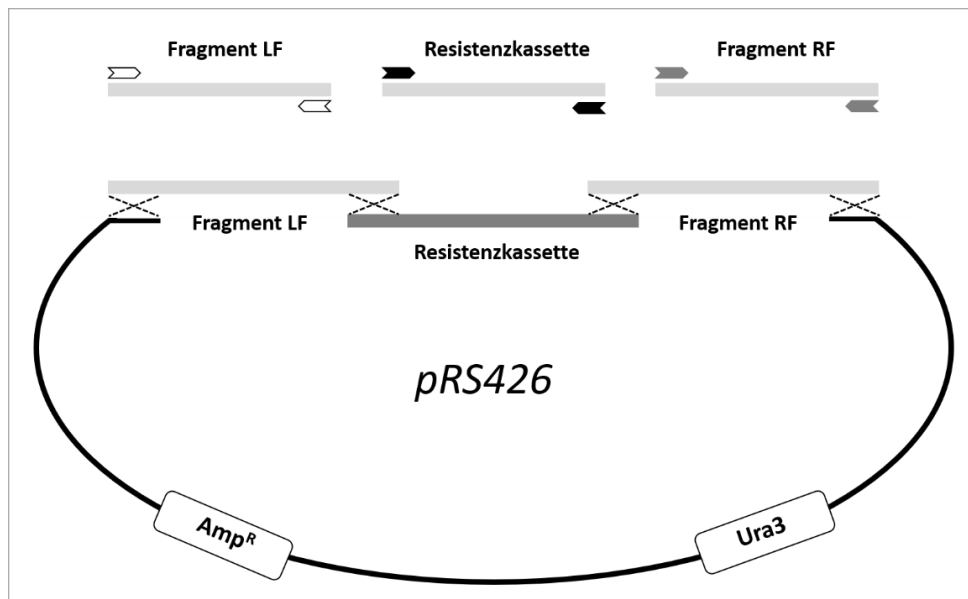


Abbildung 7: Schematische Darstellung der in den *S. cerevisiae* Stamm FV834 durchgeführten Hefe-Rekombinationsklonierung. Die Ligation des linearisierten und dephosphorylierten pRS426-Vektors (Christianson et al., 1992) erfolgte zusammen mit den mittels PCR generierten Fragmenten LF, RF sowie der Resistenzkassette. Die Fragmente LF und RF wiesen ca. 30 bp lange Überhänge zum Vektor und der Resistenzkassette (HygB) auf (gestrichelte Linie), welche durch homologe Rekombination während der Transformation zusammengefügt wurde. Amp^R: Ampicillin Resistenzkassette; Ura3: Gen zur Uracil-Synthese.

Die synthetisierten Fusions-Fragmente besaßen jeweils überlappende Überhänge zu dem linearisierten pRS426 Vektor (s. 2.1.6) sowie zur Resistenzkassette (s. Abbildung 7). Vorbereitend wurde das pRS426 Plasmid in zwei aufeinanderfolgenden Ansätzen mittels der Restriktionsendonukleasen HindIII-HF und EcoRI bei 37°C über Nacht hydrolisiert und anschließend aufgereinigt (s. 2.2.3). Um eine Relegierung des linearisierten Vektors zu verhindern, wurden die 5'-Enden mittels der Fast AP Thermosensitive Alkaline Phosphatase (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten) für 30 min bei 37°C dephosphoryliert. Sämtliche generierte Fusions-Fragmente wurden gelelektrophoretisch (s. 2.2.4) auf die korrekte Größe hin überprüft und anschließend mit dem *Nucleospin Extract II PCR Clean-up Gel-Extraction Kit* (MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG, D-52355 Düren, Deutschland) nach Herstellerangaben gereinigt. Die Konzentrationsbestimmung erfolgte via Nano Vue Plus Spektrophotometer (GE Healthcare Europe GmbH, 79111 Freiburg, Deutschland). Alle generierten Deletionsplasmide hatten die Hygromycin-Resistenzkassette (HygB) integriert, welche mittels PCR (s. Tabelle 6, Primer-Nr. 29,30) aus dem Vektor pGEM-T/Hyg amplifiziert wurde. Die einzelnen Fusions-Fragmente wurden anschließend im Hefe-Rekombinationsystem zu den Deletionsplasmiden ligiert.

2.2.6.2 Hefe-Rekombinationsystem

Das auf dem Prinzip der homologen Rekombination (s. Abbildung 7) basierende Hefe-Rekombinationsystem (Colot et al., 2006) nutzt die Eigenschaft von Organismen, homologe Nucleotid-Sequenzen zu verbinden. Das System wurde verwendet, um die mittels PCR (s. 2.2.2) generierten Deletions- sowie Komplementationsfragmente in das *pRS426* Plasmid (s. 2.1.6) zu klonieren und das für einen Gen "knockout" benötigte Fusionskonstrukt zu erhalten. Am Vortag der eigentlichen Hefe-Rekombination wurden 5 ml YPD-Medium (s. 2.1.7) einer *FY834*- Vorkultur angesetzt und schüttelnd bei 28°C über Nacht inkubiert. Mit 3 ml dieser Vorkultur wurden 50 ml YPD-Medium der Hauptkultur angeimpft und bei 28 °C für 4 Std schüttelnd inkubiert. Die Zellen der Hauptkultur wurden anschließend bei 2000 xg für 5 min sedimentiert, das YPD-Medium verworfen und das Zellpellet mit 10 ml ddH₂O erneut bei 2000 xg für 5 min zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen und das gewaschene Zellpellet in 1 ml 100 mM Lithiumacetat resuspendiert. Die Zellsuspension wurde ein letztes Mal zentrifugiert, der Überstand verworfen und das Pellet in 400 µl 100 mM Lithiumacetat resuspendiert. Die Hefezellen wurden bis zu Ihrer Verwendung auf Eis gelagert. Währenddessen wurden die Transformationsansätze wie folgt vorbereitet:

- 240 µl PEG 3350
- 36 µl 1 M Lithium-Acetat (pH 7,5)
- x µl Linearisierter/zirkulärer *pRS426* Vektor (~ 100 ng)
- x µl PCR-Fragmente/Resistenzkassette (~ 400-600 ng)
- auf 360 µl mit sterilem ddH₂O auffüllen

Zu allen Ansätzen wurden 50 µl denaturierte Lachssperma-DNA (2µg/ml) sowie 50 µl der Hefezellen hinzugefügt. Die Ansätze wurden jeweils für 30 min bei 30°C und 15 min bei 45 °C inkubiert und die Zellen bei 2000 xg für 2 min pelletiert. Der Überstand wurde verworfen und die Zellen in 200 µl ddH₂O aufgenommen. Die unverdünnte Suspension wie auch eine 1:10 Verdünnung wurden auf SD-Uracil-Agar ausplattiert und bei 30 °C für 3 bis 4 Tage inkubiert.

2.2.6.3 Plasmidisolierung aus *S. cerevisiae*

Die mittels des Hefe-Rekombinationssystems generierten einzelnen Kolonien (s. 2.2.6.2) wurden in 20 ml SD -Uracil-Flüssigmedium (s. 2.1.7) überführt und über Nacht bei 28 °C

schüttelnd inkubiert. Die Zellen wurden anschließend für 5 min bei 1500 xg geerntet. Das Zellpellet wurde in 500 µl ddH₂O resuspendiert, in ein 1,5 ml Reaktionsgefäß überführt und mittels der Tischzentrifuge (2000 xg) erneut pelletiert. Der Überstand wurde verworfen und das Zellpellet im verbliebenen ddH₂O resuspendiert. Der Zellsuspension wurde in folgender Reihenfolge 200 µl Hefe-Lysis-Puffer, Phenol-Chlorform-Isoamylalkohol (25:24:1) und etwa 300 mg Säure behandelte Glasperlen (425-600µm) hinzugefügt. Für den Zellaufschluss wurden die Reaktionsgefäße in die Schwingmühle (Retsch GmbH, 42781 Haan, Deutschland) überführt und die Zellen für 5 min bei maximaler Geschwindigkeit aufgeschlossen. Die lysierten Hefezellen wurden anschließend mit 200 µl TE-Puffer vermischt und für die Phasentrennung bei 11337 xg für 10 min zentrifugiert. Die wässrige Phase mit der DNA wurde abgenommen und in ein neues 2 ml Reaktionsgefäß überführt und anschließend nochmals mit 200 µl Chloroform invertiert und zentrifugiert. Der Überstand wurde durch Zugabe von 1/10 Volumenanteil 3 M Natrium-Acetat (pH 5,2) und 0,7 Volumenanteil 96 % (v/v) Ethanol bei -20 °C für 15 min präzipitiert und anschließend bei 4 °C für 30 min bei 11337 xg sedimentiert. Das Pellet wurde in 400 µl TE-Puffer resuspendiert. Dem Ansatz wurde 1 µl RNase A (10mg/ml) hinzugefügt und für 30 min bei 37 °C inkubiert. Die DNA wurde mit 50 µl 4 M Ammoniumacetat und 1 ml 96 % Ethanol präzipitiert und für 20 min bei 11337 xg sedimentiert. Das verbliebene Pellet wurde in 500 µl 70 % (v/v) Ethanol gewaschen, luftgetrocknet und in 30 µl sterilem ddH₂O aufgenommen.

<u>Hefe-Lysispuffer:</u>	2% Triton x-100
	10% SDS
	5 M NaCl
	0,5 M EDTA
	1 M Tris
<u>TE-Puffer:</u>	1 M Tris
(pH 7,0)	0,5 M Na ₂ EDTA
	Auf 1 l mit ddH ₂ O auffüllen

2.2.6.4 Transformation chemisch kompetenter *E.coli*

Für die Amplifikation wurden die aus den Hefe-Rekombinationssystem (s. 2.2.6.2) isolierten Plasmide (s. 2.2.6.3) in die chemisch kompetenten *E. coli* Stämme One Shot® OmniMAX™ sowie kompetente *E.coli* DNA Cloning Service transformiert. Für die Transformation wurden die kompetenten *E.coli* auf Eis aufgetaut und mit 100 ng des zu transformierenden Plasmides für 1 Std inkubiert. Ein Hitzeschock erfolgte bei 42 °C für 55 sek im Wasserbad. Für die anschließende Regeneration der Zellen wurde dem Ansatz 700 µl LB-Medium (engl. *Lysogeny Broth*) hinzugefügt und der Ansatz für 45 min bei 37 °C auf dem Heizblock inkubiert. Abschließend wurden jeweils 100 µl sowie 400 µl des Transformationsansatzes auf LB_{Amp}-Platten (s. 2.1.7) ausplattiert und über Nacht bei 37 °C inkubiert. Die Einzelkolonien wurden am nächsten Tag in 3 ml LB_{Amp}-Flüssigmedium überführt und ebenfalls über Nacht bei 37 °C kultiviert. Die Isolierung der Plasmide wurde am Folgetag unter Verwendung des *Nucleic Acid and Protein Purification NucleoBond Xtra Mini/Midi Kit* nach Herstellerangaben durchgeführt.

2.2.6.5 Protoplasten-Transformation von *F. graminearum*

Für die Protoplastengenerierung wurde eine Vorkultur mit 1×10^6 Konidien in 50 ml YEPD-Medium (s. 2.1.7) über Nacht bei 28 °C schüttelnd inkubiert. Das Myzel der Vorkultur wurde mittels Wilson-Siebe (Siebdurchmesser 40 µm) geerntet und mit 200 ml ddH₂O gewaschen. Anschließend wurde das Myzel auf sterilem Whatman® Filter-Papier luftgetrocknet. Dem Enzymmix wurden 500 mg getrocknetes Myzel hinzugefügt und in einem 100 ml Erlenmeyer-Kolben für 2,5 Std bei 30 °C und 80 rpm inkubiert. Die so generierten Protoplasten wurden nochmals sukzessiv durch 100 µM sowie 40 µM Wilson-Siebe filtriert, um etwaige Myzelreste von den Protoplasten abzutrennen. Im Sieb verbliebene Protoplasten wurden mit 10 ml einer 1,2 M Kaliumchlorid-Lösung vom Sieb gewaschen und anschließend bei 2000 xg für 10 min sedimentiert. Nach dem Verwerfen des Überstandes wurde das Protoplastenpellet in 10 ml STC-CO-Puffer gewaschen und die Protoplasten erneut pelletiert. Die Protoplasten aus dem Pellet wurden anschließend in einer Konzentration von 1×10^8 /ml in STC-CO-Puffer resuspendiert. Für den Transformationsansatz wurden 3-5 µg Plasmid mit 2×10^7 Protoplasten für 20 min bei Raumtemperatur inkubiert. Der Suspension wurde 1 ml PEG-CO-Puffer hinzugefügt und

nochmal für 20 min inkubiert. Die Protoplasten wurden durch Hinzufügen von 5 ml TB3-Puffer 30 min regeneriert. Der Suspension wurden 50 ml 1,5 % (w/v) TB3-Agar (s. 2.1.7) hinzugefügt und diese auf fünf Petrischalen (\varnothing 96 mm) aufgeteilt. Zur vollständigen Regeneration der transformierten Protoplasten wurden die Platten über Nacht bei 28 °C inkubiert. Die Platten wurden am nächsten Tag mit jeweils 10 ml einer 1,5 %igen Wasseragar-Lösung versetzt mit dem entsprechenden Antibiotikum (Hygromycin B 100 $\mu\text{g/ml}$; Nourseothricin 100 $\mu\text{g/ml}$), überschichtet (engl. *Overlay*) und für weitere zwei bis drei Tage bei 28 °C inkubiert, bis Myzel durch die Oberfläche wuchs. Alle Transformanden, die durch den Selektionsagar wuchsen, wurden als Myzelblöcke auf neuen Selektionagar (s. 2.1.7) überführt.

<u>Enzymmix:</u>	(10 ml je Transformation)
	2,5 % Driselase® <i>Basidiomycetes sp.</i>
	0,5 % Lytische Enzyme <i>Trichoderma harzianus</i>
	1,2 M Kaliumchlorid (lösen durch 30 min rühren, zentrifugieren (4100 xg) und steril filtrieren)
<u>STC-CO-Puffer:</u>	20 % Saccharose
(pH 8,0)	10 mM TRIS-HCl
	50 mM CaCl ₂
	in ddH ₂ O lösen und autoklavieren
<u>PEG-CO-Puffer:</u>	40 % PEG 4000
	60 % STC-CO-Puffer
<u>TB3-Puffer:</u>	20 % Saccharose
	0,3 % Hefe-Extrakt
	0,3 % Säure-hydrolysiertes Casein
	in ddH ₂ O lösen und autoklavieren

2.2.6.6 Vereinzelung der Primärtransformanden-Konidien

Für das Vereinzeln wurden zunächst die Primärtransformanden (s. 2.2.6.5) auf SNA-Agarplatten (s. 2.1.7) umgesetzt und bei 28 °C angezogen. Nach sieben Tagen wurden die entstandenen Konidien mittels ddH₂O heruntergewaschen und diese anschließend wieder auf Wasseragarplatten (1,6 % w/v) ausplattiert. Die Wasseragarplatten wurden über Nacht bei 28 °C inkubiert. Das Vereinzeln der ausgekeimten Konidien erfolgte mittels Stereolupe (*Leica MZ6*, Leica Mikrosysteme GmbH, D-35578 Wetzlar, Deutschland) sowie Skalpell. Die einzeln liegenden ausgekeimten Konidien wurden auf CM-Nähragarplatten mit dem entsprechenden Antibiotikum (s. 2.1.7) überführt und für drei Tage bei 28 °C inkubiert.

2.2.6.7 Southern-Blotting

Die von E. M. Southern (Southern, 1975) entwickelte molekularbiologische Methode dient dem Nachweis spezifischer Nucleotidsequenzen in einem komplexen Gemisch aus DNA. Durch die Southern-Blot Methode und unter Verwendung von genspezifischen DIG-Sonden (Digoxigenin) konnten so die Primärtransformanten auf Einzelintegrationen hin überprüft und positive Deletions- sowie Komplementationsmutanten verifiziert werden. Eine Digoxigenin-markierte Sonde wurde mit folgendem Reaktionsansatz amplifiziert:

Ansatz I (Sonde):

10-100 pg Template (DNA/cDNA)

- + 1 µl Forward-Primer (20 pmol)
 - + 1 µl Reverse-Primer (20 pmol)
 - + 0,5 µl dNTPs (10 mM)
 - + 1,5 µl DIG-dUTP (1 mM)
 - + 2,5 µl 10x Puffer
 - + 0,5 µl Q5-Polymerase
- Auf 25 µl mit ddH₂O auffüllen

Vor Verwendung der DIG-markierten Sonde wurde diese bei 95 °C für 10 min denaturiert und anschließend im Eisbad abgekühlt.

Die zu überprüfende gDNA wurde durch spezielle Restriktionsendonucleasen enzymatisch gespalten (s. 2.2.3), mittels 3 M Natrium-Acetat (pH 5,2) und 0,7 Volumen Isopropanol gefällt und die restringierte gDNA anschließend gelelektrophoretisch (s. Agarose-Gelelektrophorese) aufgetrennt. Nach 3 Std Laufzeit bei 100 V wurde das Agarose-Gel für

10 min in Ethidiumbromid gefärbt. Das Agarose-Gel wurde jeweils für 10 min. in Depurinierungs-, Denaturierungs- und Neutralisierungslösung inkubiert. Das so vorbehandelte Agarose-Gel wurde anschließend mittig des Glasstegs auf eine doppelte Lage aus Whatman® Blotting-Papier (GE Healthcare Europe GmbH, D-79111 Freiburg, Deutschland) aufgebracht. Die in 20 x SSC-Puffer eingetauchten Enden des Whatman® Blotting-Papier bildeten die Grundlage für den Flüssigkeitsstrom. Anschließend wurde die zuvor für 5 min in 20 x SSC-Puffer äquilibrierte Nylonmembran (Amersham Hybond-NX, GE Healthcare Europe GmbH, D-79111 Freiburg, Deutschland) auf das Agarosegel gelegt. Auf die Nylonmembran wurden zwei bis drei in 20 x SSC-Puffer angefeuchtete Lagen Whatman® Blotting-Papier Luftblasen frei mittels einer Pinzette aufgetragen. Die abschließende Schicht bildete ein 15 cm hoher Stapel saugfähigen Papiers, beschwert mit einem 500 g Gewicht. Der Kapillartransfer der DNA auf die Nylonmembran erfolgte über Nacht. Die über Nacht auf die Membran übertragende DNA wurde in 2 x SSC-Puffer gewaschen und mittels UV-Strahlung (CrossLinker Bio-Techne, MN 55413 Minneapolis, Vereinigte Staaten von Amerika) für 60 s bei 0.120 Joule/cm² kovalent an die Nylonmembran gebunden. Die Nylonmembran wurde nach der Fixierung der DNA in eine Hybridisierungsröhre überführt und für 2 min in 2 x SSC-Puffer gewaschen. Der 2 x SSC-Puffer wurde anschließend verworfen und die Nylonmembran in 20 ml Prähybridisierungslösung bei 68 °C rotierend im Hybridisierungssofen (Bachofer, D-7410 Reutlingen, Deutschland) für mindestens 4 Std inkubiert. Für die sich anschließende Hybridisierung wurde die Prähybridisierungslösung verworfen und durch 10 ml Hybridisierungslösung ersetzt und über Nacht ebenfalls bei 68°C im Hybridisierungssofen inkubiert. Die Hybridisierungslösung wurde für weitere Detektionen bei -20°C eingelagert. Im ersten der zwei Waschrinne wurde die in der Hybridisierungsröhre befindliche Nylonmembran 2 x für jeweils 5 min in 50 ml W1-Puffer bei Raumtemperatur gewaschen. Für eine bestmögliche Verteilung wurde hierfür der Rotationsschüttler (Stuart Roller Mixer SRT1, Bibby Scientific, ST15 OSA Staffordshire, Vereinigtes Königreich) verwendet. Der im zweiten Waschrinne verwendete W2-Puffer wurde auf die Hybridisierungstemperatur vorgewärmt und die Nylonmembran anschließend im Hybridisierungssofen bei 68 °C 2 x für jeweils 15 min in 50 ml W2-Puffer gewaschen.

Für den Nachweis der gebundenen Sonde wurde diese mit Hilfe von DIG-spezifischen mit alkalischer Phosphatase konjugierten Antikörpern markiert. Hierfür wurde die Nylonmembran wie nachfolgend beschrieben behandelt:

- Anfeuchten in 10 ml WP-Puffer (1 x)
- Inkubation in 15 ml Blocking-Puffer für 60 min (1 x)
- Inkubation in 15 ml Antikörper-Lösung für 30 min (1 x)
- Waschen in 50 ml WP-Puffer für 20 min (3 x)
- Inkubation in 15 ml B3-Puffer für 5 min (1 x)

Die so gewaschene Nylonmembran wurde anschließend zwischen zwei Plastikfolien platziert und zusammen mit 500 µl CSPD-Lösung für 5 min im Dunkeln inkubiert. Danach wurde die Nylonmembran zwischen neue Plastikfolien platziert und in einer Entwicklerkassette (Cronex Lightning Plus; Du Pont de Nemours GmbH, D-59071 Hamm, Deutschland) für weitere 15 min bei 37 °C inkubiert. Die darauffolgende Detektion der durch die alkalische Phosphatase hervorgerufene Chemolumineszenz erfolgte mittels eines Röntgenfilms (Amersham Hyperfilm ECL™, GE Healthcare Europe GmbH, 79111 Freiburg, Deutschland). Der Röntgenfilm wurde je nach Signalintensität zwischen 5-60 min belichtet. Die Entwicklung des Röntgenfilms erfolgte in der Entwicklermaschine (COMPACT 2; PROTEC GmbH & Co. KG, D-71720 Oberstenfeld, Deutschland). Die eingeschweißte Nylonmembran wurde für weitere Detektionen bei -20 °C eingelagert.

<u>Depurinierungslösung:</u>	0,25 M HCl
<u>Denaturierungslösung:</u>	0,5 M NaOH
	1,5 M NaCl
<u>Neutralisationslösung:</u>	0,5 M Tris-HCl
(pH 7,5)	1,5 M NaCl
<u>20 x SSC-Lösung:</u>	3 M NaCl
	0,3 M Natriumcitrat
<u>2 x SSC-Lösung:</u>	20 x SSC, 1:10 Verdünnung mit ddH ₂ O

<u>5 x B1-Puffer:</u> (pH 7,5)	0,5 M Maleinsäure 0,75 M NaCl
<u>10 % Blocking-Reagenz:</u>	10 g Blocking-Reagenz (Roche Diagnostics Deutschland GmbH, D-68305 Mannheim, Deutschland) in 100 ml 1 x B1-Puffer lösen
<u>Prähybridisierungslösung:</u>	5 x SSC-Lösung, 0,1 % (v/v) N-Lauryl-Sarkosin 0,2 % (v/v) SDS 2 % (v/v) Blocking-Reagenz
<u>Hybridisierungslösung:</u>	25 ml Prähybridisierungslösung + denaturierte DIG-Sonde
<u>W1-Puffer:</u>	2 x SSC-Lösung 0,1 % (v/v) SDS
<u>W2-Puffer:</u>	0,2 x SSC-Lösung 0,1 % (v/v) SDS
<u>WP-Puffer:</u>	1 x B1-Puffer 0,3 % (v/v) Tween 20
<u>B2-Puffer:</u>	1 x B1-Puffer 1 % (v/v) Blocking-Reagenz
<u>Antikörperlösung:</u>	Anti-Digoxigenin-AP (Roche Diagnostics Deutschland GmbH, D-68305 Mannheim, Deutschland) konjugiert mit alkalischer Phosphatase, 1:10.000 verdünnt in B3-Puffer

B3-Puffer: 100 mM TRIS-HCl
(pH 9,5) 100 mM NaCl

CSPD-Lösung: CSPD (Roche Diagnostics Deutschland GmbH, D-68305 Mannheim, Deutschland)
1:100 verdünnt in B3-Puffer

2.2.7 Allgemeine phänotypische Analyse

2.2.7.1 Wachstumsanalyse auf Festmedium und Flüssigmedium

Die allgemeine Wachstumsanalyse diente der Überprüfung der Stresstoleranz gegenüber osmotischen und oxidativen Einflüssen sowie der Ermittlung von Zellwandstress. Die Anzucht (s. 2.2.1.1) erfolgte hierbei auf CM-Festmedium (s. 2.1.7), welchem zusätzlich jeweils 1,2 M Natriumchlorid (osmotischer Stress), 5 mM und 15mM Wasserstoffperoxid (oxidativer Stress) oder 50 µg/ml Calcofluor-White (Zellwandstress) zugesetzt wurden. Als Kontrolle wurde das Myzel parallel auf CM-Festmedium ohne Zusätze angezogen. Die Auswertung erfolgte anhand des Koloniedurchmessers.

2.2.7.2 Charakterisierung der Konidien

Kondienzahl:

Für die Bestimmung der Kondienzahl wurden jeweils 19 µl der Konidien suspension (s. 2.2.1.3) in eine Fuchs-Rosenthal-Zählkammer überführt und anschließend die Konidien ausgezählt. Die Berechnung der Konidien/µl erfolgte abschließend anhand folgender Formel:

$$\text{Konidien}/\mu\text{l} = \frac{(\text{Ausgezählte Konidien} \times \text{Verdünnungsfaktor})}{(\text{Ausgezählte Fläche} \times \text{kammertiefe [mm]}/1000)}$$

Morphologie:

Die morphologische Untersuchung der Konidien erfolgte lichtmikroskopisch (s. 2.2.10) sowie mittels konfokalen Laserscanning-Mikroskops (s. 2.2.10) und für die spezifische Betrachtung der Zellwand mittels TEM (s. 2.3).

Auskeimungsfähigkeit:

Für die Betrachtung der Auskeimungsfähigkeit der Konidien wurden diese in CM-Flüssigmedium (s. 2.1.7) aufgenommen, welches anschließend in einen auf den Objektträger aufgetragenen Gene Frame® (ABgene® Ltd, KT19 9AP Epsom, Vereinigtes Königreich) überführt wurde. Der "Gene Frame" wurde durch ein Deckgläschen luftdicht verschlossen, die Konidie fokussiert und die Dokumentation gestartet. Die Konidie wurde hierbei über einen Zeitraum von 14 Std alle 30 min mittels des Axio Imager Z1 (Carl Zeiss Microscopy GmbH, D-07745 Jena, Deutschland) aufgenommen (s. 2.2.10).

2.2.7.3 Anzucht von Perithezien auf Weizennodien

Zweifach autoklavierte Weizenstroh-Halme wurden auf Wasseragar-Platten (s. 2.1.7) ausgebracht und die Nodien mit jeweils 1000 Konidien in 10 µl (s. 2.2.1.3) inokuliert. Die versiegelten Platten wurden bei 20 °C und 16 Lichtstunden für 3-9 Wochen inkubiert.

2.2.7.4 Pathogenitätstests von *F. graminearum* auf Weizen

Die Infektion des Weizenkultivar "Nandu" (Lochow-Petkus, Bergen-Wohlde, Deutschland) erfolgte mittels Punkt- und Sprühinokulation. Hierfür wurden die Weizenpflanzen für 6-8 Wochen in speziellen Anzuchtkammern bei 18-20 °C mit 70 % relativer Feuchte und einer Photoperiode von 16 Std kultiviert. Die anschließende Punkt- oder Sprühinokulation der Weizenähren erfolgte im Entwicklungsstadium zwischen halb abgeschlossener und vollendeter Anthese (Zadoks Maßstab: 65-69; Zadoks, Chang und Konzak, 1974). Für die Punktinokulation wurden jeweils 10 µl einer Konidien suspension (20 Konidien / µl) zwischen Palea und Lemma von jeweils zwei mittigen Weizenblüten innerhalb der Ähre pipettiert. Für die Sprühinokulation wurde ein Sprühstoß (100 µl) aus ca. 10 cm Entfernung mit einer Konzentration von 500 Konidien / µl. mittig auf die Ähre abgegeben. Um eine erhöhte Luftfeuchtigkeit während der frühen Infektionsphase zu gewährleisten, wurden die inokulierten Ähren für drei Tage mit befeuchteten Plastiktüten umhüllt. Die Ernte und Bonitierung der Weizenähren erfolgte, wenn nicht anders beschrieben, nach 21 Tagen.

2.2.7.5 Betrachtung der Infektionsstruktur-Entwicklung auf Hüll- und Deckspelzen

Die detaillierte Betrachtung der Infektionsstruktur-Entwicklung wurde auf Hüll (*Glumae*)- und Deckspelzen (*Paleae*) des Weizenkultivar "Nandu" (*Triticum aestivum* cv.) durchgeführt. Die benötigten Ähren wurden während der frühen Phase der Ährenblüte geerntet und die Hüll- und Deckspelzen präpariert, gewaschen sowie auf Wasseragarplatten (s. 2.1.7) ausgebracht. Inokuliert wurde mit je 5 µl Konidien suspension (20 Konidien / µl). Die Hüllspelzen wurden auf der konkav gewölbten Innenseite und die Deckspelzen auf der konvex gewölbten Außenseite inokuliert. Die Petrischalen wurden versiegelt und für 7-9 Tage bei 22°C und 16 Lichtstunden inkubiert (*Versatile Environmental Test Chamber* MLR-351, Sanyo Electric Co., Ltd., Osaka 540-6226, Japan). Das Chitin in der Zellwand der Hüll- und Deckspelzen wurde für die stereo- sowie fluoreszenzmikroskopische Betrachtung mit WGA (engl. **Wheat Germ Agglutinin**) Alexa Fluor 488 (200 ng/ ml) für 15 min eingefärbt. Überschüssiger Farbstoff wurde mit ddH₂O ausgewaschen. Die Infektionsstruktur-Entwicklung wurde anschließend dokumentiert (s. 2.2.10).

2.2.7.6 Pathogenitätstests von *F. graminearum* auf Mais

Die Infektion der Maisinzuchtlinie "A188" (Green und Phillips, 1975) erfolgte mittels Spritzen-Inokulation nach Reid und Hamilton (1995). Hierfür wurden die Maispflanzen für 12-13 Wochen im Gewächshaus bei 18-26 °C und einer Photoperiode von 17 Lichtstunden kultiviert. Um eine optimale Bestäubung zu gewährleisten, wurden die Maiskolben vor der Inokulation hintereinander dreimal manuell bestäubt. Für die Inokulation wurden 2 ml einer 100 Konidien/µl Konidien suspension (s. 2.2.1.3) in die Maisgriffel primärer Kolben gespritzt. Um eine erhöhte Luftfeuchtigkeit während der frühen Infektionsphase zu gewährleisten, wurden die inokulierten Kolben für drei Tage mit befeuchteten Plastiktüten umhüllt. Die Ernte der Maiskolben erfolgte, wenn nicht anders beschrieben, nach 35 Tagen.

2.2.8 Transfer-Vitalitätstest

Die Anzucht (s. 2.2.1.1) des zu transferierenden Myzels erfolgte auf CM-Festmedium (s. 2.1.7) für jeweils drei Tage. Nach drei Tagen der Kultivierung wurde das Myzel der

vegetativen Wachstumszone transferiert und wiederum für drei Tage kultiviert. Dieser Prozess wurde insgesamt dreimal wiederholt. Die jeweiligen Koloniedurchmesser der einzelnen Generationen wurden nach jeweils 3 Tagen festgehalten. Um gleiche Ausgangsbedingungen zu schaffen wurden die Starterplatten für den ersten Transfer mit jeweils 500 Konidien beimpft (s. 2.2.1.3).

2.2.9 Bestimmung reaktiver Sauerstoffspezies (ROS)

2.2.9.1 Nitroblautetrazoliumchlorid (NBT) -Färbung

Die quartäre Ammoniumverbindung Nitroblau-Tetrazoliumchlorid (NBT) bildet nach Reduktion durch Superoxid-Anionen (O_2^-) den blauen, unlöslichen Di-Formazanfarbstoff. Für den Nachweis von Superoxid-Anionen wurde Myzel (s. 2.2.1.1) auf CM-Agarplatten (s. 2.1.7) für 3 Tage bei 28 °C angezogen. Anschließend wurden 50 ml einer 0.2 % (w/v) NBT-Lösung auf die Kolonien gegeben und für 30 min bei 28 °C im Dunkeln inkubiert. Die quartäre Ammoniumverbindung Nitroblau-Tetrazoliumchlorid (NBT) bildet nach Reduktion durch Superoxid-Anionen den blauen, unlöslichen Di-Formazanfarbstoff. Diese stärker oder schwächer ausfallende Farbreaktion lässt Rückschlüsse auf vorhandene reaktive Sauerstoffspezies zu. Der Überstand wurde anschließend verworfen und die Reaktion durch Waschen mit 99 % Ethanol für 10 min gestoppt. Das Myzel wurde für 45 min bei 28 °C im Dunkeln getrocknet und die Färbung der Kolonien dokumentiert.

2.2.9.2 AmplexRed-Bestimmung von Wasserstoffperoxid

Das Reagenz Amplex[®] Red (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten) wurde in Kombination mit der Meerrettichperoxidase (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten) für die Quantifizierung von freigesetzten Hydrogenperoxide (H_2O_2) verwendet. Der Nachweis von H_2O_2 erfolgte indirekt über eine von der Peroxidase ausgehenden enzymgekoppelten Reaktion, in welcher das Amplex[®] Red mit vorhandenem H_2O_2 reagiert. Das in einem stöchiometrischen Verhältnis von 1:1 gebildete Oxidationsprodukt Resorufin konnte anschließend fluorometrisch detektiert werden.

Für den Nachweis freigesetzter Hydrogenperoxidase wurden 500 Konidien (s. 2.2.1.3) in 20 ml CM-Flüssigkultur (s. 2.1.7) für drei Tage bei 28°C angezogen (s. 2.2.1.2). Das Medium

wurde anschließend abfiltriert, das Pilzmyzel mit 200 ml ddH₂O gewaschen und zwischen Whatman®-Filter-Papier (GE Healthcare Europe GmbH, D-79111 Freiburg, Deutschland) getrocknet. Jeweils 20 mg Myzel-Frischmasse wurden in die Nöpfchen der Mikrotiterplatte überführt und mit 100 µl Krebs-Ringer-Phosphat-Puffer sowie 100 µl des Reaktionsmixes versetzt. Die Messung der Mikrotiterplatte erfolgte nach Herstellerangaben im Fluoroskan II Fluorescence 96-well Microplate Reader (BioTek® Synergy HT, D-74177 Bad Friedrichshall Germany, Deutschland).

Reaktionsmix: 100 µM Amplex® Red, 0.1 U/mL HRP
Gelöst in Krebs-Ringer Phosphat Puffer

Krebs-Ringer-Phosphat-Puffer: 145 mM NaCl
(pH 7.35) 5,7 mM Natriumphosphat
4,86 mM KCl
0,54 mM CaCl₂
1,22 mM MgSO₄
5,5 mM Glucose

2.2.9.3 CellRox-Bestimmung von zellulären ROS

Das fluorogene CellROX® Deep Red Reagenz (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten) diente der Visualisierung von zellulären oxidativem Stress. Der Wirkungsmechanismus beruht auf der Eigenschaft, dass der unter reduzierenden Bedingungen nicht fluoreszente Farbstoff in Anwesenheit von reaktiven Sauerstoffspezies oxidiert wird und fluoresziert.

Für die Visualisierung der reaktiven Sauerstoffspezies wurden 500 Konidien (s. 2.2.1.3) auf Minimal-Agar (s. 2.1.7), zur besseren Handhabung in einen 125 µl Gene Frame® (ABgene® Ltd, KT19 9AP Epsom, Vereinigtes Königreich) gegeben, auf einen Objektträger aufgebracht und über Nacht bei 28°C inkubiert. Auf die ausgekeimten Konidien wurde 200 µl des CellROX® Deep Red Reagenz (5 µM) gegeben und für 40 min bei 28 °C im Dunkeln inkubiert. Die Konidien wurden anschließend dreimal für jeweils 15 min in 1 x PBS (Phosphat-

gepufferte Salzlösung) gewaschen und luftgetrocknet. Die Proben wurden anschließend bei einer Emission von 665 nm und Extinktion von 644 nm mittels der konfokalen Laserscanning-Mikroskopie (engl. *Confocal Laser Scanning Microscopy*, CLSM) betrachtet (s. 2.2.10). Die Quantifizierung der Fluoreszenzintensität erfolgte mittels des auf Java basierenden Bildbearbeitungs- und Bildverarbeitungsprogrammes „ImageJ 1.51f“ (Wayne Rasband, National Institut of Health, Vereinigte Staaten von Amerika). Die statistische Auswertung erfolgte anhand von jeweils 16 unabhängigen Bildausschnitten der Übersichtsaufnahmen des Wildtyps 8.1 sowie der Mutanten.

<u>PBS (1×):</u>	13,7 mM NaCl
(pH 7,4)	0,15 mM KH ₂ PO ₄
	0,81 mM Na ₂ HPO ₄
	0,27 mM KCl

2.2.9.4 Ermittlung der mitochondrialen Sauerstoffsverbrauchsrate

Die Analyse des zellulären Energiestoffwechsels erfolgte mittels des „Seahorse XF24 Extracellular Flux Analyzers“ (Seahorse Bioscience Inc., MA 01862 Billerica, Vereinigte Staaten von Amerika). Für die Bestimmung der mitochondrialen Sauerstoffverbrauchsrate (ORC, engl. *Oxygen Consumption Rate*) wurden aufeinanderfolgend die Basale-Respiration, ATP-Produktion, Protonen-Fluss, Maximale-Respiration sowie die nicht mitochondriale-Respiration ermittelt. Hierfür wurden nacheinander die Komplexe der Elektronentransportkette durch die in der nachfolgenden Tabelle aufgelisteten Substanzen gehemmt oder enthemmt (s. Abbildung 8)

Tabelle 7: Agilent Seahorse XF-Zell-Mito-Stress-Test-Reagenzien

Substanz	Effekt auf Komplex der ETK	Effekt auf OCR
<i>Oligomycin</i>	ATP-Synthase	Hemmt
<i>FCCP (Carbonyl cyanide-4 Phenylhydrazon)</i>	Innere mitochondriale Membrane	Enthemmt
<i>Rotenon/Antimycin A</i>	Komplex I und III	Hemmt

Die Hemmung der F_0 -Untereinheit der ATP-Synthase ermöglicht die Bestimmung des Anteils der ATP-Synthase am Sauerstoffverbrauch. Die Entkopplung der Elektronentransportkette durch die Zugabe des Ionophors FCCP führt zur Aufhebung des Protonengradienten und zeigt die maximale Sauerstoffaufnahme durch den Komplex IV. Für die Ermittlung des nicht mitochondrialen Sauerstoffverbrauchs wurden die Komplexe I sowie III durch Rotenon und Antimycin A inhibiert (s. Abbildung 8). Für die Bestimmung der ORC wurden jeweils 450 μ l Minimalmedium (s. 2.1.7) 50 μ l einer 5000 Konidien enthaltenden Suspension (s. 2.2.1.3) in die Napfchen der Seahorse XF24 Islet Capture Microplates uberfuhrt und fur 24 Std bei 28 °C angezogen.

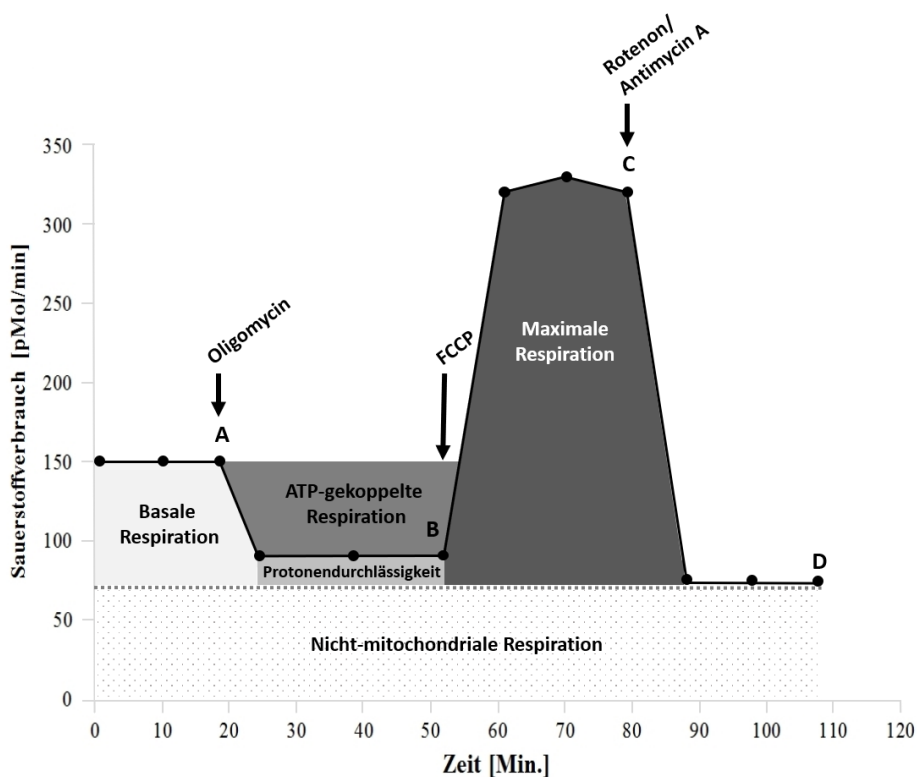


Abbildung 8: **Schematische Darstellung des Messprinzips an einem „XF24 extracellular flux analyzer“** (Seahorse Bioscience Inc., MA 01862 Billerica, Vereinigte Staaten von Amerika) mit dem XF Cell Mito Stress-Kit (Abbildung verändert nach: Agilent Seahorse XF Cell Mito Stress Test Manual).

Nach Kontrolle der mikroskopischen Betrachtung der Keimungsrate und Austausch des Minimalmediums erfolgte die Messung der Sauerstoffaufnahme für 1 Std bei 28 °C. Über die Messwerte der jeweiligen Sauerstoffverbrauchsrate nach Zugabe der Inhibitoren wurden die einzelnen bereits oben genannten Aspekte der Atmung durch die Bildung ihrer Differenz wie folgt berechnet:

- Basale Respiration = A
- Mitochondriale Respiration = A - D
- ATP-gekoppelte Respiration = A - B
- Protonendurchlässigkeit = B - D
- Maximale Respiration = C - D
- Nicht-mitochondriale Respiration = D
- Zusätzliche respiratorische Kapazität = A - (C - D)

Für die ermittelten Werte wurden Mittelwerte sowie Standardabweichungen berechnet und die Signifikanz mit einer einfaktoriellen ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm) bestimmt.

2.2.10 Mikroskopische Verfahrenstechniken

2.2.11 Licht- und epifluoreszenzmikroskopische Analyse

Konidien:

Die morphologische Untersuchung der Konidien erfolgte lichtmikroskopisch mit dem Axio Imager Z1 (Carl Zeiss Microscopy GmbH, D-07745 Jena, Deutschland) sowie für die Konidien-Zellwandanalyse mittels konfokalem Laserscanning-Mikroskop CLSM 780 (Carl Zeiss Microscopy GmbH, D-07745 Jena, Deutschland). Für die Betrachtung der Auskeimungsfähigkeit der Konidien (s. 2.2.1.3) wurden diese in CM-Flüssigmedium (s. 2.1.7) aufgenommen, welches anschließend in einen auf den Objektträger aufgebrauchten *Gene Frame*[®] (ABgene[®] Ltd, KT19 9AP Epsom, Vereinigtes Königreich) überführt wurde. Der Gene Frame wurde durch ein Mikroskopier-Deckgläschen luftdicht verschlossen, die Konidie fokussiert und die Dokumentation gestartet (Axio Imager Z1, Carl Zeiss Microscopy GmbH, D-07745 Jena, Deutschland). Des Weiteren wurden die Konidien mit dem konfokalen Laserscanning-Mikroskop CLSM 780 (Carl Zeiss Microscopy GmbH, D-07745 Jena, Deutschland) betrachtet. Für die Fluoreszenzaufnahmen wurden je nach Verwendungszweck unterschiedliche fluorophore Substanzen eingesetzt. Die einzelnen Fluorophore, deren Funktion, wie auch Extinktions- und Emissionswellenlängen sind in der nachfolgenden Tabelle 8 zusammengefasst.

Tabelle 8: Für die Fluoreszenzmikroskopie verwendete Fluorophore, deren Zielstrukturen sowie Extinktions- und Emissionswerte.

Fluorophor	Zielstruktur	Extinktion (nm)	Emission (nm)
<i>ABF (Aniline Blue Fluorochrome)</i>	(1,3)- β -Glucan	390	480
<i>Alexa Fluor 488 (Wheat Germ Agglutinin)</i>	Chitin	490	515
<i>CellROX[®] Deep Red Reagenz</i>	Reaktive Sauerstoffspezies	644	665

Perithezien:

Die Perithezienbildung auf Weizenhalmen (s. 2.2.7.3) wurde mit der Stereolupe Nikon AZ100 (Nikon GmbH, D-40472 Düsseldorf, Deutschland) dokumentiert.

Infektionsstrukturen:

Die Betrachtung sowie Dokumentation der Infektionsstrukturen auf Hüll- sowie Deckspelzen erfolgte mit dem MZFLIII (Leica Microsystems, 9435 Heerbrugg, Schweiz) und dem konfokalen Laserscanning-Mikroskop CLSM 780 (Carl Zeiss Microscopy GmbH, D-07745 Jena, Deutschland). Für die Fluoreszenzaufnahmen wurden je nach Verwendungszweck unterschiedliche Fluorophore Substanzen eingesetzt. Die einzelnen Fluorophore, deren Funktion, wie auch Extinktions- und Emissionswellenlängen sind in der Tabelle 8 zusammengefasst.

2.3 Transmissionselektronenmikroskopie

Für die Detektion von Chitin sowie (1,3)- β -Glucan wurden Konidien (s. 2.2.1.3) oder das Pilzmyzel (s. 2.2.1.2) für jeweils 2-3 Tage angezogen. Die anschließende Fixierung erfolgte nach Kleemann et al., 2012.

Das Probenmaterial wurde anschließend mit 4 % (w/v) Paraformaldehyd (Merck KGaA, D-64293 Darmstadt, Deutschland) und 0,5 % (v/v) Glutaraldehyd (Serva Electrophoresis GmbH, D-69115 Heidelberg, Deutschland) in 50 mM Cacodylat (pH 7,0) für 30 min fixiert und für zwei Stunden auf Eis inkubiert. Das Probenmaterial wurde dreimal (90 sek. bei 1500 xg und 4°C) in 50 mM Cacodylat (pH 7,0) gewaschen und danach in 2 % (w/v) Agar

Agar, gelöst in 50 mM MSB-Puffer, (Merck KGaA, D-64293 Darmstadt, Deutschland) fixiert. Nach einer weiteren Fixierung mittels 0,25 % (w/v) Osmiumtetroxid in 50 mM Cacodylat (pH 7,0) und einer einstündigen Inkubation im Eisbad wurden die Kulturen gewaschen. Die so behandelten Proben wurden über Nacht im Kühlschrank gelagert und am Folgetag auf Eis schrittweise mit einer ansteigenden Ethanolkonzentration von 30 %, 50 %, 70 %, 90 % und 100 %igen Ethanol entwässert. Die Inkubationszeit zwischen den jeweiligen Ethanol-Lösungen betrug 20 min. Für die anschließende Einbettung wurden die Proben nacheinander jeweils für 60 min in einem Ethanol-Harz-Gemisch im Verhältnis 2:1, 1:1 und 1:2 Teile (*LR White Resin Medium grade Acryl Resin*, Plano GmbH, D-35578 Wetzlar, Deutschland) inkubiert und in einem letzten Schritt in 100 % LR White überführt. Nach Wechseln des LR White wurden die Proben in Gelatine kapseln eingebettet, welche über den Zeitraum von 2 Stunden bei Raumtemperatur, gefolgt von einer 36-stündigen Inkubation bei 50°C, auspolymerisierten. Von den Gelatineblöcken wurden mittels des Diamantenmessers (Messerwinkel von 45°, Diatome AG, 2560 Nidau, Schweiz) 70-80 nm dicke Ultradünnschnitte am Ultramikrotom Ultracut E (Reichert-Jung, D-69226 Nußloch, Deutschland) angefertigt und anschließend auf Mowital beschichtete Nickel Grids (Stork Veco B.V., 6961 Eerbeek, Niederlande) aufgenommen. Für die Immunogoldmarkierung wurden die Proben 30 min in 50 mM MSB-Lösung inkubiert. Für die Visualisierung des Zellwandbestandteils Chitin wurden die Proben anschließend für 15 min mit WGA (engl. Wheat Germ Agglutinin) Alexa Fluor 488 (Stocklösung 0,1mg/ml 1:100 verdünnt) inkubiert und zweimal mit 50 mM MSB-Lösung gewaschen. Das Blocken der freien Bindungsstellen erfolgte für 30 min in MSB-Blocking-Puffer. Das jeweilige Antiserum (s.2.1.3) wurde in der vom Hersteller empfohlenen Verdünnung auf das Grid aufgebracht, für 60 min inkubiert und ungebundene Antikörper dreimal mit MSB-Wachslösung abgewaschen. Nachfolgend wurden die auf den Grids befindlichen Proben mit 1:200 verdünnten Anti-Rabbit IgG-Gold (10nm) Konjugat (s. 2.1.3) für 60 min inkubiert. Die so markierten Proben wurden dreimal in 50 mM MSB-Lösung gewaschen und mit 1 % (v/v) Glutaraldehyd erneut für 10 min fixiert. Die Proben wurden dreimal in sterilem ddH₂O gewaschen und die Proben für 10 sec mit 2 % (w/v) Uranylacetat Dihydrat kontrastiert. Vor sowie nach der zweiten Kontrastierung mit 0,2 % (w/v) Bleicitrat für 15 sec wurden die Proben viermal mit ddH₂O gewaschen.

Neben der Betrachtung der Zellwandkomponente Chitin wurde auch der Anteil an (1,3)- β -Glucan in der pilzlichen Zellwand visualisiert. Hierfür wurden die Proben, wie bereits für die Chitin Immunogoldmakierung vorbehandelt. Markiert wurde mit einem Anti-(1,3)- β -Glucan Antiserum und einem 1:200 verdünnten Anti-Mouse IgG-Gold (10 nm) Konjugat. Die Proben wurden im TEM LEO 906 E (LEO Elektronenmikroskopie GmbH, D-73443 Oberkochen, Deutschland) betrachtet und über die MultiScan CCD-Kamera Modell 794 (Gatan GmbH, D-80807 München, Deutschland) unter Verwendung der *Digital Micrograph Version 2.02* Software (Gatan GmbH, D-80807 München, Deutschland) bei 100 kV dokumentiert. Die Probenvorbereitung sowie die Bedienung des TEM wie auch die Dokumentation des Probenmaterials erfolgte in Zusammenarbeit mit der Technischen-Assistentin Elke Wölken (Arbeitsgruppe um Prof. Dr. Dieter Hanelt, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie (IPM), Aquatische Ökophysiologie und Phykologie, Universität Hamburg).

<u>MSB:</u>	100mM PIPES (Sigma P-6757)
(pH 6,8)	10mM EGTA (Sigma E-4378)
	5mM MgSO ₄ Heptahydrat (Merck 5886)
 <u>MSB-Blocking-Puffer:</u>	 3 % (v/v) BSA
	0,2 % (v/v) BSA-C (Biotrend Chemikalien GmbH, D-50933 Köln, Deutschland)
	100mM MSB
 <u>MSB-Wachslösung:</u>	 1 % (v/v) BSA
	0,07 % (v/v) BSA-C
	100 mM MSB

2.3.1 Zellwandanalyse

2.3.2 Polysaccharid-Extraktion durch chemische Hydrolyse

Das in YPD-Medium (s. Kulturmedien) angezogene Pilzmyzel (s. 2.2.1.2) und Konidien (s. 2.2.1.3) wurden in flüssigem Stickstoff schockgefroren und mittels Mörser homogenisiert. Das Probenmaterial wurde über Nacht gefriergetrocknet und am Folgetag 10 mg des Probenmaterials in ein 2 ml Reaktionsgefäß überführt. Die nachfolgende chemische Hydrolyse der Polysaccharide erfolgte nach François (2006).

Hierfür wurden dem Probenmaterial 150 µl 72 %ige (v/v) Schwefelsäure hinzugegeben, gemischt und für drei Stunden bei Raumtemperatur inkubiert, wobei die Proben alle 30 min nochmals gemischt wurden. Anschließend wurde das Gesamtvolumen mit ddH₂O auf 2 ml aufgefüllt, jeweils 1 ml auf ein neues Reaktionsgefäß überführt und für vier Stunden bei 100°C inkubiert. Nach Abkühlung des Probenmaterials auf Raumtemperatur wurde die Suspension in 50 ml Reaktionsgefäße überführt und durch Zugabe von 2 ml ddH₂O nochmals verdünnt. Nach der Einstellung des pH-Wertes mit gesättigter Bariumhydroxid-Lösung auf pH 6 bis 8 wurde über Nacht im Kühlschrank gefällt. Der pH-Wert wurde am Folgetag überprüft und gegebenenfalls nochmals auf einen Wert zwischen 6 bis 8 eingestellt. Das Probenvolumen wurde anschließend mit ddH₂O auf 20 bis 25 ml angeglichen und die Proben bei 4000 xg bei 4 °C für 15 min zentrifugiert. Jeweils 1 ml der wässrigen Phase wurde über einen Filter (0,45 µm) von Schwebepartikeln befreit und in ein neues Reaktionsgefäß überführt. Das Probenmaterial wurde bis zur Monosaccharid-Bestimmung mittels HPAEC-PAD (engl. *High Performance Anion Exchange Chromatography with Pulsed Amperometric Detection*) bei -20 °C gelagert.

2.3.2.1 Monosaccharid-Bestimmung mittels HPAEC-PAD

Für die Bestimmung der Zellwand-Monosaccharide wurde das Modell Dionex ICS-5000 mit EC und RI Detektor (Dionex Corporation, Sunnyvale, CA 94085, Vereinigte Staaten von Amerika) verwendet. Das Probenmaterial (s. 2.3.1) wurde im Verhältnis 1:10 mit sterilem ddH₂O verdünnt, 500 µl in eine HPLC-Gewindeflasche ND8 (VWR International GmbH, D-64295 Darmstadt, Deutschland) überführt und mittels Schraubkappe mit integrierten geschlitzten Septum verschlossen (VWR International GmbH, D-64295 Darmstadt, Deutschland). Als Standard diente eine Verdünnungsreihe von Glukose, Galaktose,

Glucosamin und Mannose der Konzentration 1,25 µg/ml, 2,5 µg/ml, 5 µg/ml, 6,25 µg/ml, 10 µg/ml und 25 µg/ml. Die Blindprobe bildete ddH₂O. Die Auftrennung der Zellwand-Monosaccharide erfolgte mittels einer CarboPac™ PA20 Säule (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten). über einen Gradienten von 2,8 mM bis 45 mM Natriumhydroxid-Lösungen, welche mittels des Ultraschallbads Digitec DT 31 (BANDELIN electronic GmbH & Co. KG, D-12207 Berlin, Deutschland) für 60 min entgast wurden. Die an die HPLC angeschlossenen Eluenten wurden während des Messvorgangs durch eine stetige Stickstoffzufuhr weiter entgast. Gemessen wurde bei 30 °C und einer Fließgeschwindigkeit von 0,5 ml/ min. Die in den Proben enthaltenen Monosaccharide wurden nach ihrer Laufzeit aufgetrennt und Anhand der erhaltenen Peakflächen innerhalb des Chromatogramms mittels der Dionex Chromelon Software (Version 6.8) identifiziert. Die Quantifizierung erfolgte durch den Vergleich der Chromatogramme extern mitgeführter Standards.

2.3.3 Erstellung des Proteoms sowie Ubiquitoms

2.3.4 Proteom-Proteinisolation

Das in CM-Flüssigmedium (s.2.1.7) angezogene Pilzmyzel (s.2.2.1.2) wurde in flüssigem Stickstoff schockgefroren und im Mörser homogenisiert. Das Probenmaterial wurde für drei Tage gefriergetrocknet und anschließend 50 mg des Probenmaterials in ein 2 ml Reaktionsgefäß überführt. Die Proteine wurden in 500 µl Extraktionspuffer mit jeweils 50 µl Protease-Inhibitor sowie Phosphatase-Inhibitor (Sigma-Aldrich Co. LLC. (Merck KGaA, D-64293 Darmstadt, Deutschland Firma). Nach 5 min Inkubation wurde das Probengemisch bei 11337 xg für 5 min bei 4 °C zentrifugiert. Der Überstand wurde in ein neues 1,5 µl Reaktionsgefäß überführt und mit NuPAGE™ 4x LDS Sample Buffer sowie NuPAGE™ 10x Sample Reducing Agent (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten) versetzt. Das Probengemisch wurde anschließend für 8 min bei 95 °C gekocht und die Proben mittels SDS-Page (s. 2.3.4.2) überprüft.

<u>Extraktionspuffer:</u>	20mM Tris-HCl
(pH 7)	10% (w/v) Sucrose

2.3.4.1 Ubiquitom-Immunaффinitätsaufreinigung

Mit dem PTMScan® Ubiquitin Remnant Motif (K-ε-GG) Kit (Cell Signaling Technology Europe B.V., D-60314 Frankfurt am Main, Deutschland) wurden die mit Ubiquitin posttranslational modifizierten Proteine isoliert. Hierfür wurde das in CM-Flüssigmedium (s. 2.1.7) angezogene Pilzmyzel (s. 2.2.1.2) gefriergetrocknet. Die Immunoaffinitätsaufreinigung erfolgte von 100 mg in Stickstoff homogenisierter Proben nach Herstellerangaben mit ¼ der vom Hersteller verwendeten Mengen. Hierbei wurden die Zellen mit harnstoffhaltigen Puffer lysiert und die zellulären Proteine durch Proteasen verdaut. Die resultierenden Peptide wurden anschließend durch Umkehrphasen-Festphasenextraktion gereinigt. Die Immunaффinitätsreinigung erfolgte mittels Antikörper-Kügelchen-Konjugat. In einen letztem Schritt wurden ungebundene Peptide durch Waschen entfernt und die ubiquitinierten Peptide mit verdünnter Säure eluiert. Die Proben wurden mittels SDS-Page (s. 2.3.4.2) überprüft.

2.3.4.2 SDS-Gelelektrophorese (SDS-PAGE)

Das in der SDS-PAGE (engl. *Sodium Dodecyl Sulfate Polyacrylamide Gel Electrophoresis*) verwendete Gel setzt sich aus dem Sammel- und Trenngel zusammen. Als erstes wurde das Trenngel wie nachfolgend beschrieben angemischt:

Reagenzien	12,5 %iges Trenngel
ddH ₂ O	3,6 ml
Trenngelpuffer (4×)	2,8 ml
Acrylamid (30 % (w/v))	4,7 ml
APS (10 % (w/v))	7,5 µl
TEMED	7,5 µl

Die Trenngel-Mischung wurde zu gleichen Teilen in die zwei Gelkammern (Biometra Minigel-Twin, Biometra GmbH, D-37079 Göttingen, Deutschland) Biometra, Deutschland) gegossen. Anschließend wurden die Trenngele mit 1ml ddH₂O überschichtet und für 30 min auspolymerisiert. Nachfolgend wurde das Sammelgel wie folgt angesetzt:

Reagenzien	4 %iges Sammelgel
ddH ₂ O	1,75 ml
Sammelgelpuffer (4×)	1,25 ml
Acrylamid (30 % (w/v))	500 µl
APS (10 % (w/v))	50 µl
TEMED	5 µl

Vor dem Überschichten des Trenngels mit dem Sammelgel wurde das Überschichtungswasser verworfen. Nachdem Pipettieren des Sammelgel wurde ein Kamm zur Taschenbildung eingesetzt und das Gel für weitere 30 min auspolymerisiert. Anschließend wurden die Gele in die vorgesehenen Plätze in der Laufkammer überführt und diese mit SDS-Laufpuffer befüllt. Je nach Taschengröße wurden 10-30 µl Probe aufgetragen. Als Molekulargewichtsstandard wurde der PageRuler™ Plus Prestained Protein Ladder (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten) mitgeführt. Die Auftrennung erfolgte bei einer Stromstärke von ca. 20 mA pro Gel für 60-90 min. Das Färben des Trenngels erfolgte über Nacht in einer Coomassie Färbelösung bei Raumtemperatur unter leichten Schwenken. Das Entfärben am Folgetag diente dem Entfernen überschüssiger Färbelösung und der Visualisierung der Banden.

Trenngelpuffer (4×)	1,5 M Tris-HCl
(pH 8,8)	0,4 % (w/v) SDS
Sammelgelpuffer (4×)	500 mM Tris-HCl
(pH 6,8)	0,4 % (w/v) SDS
	0,01 % (w/v) Bromphenolblau
SDS-Laufpuffer	25 mM Tris-HCl
(pH 8,3)	192 mM Glycin
	0,1 % (w/v) SDS

Coomassie Färbelösung	0,2 % (w/v) Coomassie Brilliant Blue
	10 % (v/v) Essigsäure
	40 % (v/v) Ethanol (technisch)
Entfärbelösung	25 % (v/v) Ethanol (technisch)
	7,5 % (v/v) Essigsäure

2.3.4.3 LC-MS/MS-Analyse

Die LC-MS / MS Analyse erfolgte über das Q Exactive™ Hybrid-Quadrupol-Orbitrap Massenspektrometer gekoppelt an ein EASY-nLC 1000 Flüssigchromatograph (Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten). Die Peptid-Proben wurden zur Analyse in eine EASY-Spray analytische Säule (50 cm × 75 µm innere Diameter, PepMap RSLC C18, 2 µm, Thermo Fisher Scientific Inc., 02451 Massachusetts, Vereinigte Staaten) geladen und anschließend bei unterschiedlichen Gradientenlängen prozessiert. Die Verarbeitung der erhaltenen Datensätze erfolgte über das quantitative Proteomics-Softwarepaket MaxQuant 1.5.7.0. und der Datenbank p3_p13839_Fus_v32 (Güldener, 2011). Die LC-MS/MS-Analyse erfolgte in Kooperation mit Dr. Michael Tatham (Arbeitsgruppe um Prof. Ron Hay, Centre for Gene Regulation and Expression, College of Life Sciences, University of Dundee, DD1–5 Dundee, England).

3 Ergebnisse

Um den morphogenetischen Mechanismus von epiphytischen Laufhyphen zu Infektionskissen zu verstehen, wurde die mRNA der Laufhyphen sowie die mRNA von Infektionskissen isoliert, sequenziert und ein differentielles Transkriptom erstellt (unveröffentlichte Daten, Prof. Dr. Wilhelm Schäfer, Arbeitsgruppe Molekulare Phytopathologie, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie (IPM), Universität Hamburg). Die Untersuchung des Transkriptoms zeigte deutliche Unterschiede der beiden Strukturen und identifizierte für jede der Infektionsphasen individuelle Transkriptionsmuster. So werden verschiedene Sekundärmetabolite, darunter das Mykotoxin Deoxynivalenol, spezifisch in neu entwickelten Infektionskissen induziert, während die Desoxynivalenolproduktion in älteren Infektionskissen eingestellt wird. In dieser entscheidenden Phase der Entwicklung konnten 118 Gene identifiziert werden, welche während der frühen Infektion exprimiert vorliegen und wahrscheinlich maßgeblich an dem Ubiquitin-abhängigen Proteinabbau beteiligt sind. Welchen Einfluss die nachgewiesenen Gene innerhalb des Ubiquitin-Proteasom-Systems und auf die Proteindegradation ausüben, wurde in dieser Arbeit untersucht.

3.1 Auswahl und Identifizierung der Kandidatengene des Ubiquitin-Proteasom-Systems

Die Auswahl der Kandidatengene erfolgte anhand einer Literatur- und Transkriptomanalyse aller der am Proteinabbau involvierten Strukturen sowie aller Komponenten des Ubiquitin-Proteasom-Systems (UPS). Durch die differentielle Transkriptomanalyse von Infektionskissen, Laufhyphen und axenischen *in vitro* Myzel wurden cDNA-Bibliotheken für die jeweiligen Gewebe angefertigt (Mentges et al., Unveröffentlichte Daten). Die Bibliotheken ermöglichten die vergleichende Analyse der Genregulierung innerhalb der invasiven Infektionskissen und nicht-invasiven Laufhyphen *in planta* mit dem *in vitro* Myzel auf mögliche expressionelle Unterschiede. Der Transkriptom-Datensatz zeigte die Expression jedes Gens in jeden analysierten Gewebe anhand des Logarithmus der Basis 2. Die Darstellung als Log₂-Werte wurde verwendet, um Vergleiche zwischen den verschiedenen Gene zu erleichtern, indem die teils hohen Unterschiede in der Genexpression herabgesetzt werden. Gene wurden als pflanzenreguliert betrachtet, wenn

dessen Expression im Vergleich zur Expression des *in vitro* Myzels über den Log₂-Schwellenwert von +2 (pflanzeninduziert) oder unterhalb des Log₂-Schwellenwerts von -2 (pflanzenunterdrückt) lag. Anhand der Analyse wurden insgesamt 13.826 Gene identifiziert, von denen 982 während der frühen Infektionsphase exprimiert wurden. Die genauere Analyse zeigte, dass 118 dieser Gene in das Ubiquitin-Proteasom-System involviert sind. Basierend auf Sequenzhomologien gehören zu diesen Genen 22 Ubiquitin-Carboxyl-Hydrolasen Typ 1/2, 4 Ubiquitin/SUMO-aktivierende Enzyme (E1), 27 Ubiquitin-konjugierende Enzyme (E2), drei Ubiquitin-Ligasen (E3), zwei kleinere Ubiquitin-verwandte Modifikatoren (engl. *Small Ubiquitin-like Modifier*; SUMO) und 53 F-Box-Proteine. Die Auswahl der Kandidatengene aus den 118 Genen erfolgte in einem ersten Schritt in Abhängigkeit zur jeweiligen Annotation und enthielt eine besonders heterogene Auswahl an Komponenten des UPS (s. Tabelle 9; FGSG_00633, FGSG_01322, FGSG_05561, FGSG_06922, FGSG_12683). Das zweite Auswahlkriterium bildete der FPKM-Wert (engl. *Fragments Per Kilobase Million*), welcher dargestellt als Logarithmus der Basis 2, die Fragmente pro Exon-Kilobase pro Millionen annotierter Fragmente angibt und einen Vergleich der individuellen Expression der Gene in Laufhyphen (LH) sowie Infektionskissen (IK) zulässt. Mittels der FPKM-Werte wurden weitere Gene des UPS ausgewählt, welche signifikant in den LH reguliert vorlagen (s. Tabelle 9; (LH); FGSG_00633) oder signifikant in den IK exprimiert vorlagen (s. Tabelle 9; (IK); FGSG_02552). Die letztlich für eine Deletion ausgewählten zehn Gene sind in Tabelle 9 zusammengefasst. Unter der Auswahl der zu deletierenden Komponenten des Ubiquitin-Proteasom-Systems befinden sich vier F-Box-Proteine, ein kleiner Ubiquitin-verwandter Modifikator (engl. *Small Ubiquitin-related Modifier*; SUMO), eine Ubiquitin Ligase (E3), ein Skp1 (engl. *S-phase Kinase-associated Protein 1*), zwei Ubiquitin/SUMO-aktivierende Enzyme (E1) sowie ein Ubiquitin-konjugiertes Enzym (E2). Die Annotation erfolgte über die InterPro-Datenbank (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>). Die Auswahl der letztlich für eine Deletion ausgewählten Gene FGSG_02552, FGSG_04444 und FGSG_12683 (s. Tabelle 9; Text hervorgehoben) richtete sich für FGSG_02552 nach der erhöhten Expression innerhalb der Infektionskissen und für FGSG_04444 sowie FGSG_12683 nach der Annotation ihrer als weiteres F-Box-Protein sowie Ubiquitin-konjugiertes Enzym (E2).

Tabelle 9: Kandidatengene des Ubiquitin-Proteasom-Systems ausgewählt für eine Deletion in *F. graminearum*. Neben der Annotation der InterPro-Datenbank ist auch die Expression innerhalb der Infektionskissen (IK) sowie Laufhyphen dargestellt. Die Expression kann negativ reguliert (Runter), positiv Reguliert (Hoch) oder nicht signifikant reguliert (/) vorliegen. Die für eine Deletion ausgewählten Gene wurden hervorgehoben.

Lokus	Annotation (InterPro-Datenbank)	Expression (IK)	Expression (LH)
<i>FGSG_00633</i>	Ubiquitin Ligase (E3) (HECT)	Runter	Runter
<i>FGSG_01322</i>	Kleiner Ubiquitin-verwandter Modifikator (engl. SUMO)	/	/
<i>FGSG_02552</i>	F-Box-Domäne, Cyclin-verwandt	Hoch	/
<i>FGSG_04444</i>	F-Box-Domäne, Cyclin-verwandt	/	/
<i>FGSG_05561</i>	Ubiquitin/SUMO-aktivierendes Enzym (E1)	/	/
<i>FGSG_05923</i>	F-Box-Domäne, Cyclin-verwandt	/	/
<i>FGSG_06922</i>	Skp1 Komponente (engl. S-phase kinase- associated protein 1)	/	/
<i>FGSG_06969</i>	Leucin-reiche Wiederholung; F-Box Domäne	/	/
<i>FGSG_09689</i>	Ubiquitin/SUMO-aktivierendes Enzym (E1)	/	/
<i>FGSG_12683</i>	Ubiquitin-konjugiertes Enzym (E2)	/	/

3.2 Generierung und Nachweis der Deletionsmutanten

Der Auswahl der Kandidatengene folgte die Generierung von Deletionsmutanten der Gene *FGSG_02552*, *FGSG_04444* und *FGSG_12683* (im Weiteren als Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 bezeichnet). Die Integration der über das Hefe-Rekombinationssystem (s. 2.2.6.2) erzeugten Deletionskonstrukte (s. Abbildung 9, Abbildung 10, Abbildung 11; A) folgte dem Prinzip der homologen Rekombination. Die Zielsequenz wurde hierbei mittels eines doppelten *Crossing-overs* durch eine Resistenzgenkassette (s. Abbildung 9, Abbildung 10, Abbildung 11; A, gestrichelte Linien) ersetzt. Die Deletion des Zielgens der Primärtransformanden durch korrekte Integration der Resistenzkassette wurde mittels PCR und Southern Blot nachgewiesen (s. Abbildung 9, Abbildung 10, Abbildung 11; B, C). Die Deletion von *FGSG_02552* (Δ FgBox2) erfolgte nach dem oben beschriebenen Verfahren. Die Primärtransformanden wurden anschließend mittels PCR auf geninterne Banden des Gens *FGSG_02552* (s. Abbildung 9; A, schwarze Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr.17, 18) sowie

auf die Resistenzkassette HygB (s. Abbildung 9; A, weiße Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 19, 20) überprüft.

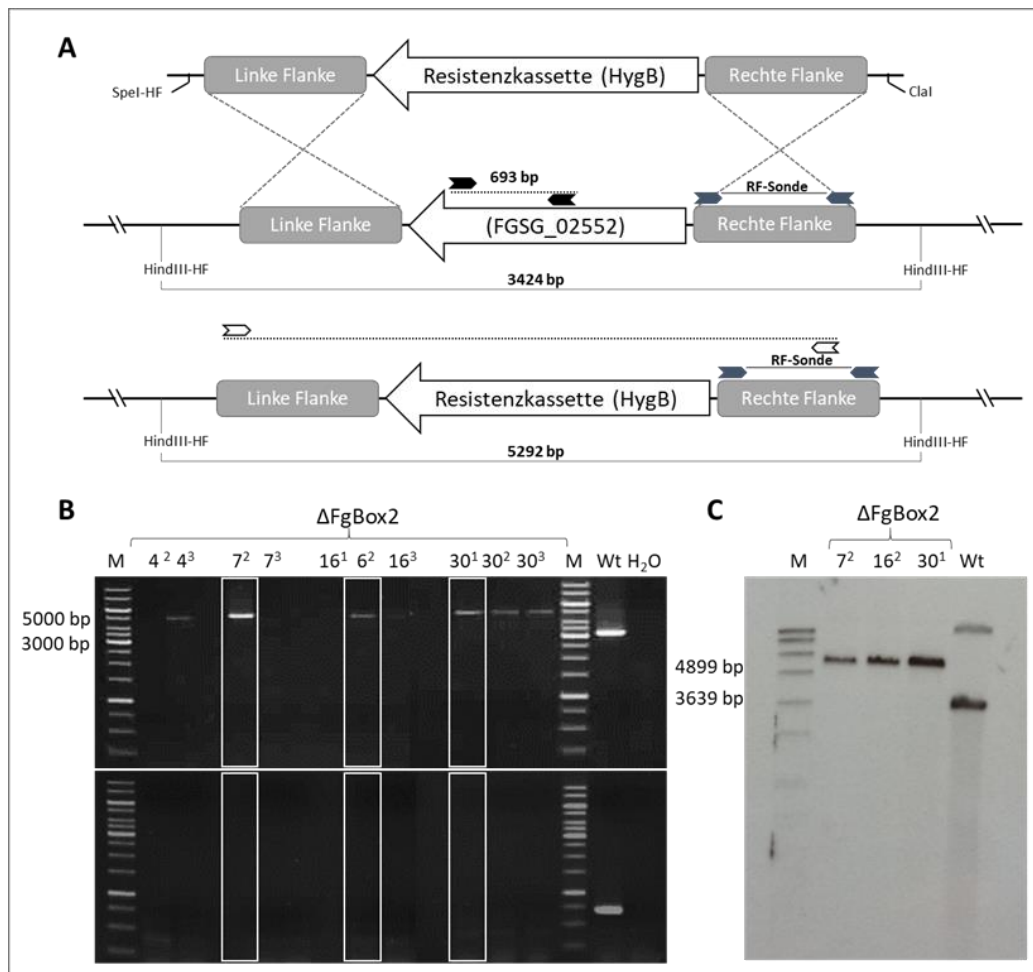


Abbildung 9: Generierung und molekularbiologischer Nachweis der $\Delta FgBox2$ -Deletionsmutante.
A: Schematische Darstellung der über homologe Rekombination (A, gestrichelte Linie) vermittelten Deletion durch die Integration der Hygromycin-Resistenzkassette (HygB) in den Genlokus von FGSG_02552. Die Resistenzkassette diente der späteren Selektion der Primärtransformanten.
B: Nachweis der erfolgreichen homologen Rekombination mittels PCR und geninternen Primern (A, schwarze Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 17, 18) sowie genflankierenden Primern (A, weiße Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 19, 20). Das Fehlen des Wildtyp-Fragments (B; b, 693 bp) und die Größenunterschiede der erhaltenen PCR-Fragmente (B, a, Wt 8.1= 3963 bp, B, a, $\Delta FgBox2$ = 5093 bp) zeigten die Integration der Resistenzkassette in den nativen Genlokus bei den Primärtransformanten 7², 16² und 30¹. Molekulargewichtsstandard: GeneRuler 1 kb DNA Ladder (Thermo Fisher; MAN0013004).
C: Southern-Blot-Analyse der Transformanten 7², 16², 30¹. Die genomische DNA wurde mit HindIII-HF restringiert und anschließend mit der RF-Sonde (A, blaue Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 3, 4) hybridisiert. Für 7², 16² und 30¹ wurde das für eine erfolgreiche Deletion erwartete Fragment in Höhe von 5292 bp detektiert. Molekulargewichtsstandard: Molecular Weight Marker VII, DIG labeled (Roche; 11209264001).

Um ektopische Integrationen des Vektors auszuschließen, wurden Transformanten ohne nachweisbare geninterne Bande, aber mit integrierter Hygromycin-Resistenzkassette (HygB) nochmals mittels Southern-Blots überprüft. Die Detektion erfolgte über eine Digoxigenin-Sonde, welche Upstream der kodierenden Sequenz hybridisierte (s. Abbildung

9; A, blaue Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 3, 4). Aufgrund der bekannten Schnittstellen der Restriktionsendonuklease HindIII-HF (engl. *High-Fidelity*) wurde eine Fragmentgröße von 5292 bp für die Deletionsmutanten sowie eine Fragmentgröße von 3639 bp für die als Kontrolle mitgeführten Wildtyps 8.1 erwartet (s. Abbildung 9; C). Die Transformanden 7², 16², 30¹ konnten als Deletionsmutanten bestätigt werden.

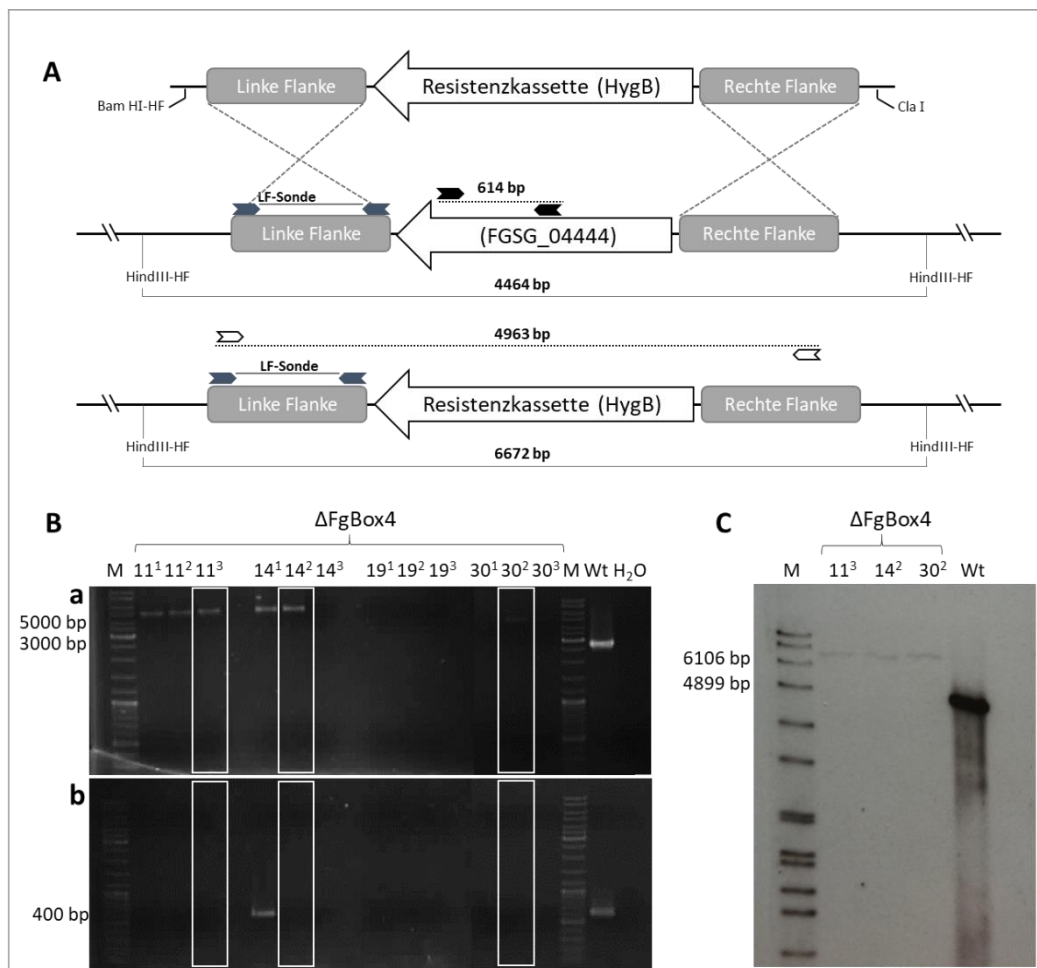


Abbildung 10: Generierung und molekularbiologischer Nachweis der Δ FgBox4-Deletionsmutante.

A: Schematische Darstellung der über homologe Rekombination (A, gestrichelte Linie) vermittelten Deletion durch die Integration der Hygromycin-Resistenzkassette (HygB) in den Genlokus von FGSG_0444. Die Resistenzkassette diente der späteren Selektion der Primärtransformanden.

B: Nachweis der erfolgreichen homologen Rekombination mittels PCR und geninternen Primern (A, schwarze Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 21, 22) sowie genflankierenden Primern (A, weiße Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 23, 24). Das Fehlen des Wildtyp-Fragments (B; b, 416 bp) und die Größenunterschiede der erhaltenen PCR-Fragmente (B, a, Wt 8.1= 2755 bp; B, a, Δ FgBox4= 4963 bp) zeigten die Integration der Resistenzkassette in den nativen Genlokus bei den Primärtransformanden 11¹-11³, 14² und 30¹-30².

Molekulargewichtsstandard: GeneRuler DNA Ladder Mix (Thermo Fisher; SM0331).

C: Southern-Blot-Analyse der Transformanden 11³, 14² und 30². Die genomische DNA wurde mit HindIII-HF restringiert und anschließend mit der LF-Sonde (A, blaue Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr.7,8) hybridisiert. Für 11³, 14² und 30² wurde das für eine erfolgreiche Deletion erwartete Fragment in Höhe von 6672 bp detektiert. Molekulargewichtsstandard: Molecular Weight Marker VII, DIG labeled (Roche; 11209264001).

Die Überprüfung der Deletion des Genlokus FGSG_04444 (Δ FgBox4) mittels PCR auf geninterne Banden (s. Abbildung 10; A, schwarze Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 21, 22) sowie auf die Resistenzkassette (s. Abbildung 10; A, weiße Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 23, 24) zeigten Primärtransformanten ohne ein Wildtyp-Fragment in Höhe von 416 bp (s. Abbildung 10; B, b), welche auch ein Fragment der Größe von 2755 bp innerhalb der genflankierenden PCR (s. Abbildung 10; B, a) aufwiesen. Die Detektion der mittels HindIII-HF restringierten gDNA erfolgte über eine DIG-Sonde, welche downstream der deletierten Gensequenz hybridisierte (s. Abbildung 10, A, blaue Pfeile; Tabelle 4, Primer-Nr. 7, 8). Die Ergebnisse von Fragmenten in Höhe von 6672 bp entsprachen der erwarteten Größe. Der deutliche Unterschied von über 2000 bp zum Fragment der mitgeführten Positivkontrolle des Wildtyp 8.1 zeigte die erfolgreiche Integration der Hygromycin-Resistenzkassette sowie Deletion des eigentlichen Genlokus FGSG_04444 in den Transformanten 11³, 14² und 30². Die Deletion von FGSG_12683 (Δ FgUbc2) folgte dem gleichen Prinzip wie die zuvor beschriebene Deletion von FGSG_02552 und FGSG_04444. Die Überprüfung der Primärtransformanten mittels PCR auf geninterne Banden der Höhe von 439 bp (s. Abbildung 11; A, schwarze Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 25, 26) sowie auf die Resistenzkassette HygB (s. Abbildung 11; A, weiße Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 27, 28) in Höhe von 4808 bp zeigte mehrere Transformanten ohne nachweisbare geninterne Bande, aber mit integrierter Hygromycin-Resistenzkassette.

Die erfolgreiche Deletion wurde mit Hilfe eines Southern-Blots unter Verwendung der Restriktions-Endonuklease PvuII-HF zum Verdauen der gDNA und einer innerhalb der Downstream-Region der deletierten Gensequenz hybridisierenden DIG-Sonde (s. Abbildung 11, A, blaue Pfeile; Tabelle 5, Primer-Nr. 11, 12) nachgewiesen. Die Auswertung zeigte zwei Transformanten (s. Abbildung 11, C, 24² und 16²) mit einem Fragment der Größe von 3004 bp, was auf eine positive Integration der Resistenzkassette und der Deletion des Genlokus FGSG_12683 schließen lässt. Die detektierten Fragmente in Höhe von 3004 bp sowie 2100 bp der dritten Transformante weisen auf eine ektopische Integration der Hygromycin-Resistenzkassette hin. Mindestens zwei biologisch unabhängige Mutanten für Gen-Knockouts der Gene FGSG_02552, FGSG_04444 und FGSG_12683 wurden nachgewiesen.

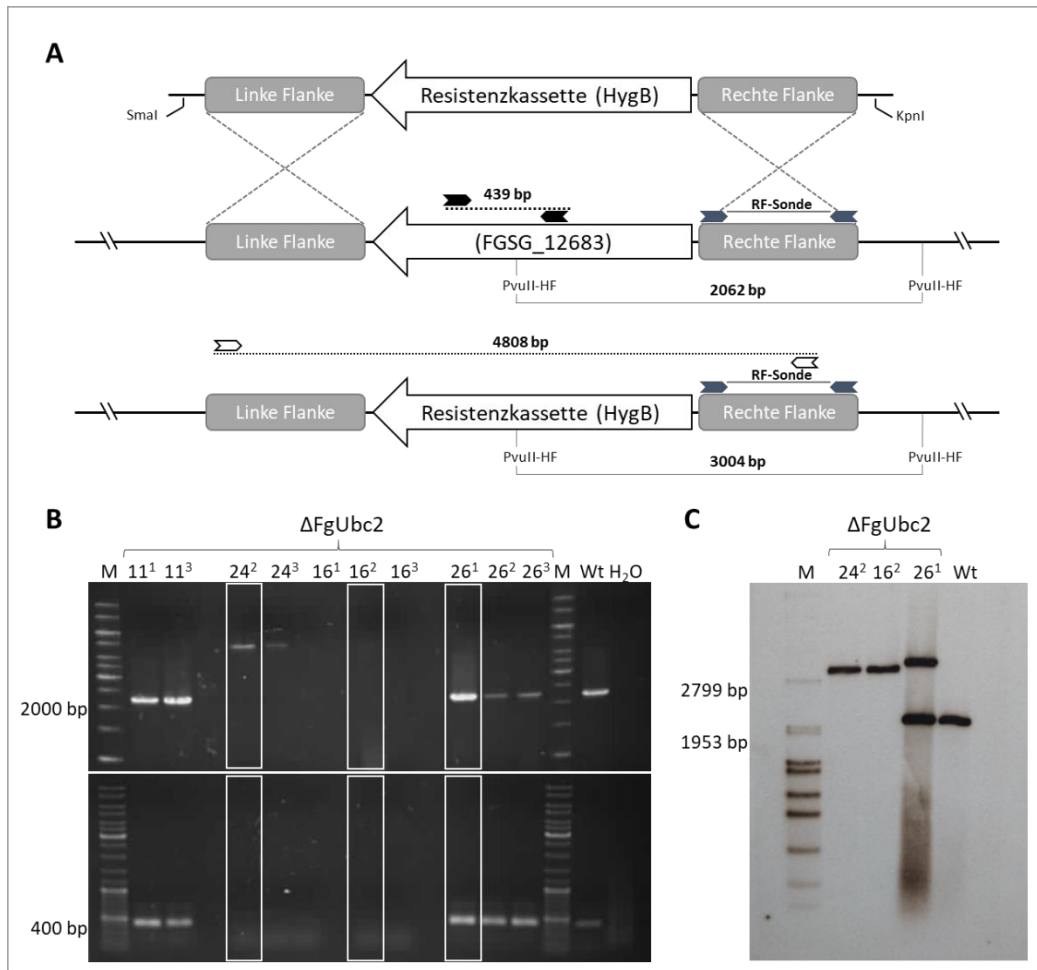


Abbildung 11: Generierung und molekularbiologischer Nachweis der Δ FgUbc2-Deletionsmutante.
A: Schematische Darstellung der über homologe Rekombination (A, gestrichelte Linie) vermittelten Deletion durch die Integration der Hygromycin-Resistenzkassette (HygB) in den Genlocus von FGSG_12683. Die Resistenzkassette diente der späteren Selektion der Primärtransformanten.

B: Nachweis der erfolgreichen homologen Rekombination mittels PCR und geninternen Primern (A, schwarze Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 25, 26) sowie genflankierenden Primern (A, weiße Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 27, 28). Das Fehlen des Wildtyp-Fragments (B; b, 439 bp) und die Größenunterschiede der erhaltenen PCR-Fragmente (B, a, Wt 8.1= 2448 bp, B, a, Δ FgUbc2 4808 bp) zeigten die Integration der Resistenzkassette in den nativen Genlocus bei den Primärtransformanten 24² sowie 24³ und 16². Molekulargewichtsstandard: GeneRuler DNA Ladder Mix (Thermo Fisher; SM0331).

C: Southern-Blot-Analyse der Transformanten 24², 16² und 26¹. Die Transformante 26¹ zeigte neben der Integration der Resistenzkassette auch das geninterne Fragment und wurde als Kontrolle für eine ektopische Integration mitgeführt. Die genomische DNA wurde mit PvuII-HF restringiert und anschließend mit der RF-Sonde (A, blaue Pfeile; Tabelle 6, Primer-Nr. 11, 12) hybridisiert. Für 24², 16² wurde das für eine erfolgreiche Deletion erwartete Fragment in Höhe von 3004 bp detektiert.

Molekulargewichtsstandard: Molecular Weight Marker VII, DIG labeled (Roche; 11209264001).

3.3 Allgemeine Charakterisierung der Mutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2

Für die phänotypische Charakterisierung wurden, wenn nicht anders beschrieben, jeweils zwei unabhängige Mutanten (M1, M2) des jeweiligen Gen-Knockouts (s. 0) verwendet. Die allgemeine Charakterisierung der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 folgte einem standardisierten Protokoll, welches die Aspekte Wachstum, sexuelle- und asexuelle Entwicklung sowie Virulenz behandelte. Im Rahmen dieser Untersuchungen wurden die Deletionsmutanten (s. 3.2) auf ihre Morphologie bei Standard- und unter Stressbedingungen (s. 3.3.1, 3.3.2; 3.3.3) überprüft, die Konidien (s. 3.3.4.2) sowie Perithezien charakterisiert (s. 3.3.4.1) und das Infektionsverhalten auf den Wirtspflanzen *Triticum aestivum* cv (Kultivar "Nandu") wie auch *Zea mays* (Zuchtlinie A188) betrachtet (s. 3.3.5; 2.2.7.6).

3.3.1 Pilzwachstum auf verschiedenen Fest- und Flüssigmedien

Für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens (s.2.1.7) sowie der Morphologie wurden der Wt 8.1 (s. 2.1.1) und die Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 (s. 3.2) auf Agarplatten mit Kompletmedium (s. 2.1.7) bei 28 °C drei Tage angezogen (s. 2.2.1.1).

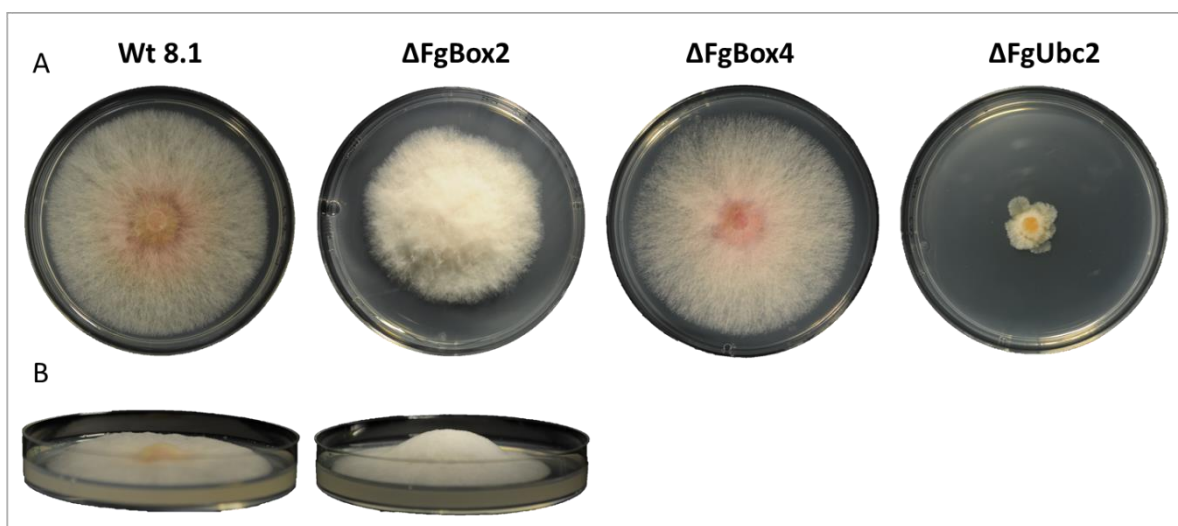


Abbildung 12: Wachstum des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) sowie der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 auf CM-Festmedium; 3 Tage bei 28 °C im Dunkeln inkubiert.

A: Vergleichende Frontalaufsicht der CM-Festmedium-Platten des Wt 8.1 und der Deletionsmutanten.
B: Vergleichende Seitenansicht der CM-Festmedium-Platten auf das Luftmyzel des Wt 8.1 und der Δ FgBox2-Mutante. Für den Wt 8.1 und die zwei unabhängigen Mutanten eines Gen-Knockouts wurden jeweils sechs biologische Replikate angefertigt. Insgesamt wurden drei unabhängige Wachstumsstudien durchgeführt.

Die Δ FgBox2-Mutanten wiesen im Vergleich zum Wildtyp 8.1 (Wt 8.1) ein leicht reduziertes Koloniewachstum und eine weiße Färbung auf. Zusätzlich zeigten die Δ FgBox2-Mutanten ein erhöhtes Wachstum von stark verzweigtem Luftmyzel (s. Abbildung 12 B). Im Vergleich zum Wt 8.1 wiesen die Δ FgUbc2-Mutanten einen stark reduzierten Koloniedurchmesser in Verbindung mit einem sehr kompakten Hyphengeflecht auf. Für die Δ FgBox4-Mutanten konnten keine Veränderungen im Wachstum sowie in der Morphologie im Vergleich zum Wt 8.1 nachgewiesen werden. Die phänotypische Untersuchung der Deletionsmutanten in CM-Flüssigmedium (s. 2.1.7) bestätigte die Ergebnisse der vorangegangenen Untersuchung auf CM-Festmedium (s. 2.1.7). Wie auch auf Festmedium zeigten die Δ FgBox2-Mutanten nach dreitägiger Kultivierung bei 28 °C keine Rotfärbung und ein generell stark verzweigtes und dichteres Myzel. Die Δ FgUbc2-Mutanten wuchsen stark verlangsamt, mit einer kompakteren Anordnung des Myzels und einer gesteigerte Rotfärbung. Keine Unterschiede im Wachstumsverhalten und in der Morphologie konnten bei der Kultivierung der Δ FgBox4-Mutanten festgestellt werden (s. Abbildung 13).

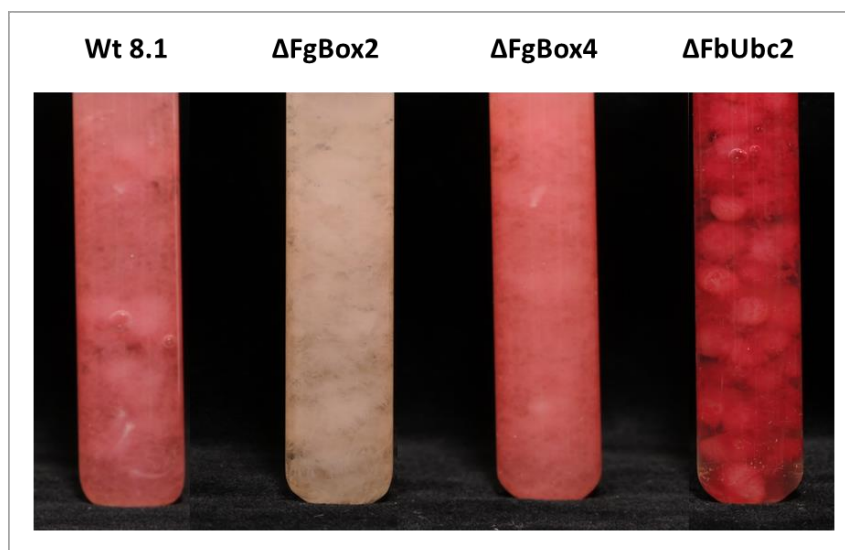


Abbildung 13: *In vitro* Wachstum des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) sowie der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 in CM-Flüssigmedium; Zur besseren Visualisierung in Reagenzgläser überführt; 3 Tage bei 28 °C im Dunkeln inkubiert. Für den Wt 8.1 und die zwei unabhängigen Mutanten eines Gen-Knockouts wurden jeweils sechs biologische Replikate angefertigt. Insgesamt wurden drei unabhängige Wachstumsstudien durchgeführt.

3.3.2 Bestimmung der Bildung von Superoxidanionen auf CM-Festmedium

In einem nächsten Versuch wurde die während des vegetativen Koloniewachstums gebildeten Reaktiven Sauerstoffspezies (engl. *Reactive Oxygen Species; ROS*) ermittelt. Für die Untersuchung der Bildung von reaktiven Sauerstoffspezies wurde der Redox-Farbstoff Nitroblautetrazoliumchlorid (s. 2.2.9.1) verwendet. Die Ergebnisse der Färbung für den Wildtyp 8.1 und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 ist beispielhaft an jeweils einer Nähragar-Platte in Abbildung 14 dargestellt. Im Vergleich zum Wildtyp 8.1 zeigten nur die Δ FgBox2-Mutanten eine deutlich sichtbare Farbreaktion innerhalb der vegetativen Wachstumszone auf (s. Abbildung 14).

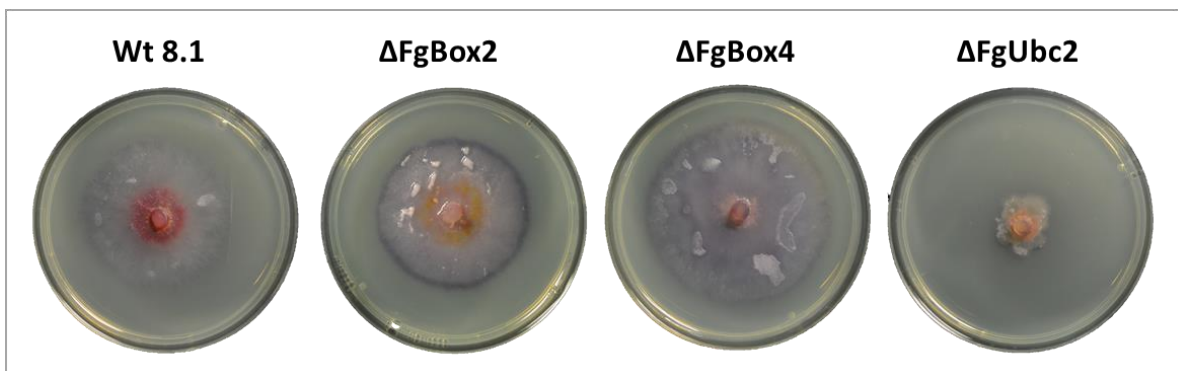


Abbildung 14: Nitroblautetrazoliumchlorid (NBT)-Färbung des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 kultiviert auf CM-Festmedium; 3 Tage bei 28 °C im Dunkeln inkubiert. Für das Experiment wurden für den Wildtyp 8.1 und die unabhängigen Mutanten jeweils vier biologische Replikate angefertigt.

3.3.3 Stresstoleranz gegenüber oxidativem und osmotischem Stress

Für die Ermittlung der Toleranz gegenüber Wasserstoffperoxid (oxidativer Stress) sowie Natriumchlorid (osmotischer Stress) wurden die Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 auf CM-Festmedium (s. 2.1.7) mit jeweils 5 mM und 15 mM Wasserstoffperoxid (H_2O_2) sowie 1,2 M Natriumchlorid (NaCl) angezogen. Als Kontrolle diente CM-Festmedium ohne zusätzliche Komponenten (s. 2.1.7). Die in Abbildung 15 dargestellten Ergebnisse zeigen den negativen Einfluss von abiotischen Stressfaktoren auf das Wachstum. Sowohl der Koloniedurchmesser des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) wie auch der Durchmesser der drei Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 verringerte sich in Abhängigkeit zur steigenden Wasserstoff- und Natriumchlorid-Konzentration.

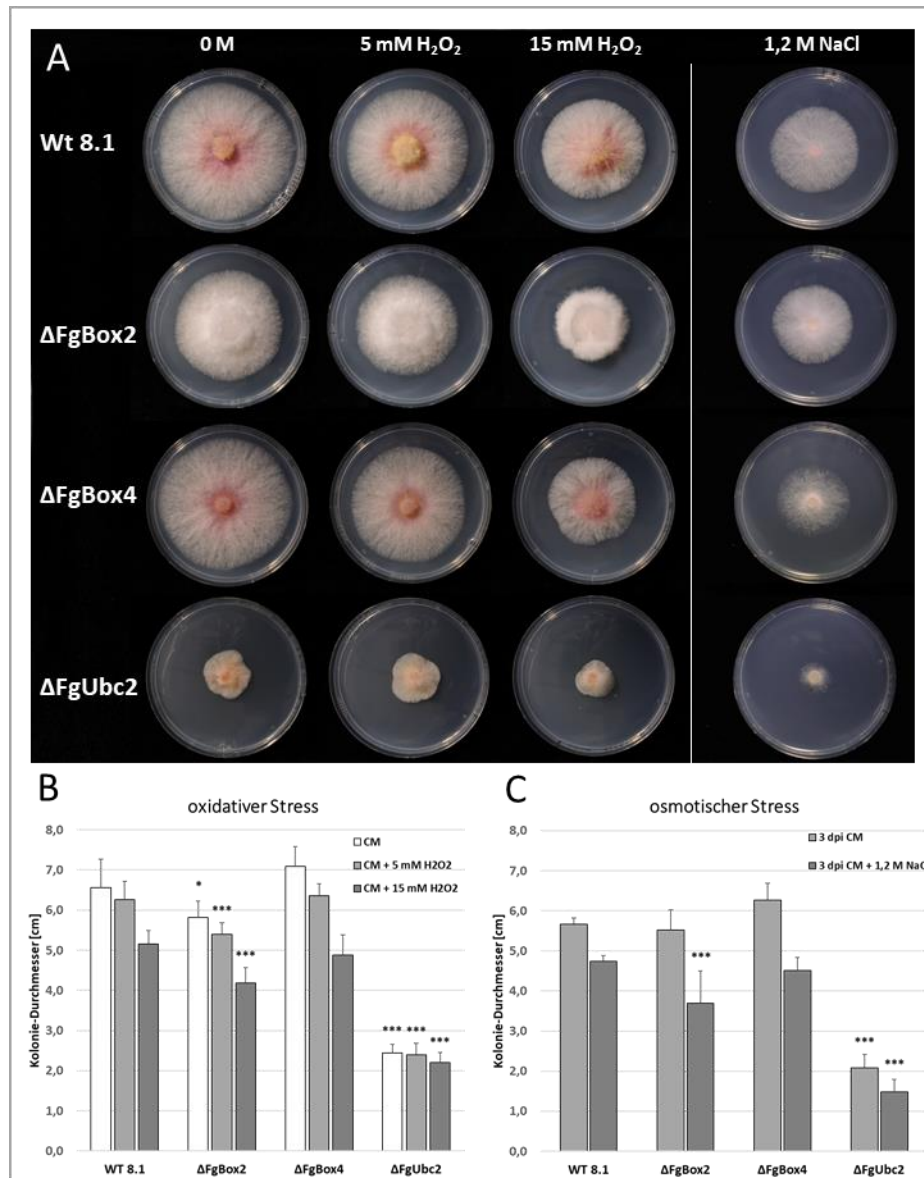


Abbildung 15: Untersuchung der Stresstoleranz des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutanten auf 5 mM H₂O₂, 15 mM H₂O₂ und 1,2 M NaCl; Inkubiert 3 Tage bei 28 °C im Dunkeln.

A: Phänotyp der Kolonien unter Standardbedingungen, oxidativem- und osmotischem Stress.

B: Mittlerer Koloniedurchmesser [cm] unter oxidativem Stress, vermittelt durch die Zugabe von 5 mM H₂O₂ und 15 mM H₂O₂.

C: Mittlerer Koloniedurchmesser [cm²] unter osmotischem Stress, vermittelt durch die Zugabe von 1,2 M NaCl. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktoriellen ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * p < 0,05, ** p < 0,01, *** p < 0,001) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Fehlerbalken: Standardabweichung. Für den Wt 8.1 und die zwei unabhängigen Mutanten eines Gen-Knockouts wurden jeweils drei biologische Replikate angefertigt. Insgesamt wurden zwei unabhängige Wachstumsstudien durchgeführt.

Deutlich zu erkennen ist jedoch, dass die Deletionsmutanten ΔFgBox2 sowie ΔFgBox4 sensibler auf oxidativen als auch osmotischen Stress reagieren und eine signifikante Reduktion des Koloniedurchmessers zeigten. Dieses Ergebnis wird durch die Auswertung und Vergleich der Messergebnisse aller Koloniedurchmesser bestätigt (s. Abbildung 15; B; C). So betrug der durchschnittliche Koloniedurchmesser auf Standard

CM-Komplettmedium für den Wildtyp nach drei Tagen Inkubation 66 mm. Die Kultivierung auf 5 mM H₂O₂ verringerte sich den Koloniedurchmesser um etwa durchschnittlich 4,7 % auf 63 mm sowie um 21,44 % auf 52 mm bei einer H₂O₂ Konzentration von 15 mM. Auf 1,2 M NaCl betrug die durchschnittliche Inhibierung des Wachstums im Vergleich zur Anzucht auf Standard Komplettmedium 16,47 % (s. Tabelle 10). Die Δ FgBox2-Mutanten wiesen eine durchschnittliche Wachstumsreduktion von bis zu 7,09 % bei 5 mM H₂O₂ sowie 28,02 % bei 15 mM H₂O₂ auf. Unter osmotischem Stress verringerte sich das Wachstum dramatisch um über 30 %. Die Δ FgBox4-Mutanten zeigten in Gegenwart von oxidativem Stress im Vergleich zu den Δ FgBox2-Mutanten einen nochmals verringerten Koloniedurchmesser von 10,33 % bei 5 mM H₂O₂ und 31,29 % bei 15 mM H₂O₂. Auch gegenüber osmotischem Stress konnte eine Reduktion der Koloniegröße von über 25 % für die Δ FgBox4-Mutanten ermittelt werden. Unter den Deletionsmutanten sowie gegenüber dem Wt 8.1 zeigten die Δ FgUbc2-Mutanten die geringste Inhibierung unter oxidativen Kultivierungsbedingungen. Die Inhibierung der Kolonien betrug im Durchschnitt nur 2,1 % bei 5 mM H₂O₂ und 9,6 % bei 15 mM H₂O₂. Die Δ FgUbc2-Mutanten zeigten auch ein deutlich verringertes Wachstum unter osmotischen Stress und wurden bis zu 25 % in ihrem Wachstum inhibiert (s. Tabelle 10).

Tabelle 10: Inhibierung des Koloniedurchmessers bei oxidativem sowie osmotischem Stress in %

Isolat	Inhibierung in % [5 mM H ₂ O ₂]	Inhibierung in % [15 mM H ₂ O ₂]	Inhibierung in % [1,2 M NaCl]
WT 8.1	4,69	21,44	16,47
Δ FgBox2	7,09	28,02	33,10
Δ FgBox4	10,33	31,29	27,94
Δ FgUbc2	2,04	9,63	28,65

3.3.3.1 Death After Transfer (DAT) innerhalb des Transfer-Vitalitätstests

Während der eigentlichen Versuche zur Ermittlung der Stresstoleranz (s. 3.3.3) wurde eine weitere phänotypische Veränderung der Δ FgBox2-Mutanten beobachtet. So zeigten die Δ FgBox2-Mutanten nach dem Kolonie-Transfer von einer Nähragarplatte zur nächsten eine Reduktion des Koloniedurchmessers. Die experimentelle Überprüfung der Reduktion des Koloniedurchmessers nach dem Transfer erfolgte mittels des Transfer-Vitalitätstest (s. Abbildung 16). Hierfür wurde das CM-Komplettmedium (s. 2.1.7) mit jeweils 200 Konidien inokuliert und für den Zeitraum von 3 Tagen bei 28 °C inkubiert.

Die so standardisierten Bedingungen bei der Anzucht gewährleisteten die gleichen Ausgangsbedingungen. Hierfür wurden jeweils 6 mm große Agarstücke aus der vegetativen Wachstumszone des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) sowie der Δ FgBox2-Mutanten isoliert und auf eine neue CM-Komplettmedium Nähragarplatte (s. 2.1.7) übertragen. Das so transferierte Myzel wurde anschließend für drei Tage bei 28 °C angezogen, dann der Koloniedurchmesser bestimmt und der Myzel-Transfer von dieser Platte wiederholt. Insgesamt wurde das Myzel der Wachstumszone dreimal transferiert (s. 2.2.8). Die Ergebnisse des Transfer-Vitalitätstest sind in Abbildung 16 dargestellt.

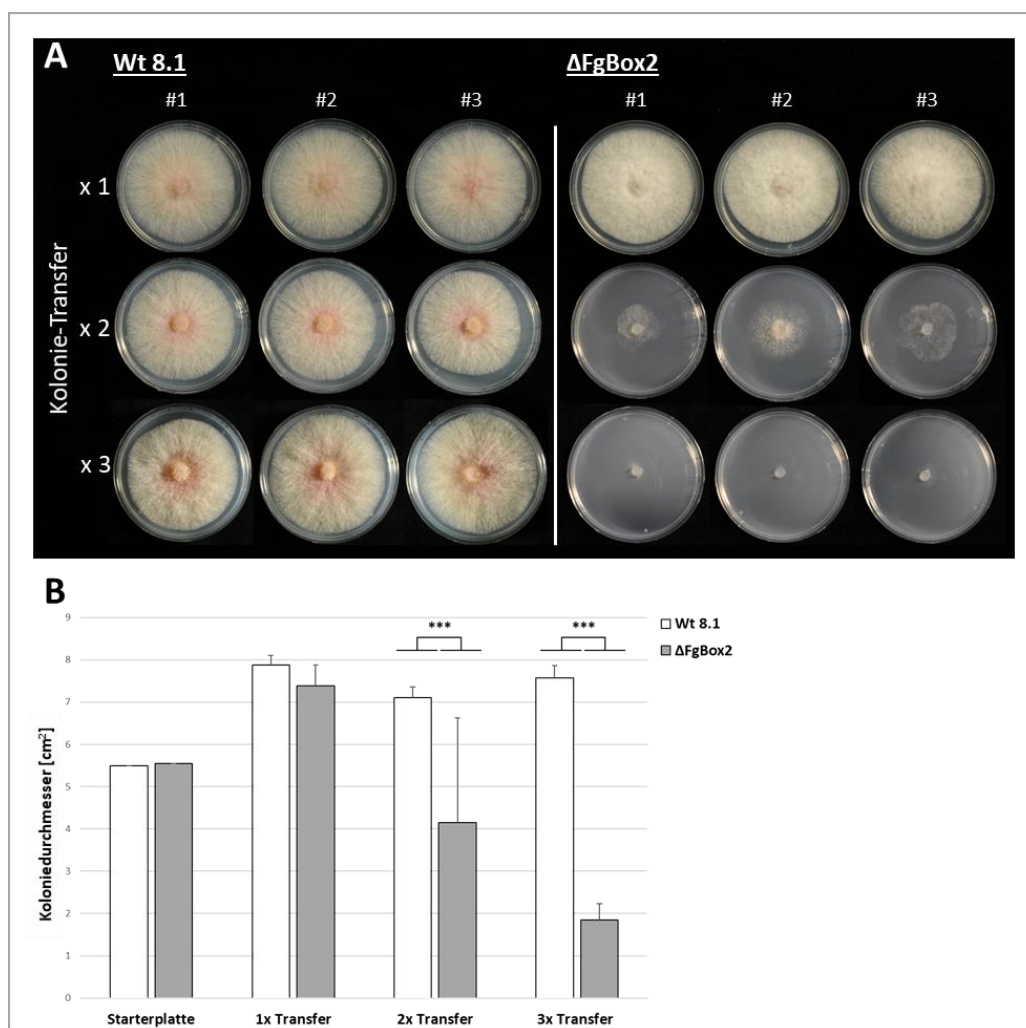


Abbildung 16: Transfer-Vitalitätstest des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox2-Mutante; Inkubiert 3 Tage bei 28 °C im Dunkeln.

A: Morphologie des Wt 8.1 und der Δ FgBox2-Mutante nach dem ersten (1x), zweiten (2x) sowie dritten (3x) Myzel-Transfer. Myzel der vegetativen Wachstumszone einer Generation diente als Starter-Myzel für die jeweils nächste Generation. Die Starterplatte für den ersten Transfer wurde mit Konidien angeimpft.

B: Auswertung der jeweiligen Koloniedurchmessers. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktoriellen ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Fehlerbalken: Standardabweichung. Für den Wt 8.1 und eine unabhängige Mutante des Gen-Knockouts wurden jeweils drei biologische Replikate angefertigt. Insgesamt wurden zwei unabhängige Wachstumsstudien durchgeführt.

Bereits nach dem ersten Transfer der Δ FgBox2-Mutanten kam es zu einer Wachstumsreduktion von 44 % der nächsten Generation. Der Vergleich der Koloniedurchmesser des Wildtyps 8.1 mit denen der Δ FgBox2-Mutanten zeigte eine durchschnittliche Reduktion von 3 cm. Der erneute Transfer von Myzel der bereits reduzierten Kolonie führte zu einem erneut reduzierten Koloniewachstum um 75 % wie auch zur kompletten Wuchsreduktion der Δ FgBox2-Mutanten.

3.3.4 Beeinträchtigung der sexuellen sowie asexuellen Fortpflanzung

Die Deletionsmutanten wurden auf ihre Fähigkeit zur Ausbildung von Perithezien und Konidien überprüft. Die Bildung der Perithezien wurde auf Weizennodien getestet (s. 2.2.7.3). Für die Überprüfung der Ausbildung von Makrokonidien wurden die Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 in Weizenmedium (s. 2.1.7) angezogen (s. 2.2.1.3). Neben der Fähigkeit zur Ausbildung der Sporen wurden sowohl die Morphologie wie auch die Fertilität und Auskeimungsrate untersucht (s. 2.2.7.2).

3.3.4.1 Perithezienbildung

Es wurden Perithezien auf Weizennodien angezogen (s. 2.2.7.3). Die Auswertung der Weizennodien erfolgte nach 42 Tagen Inkubationszeit. Innerhalb dieses Zeitraumes bildete der Wildtyp auf den Weizennodien zahlreiche Perithezien, welche sowohl einzeln als auch gehäuft auftraten (s. Abbildung 17, Wt 8.1). Bei den Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 bildeten nur die Δ FgBox2-Mutanten Perithezien, welche sich jedoch durch ihre verringerte Anzahl und der einer reduzierten Größe deutlich von denen des Wildtyps 8.1 unterschieden. Neben der bereits beschriebenen gesteigerten Bildung von Luftmyzel auf Standardmedium bei den Δ FgBox2-Mutanten (s. 3.3.1) zeigten auch die Δ FgUbc2-Mutanten eine gesteigerte Bildung von Luftmyzel auf Weizennodien. Die Δ FgBox4-Mutanten sekretierten eine auffallend erhöhte Menge eines harzähnlichen Stoffes, ohne dabei jedoch Perithezien auszubilden. Das Fehlen jeglicher Perithezien bei den Δ FgBox4- und Δ FgUbc2-Mutanten sowie die stark reduzierte Anzahl und Größe der Perithezien der Δ FgBox2-Mutanten zeigt die essentielle Bedeutung des Ubiquitin- Proteasom-Systems innerhalb der geschlechtlichen Entwicklung.



Abbildung 17: Perithezien-Formierung des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutanten $\Delta FgBox2$, $\Delta FgBox4$ und $\Delta FgUbc2$ auf Weizennodien; 42 Tage bei 20 °C und 16 Lichtstunden inkubiert.

A: Übersichtsaufnahme der Weizenhalme auf Wasseragar.

B: Stereomikroskopische Aufnahme der Perithezien. Die Bildung der Wildtyp-Perithezien trat einzeln wie auch gehäuft auf. Die kleineren Perithezien der $\Delta FgBox2$ -Mutante traten in geringerer Zahl vereinzelt auf. Für den Wt 8.1 und die zwei unabhängigen Mutanten eines Gen-Knockouts wurden jeweils 16 Weizenhalme verwendet. Insgesamt wurden zwei unabhängige Wachstumsstudien durchgeführt.

3.3.4.2 Charakterisierung der Konidien

Für die Untersuchung der Konidienbildung, -morphologie und -keimungsrate wurden Konidien der UPS-Deletionsmutanten $\Delta FgBox2$, $\Delta FgBox4$ und $\Delta FgUbc2$ und des Wildtyps (Wt 8.1) für drei Tage in Weizenmedium angezogen (s. 2.2.7.1). Die geernteten und gewaschenen Konidien wurden anschließend mikroskopisch charakterisiert (s. 2.2.10). Wie der Abbildung 18 zu entnehmen ist, gibt es im Vergleich zu den Konidien des Wildtyps deutliche Unterschiede der Konidienmorphologie bei den Deletionsmutanten. So zeigten die Konidien der $\Delta FgBox2$ -Mutanten eine generell größere Variabilität in der Länge wie auch in der Anzahl der Septen, welche zwischen null und sechs variierten. Keine Unterschiede in Form und Länge konnten bei den $\Delta FgBox4$ -Mutanten festgestellt werden. Die Konidien der $\Delta FgUbc2$ -Konidien wiesen eine erhebliche Reduktion des Längenwachstums auf, zeigten eine rundliche Form und wiesen zum Teil nur eine Septe auf.

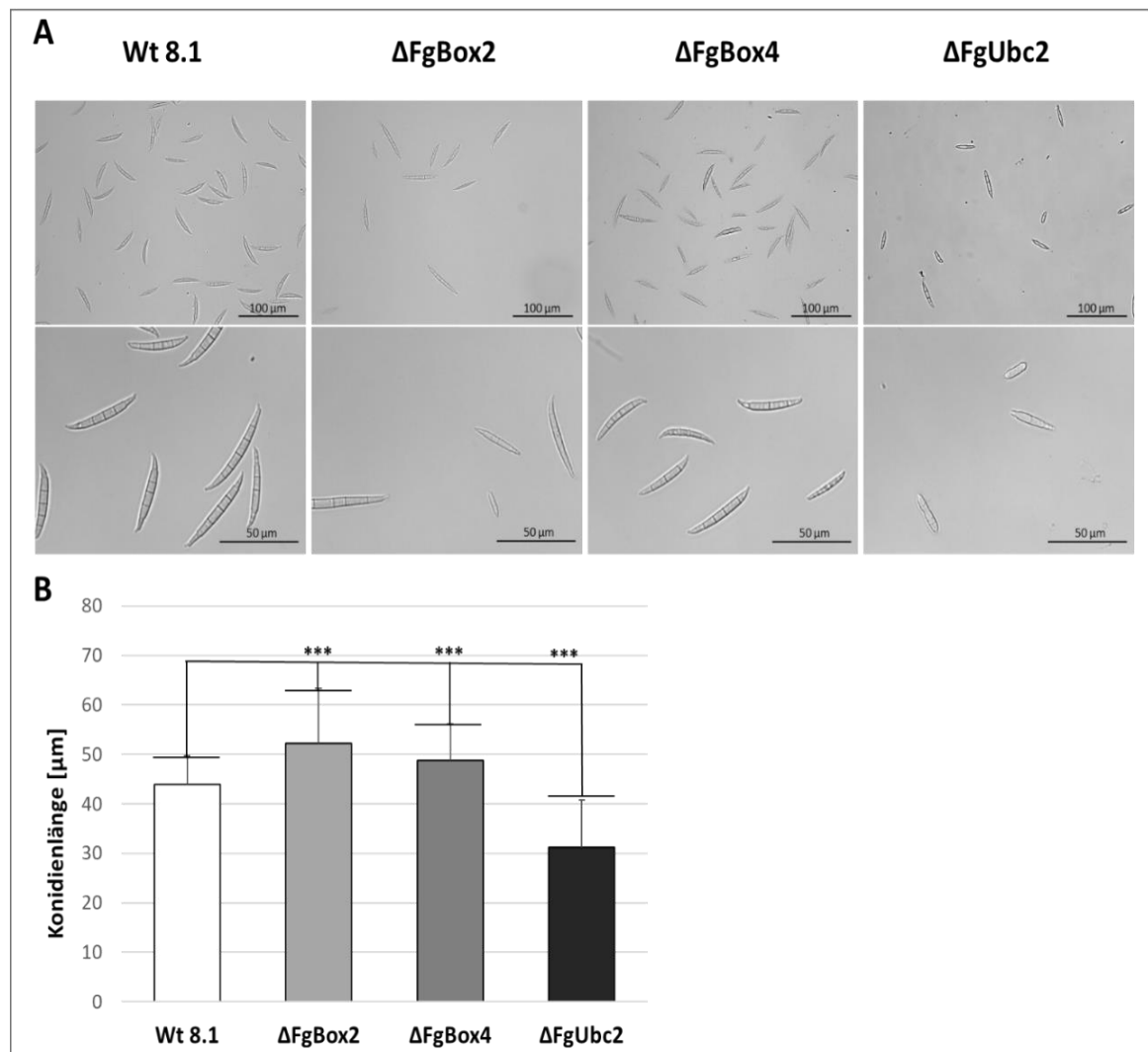


Abbildung 18: Morphologie und Länge von in Weizen-Medium kultivierten Konidien.

A: Mikroskopische Aufnahmen frisch geernteter Konidien des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2; 3 Tage bei 28 °C im Dunkeln inkubiert.

B: Mittelwerte der Konidienlänge [μm] des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutanten. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Fehlerbalken: Standardabweichung. Für die Berechnung der Konidienlänge wurden jeweils 100 Konidien vermessen. Die im Diagramm dargestellten Werte bilden die Mittelwerte der 100 Konidien.

Die morphologischen Eigenschaften deckten sich mit den Ergebnissen der statistischen Auswertung der durchschnittlichen Konidienlänge. So zeigte die Auswertung der Δ FgBox2-Mutanten, dass die Konidien im Vergleich zum Wildtyp im Durchschnitt über 10 μm länger waren. Die Standardabweichung von 11,12 bestätigte des Weiteren die mikroskopische Betrachtung von einer erhöhten Variabilität in der Länge der Konidien, welche beim Wildtyp nur bei 6,93 lag. Die Auswertung der Δ FgBox4 Konidien zeigte keine signifikanten Unterschiede im durchschnittlichen Längenwachstum auf. Die deutlichste Reduktion im Längenwachstum der Konidien zeigten die Δ FgUbc2-Mutanten, welche durchschnittlich um 10 μm verringert war (s. Abbildung 18, B).

Neben der Konidienmorphologie wurde in einem weiteren Experiment auch die Anzahl der gebildeten Konidien (s. 2.2.7.2) sowie deren Keimungsrate (s. 2.2.7.2) untersucht. Die Ergebnisse der Auswertung zur Konidienbildung des Wildtyps 8.1 und der einzelnen Deletionsmutanten ist in Abbildung 19 zusammengefasst.

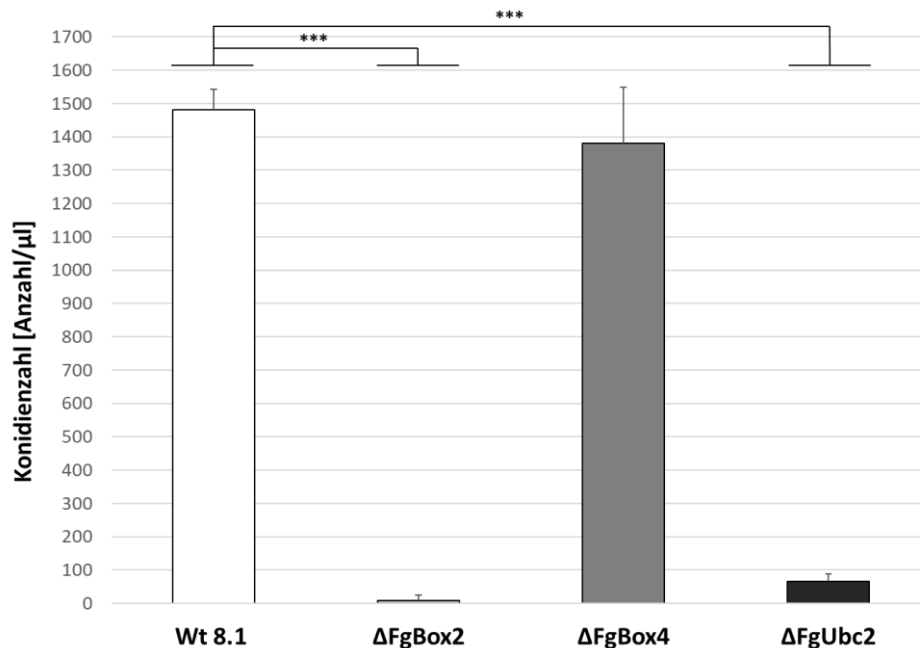


Abbildung 19: Konidienzahl des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 sowie Δ FgUbc2, kultiviert in Weizen-Medium; 3 Tage bei 28 °C im Dunkeln inkubiert. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorielle ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Fehlerbalken: Standardabweichung. Die Berechnung erfolgte anhand vier biologischer Replikate.

Die Konidienproduktion der Δ FgBox2- und Δ FgUbc2-Mutanten ist reduziert. Die deutlichsten Unterschiede im Vergleich zur Konidien-Bildung des Wildtyps 8.1 wiesen die Δ FgBox2-Mutanten mit einer Reduktion der Konidienzahl von über 99 % auf. Die Reduktion der Konidienzahl der Mutante Δ FgUbc2 beträgt im Vergleich zum Wildtyp 8.1 noch über 95 %. Keine signifikanten Unterschiede in der Konidien-Bildung konnten bei den Δ FgBox4-Mutanten ermittelt werden. Zusätzlich wurde die Keimfähigkeit der Konidien betrachtet (s. 2.2.7.2). Die Keimungsraten der Δ FgBox2-, Δ FgBox4- und Δ FgUbc2-Mutanten waren hierbei jeweils mit der des Wildtyps 8.1 vergleichbar. Der Wildtyp zeigte eine Keimungsrate von 94 %. Die Keimungsrate der einzelnen Mutanten lag bei 97 % für die Δ FgBox2-Mutanten, bei 96 % für die Δ FgBox4 Mutanten und bei 92 % für die Δ FgUbc2-Mutanten. Im Vergleich zu den Konidien des Wildtyps 8.1 trat bei den Konidien der Δ FgBox4-Mutanten spontan das Phänomen der Zellwand Instabilität auf (s. Abbildung

20). Hierbei wurde nach ca. 30 min ein Anschwellen der einzelnen Septen der Konidien beobachtet. Anschließend wurde das Auftreten kleiner schwarzer Ausbuchtungen (s. Abbildung 20, schwarze Pfeile) außerhalb der Septen-Zellwände beobachtet, welche im Verlauf größer wurden. Zwischen den einzelnen Septen sowie apikalen Spitzen der Konidien trat schrittweise, wie auch abrupt, Zytoplasma in das umgebende CM-Medium aus (s. Abbildung 20, weiße Pfeile). Dem Phänomen der gestörten Zellwandstabilität der Konidien der $\Delta FgBox4$ -Mutanten wurde in weiteren Experimenten (s. 3.6.2) nachgegangen.

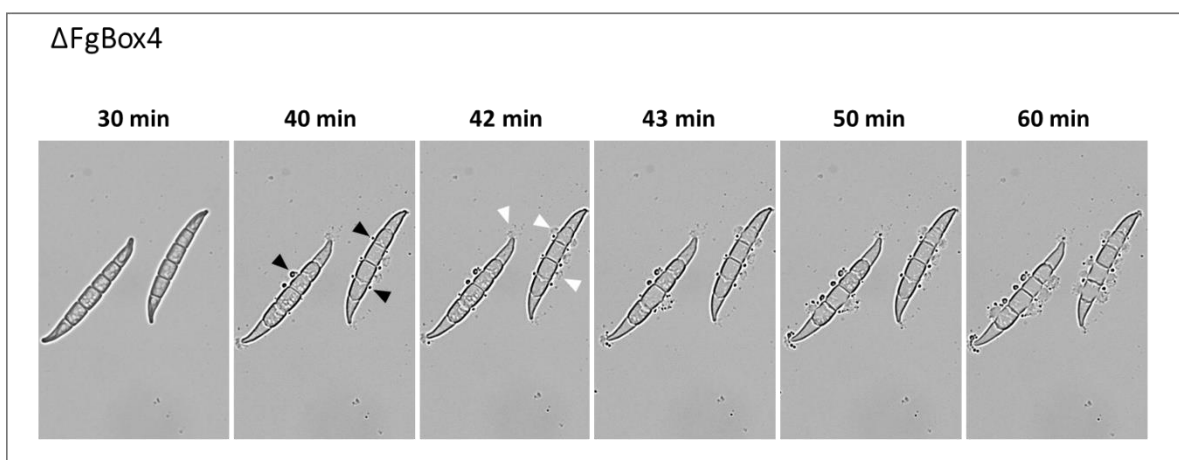


Abbildung 20: Mikroskopische Betrachtung der Zellwand-Instabilität der $\Delta FgBox4$ -Mutanten. Zeitreihe 30-60 min in CM-Flüssigmedium. Die schwarzen Pfeile deuten auf die beginnende Zellwand-Lyse hin, welche im weiteren Verlauf zum Austritt von Cytoplasma in das umgebene Medium führte.

Für die Analyse der Keimung wurden die zu untersuchenden Konidien über einen Zeitraum von 14 h alle 30 min dokumentiert (s. 2.2.10). Der Zeitpunkt 0 h (s. Abbildung 21, 0 h) zeigt die Konidien direkt nach der Überführung in das CM-Komplettmedium (s. 2.1.7). Wie bereits beschrieben (s. 2.2.7.2), zeigten sowohl die Konidien der $\Delta FgBox2$ -Mutanten als auch der $\Delta FgUbc2$ -Mutanten einen im Vergleich zum Wildtyp veränderten Phänotypen (s. Abbildung 18). Nach zwei Stunden konnte das apikale Wachstum der $\Delta FgBox2$ -Konidien beobachtet werden. Die Konidien des Wildtyps sowie der $\Delta FgBox4$ Mutanten keimten im Zeitraum zwischen 2 ½-3 Std aus und zeigten nach 4 Std bereits gut erkennbare Keimhyphen. Zu diesem Zeitpunkt konnte bei der $\Delta FgUbc2$ -Konidie noch keine Auskeimung festgestellt werden. Eine Auskeimung der $\Delta FgUbc2$ -Konidien wurde erst 8 Std nach Beginn der Inkubation verzeichnet. Eine Reduktion der Wachstumsgeschwindigkeit der Keimungshyphen zeigte sich sowohl bei den $\Delta FgBox2$ - als auch den $\Delta FgUbc2$ Mutanten.

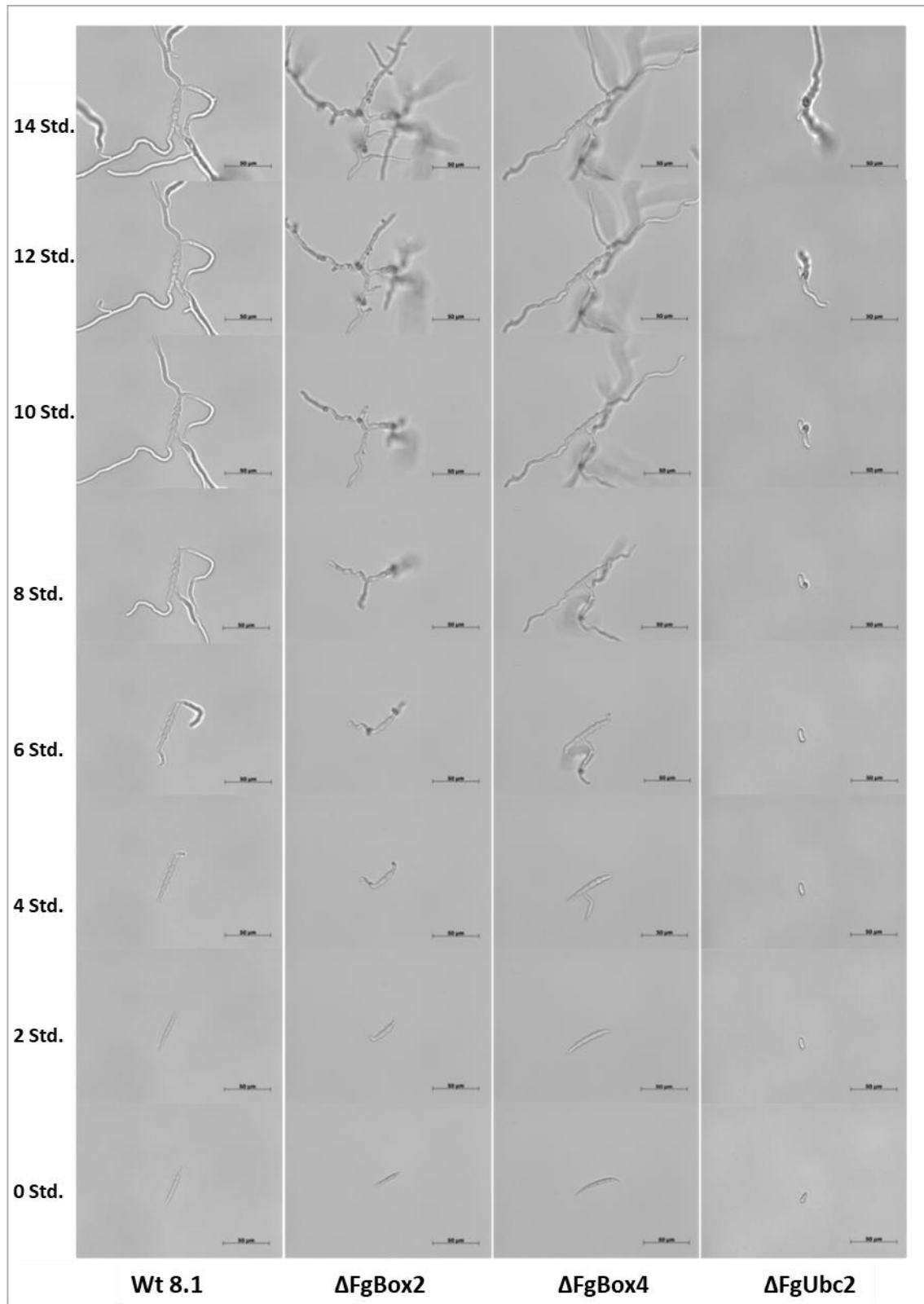


Abbildung 21: Konidienkeimung und primäres Hyphenwachstum des Wildtyps (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 innerhalb der ersten 14 Stunden. Die Untersuchung der Auskeimung der Konidien erfolgte in Flüssig-Komplettmedium und luftdicht abgeschlossenen Gene Frames mittels des Axio Imager Z1 (Carl Zeiss Microscopy GmbH, D-07745 Jena, Deutschland). Für die Erstellung der Zeitreihe wurden die Konidien alle 30 min dokumentiert. Dargetsellt ist jeweils eine Konidie von einer biologisch unabhängigen Mutante. Maßstab 50 µm.

Die Keimhyphen der Δ FgBox2-Konidien zeigten nach 14 Std eine deutlich erhöhte Anzahl an Verzweigungen, deren Ausrichtung sowohl horizontal wie auch vertikal erfolgte. Im Vergleich zum Wildtyp bildeten die Primärhyphen der Δ FgUbc2-Mutanten deutlich weniger Verzweigungen aus. Die Δ FgBox4-Mutanten zeigten wie schon beim Auskeimungszeitpunkt und der Wachstumsgeschwindigkeit auch in der Anordnung sowie Verzweigung der Hyphen keine Unterschiede zum Wildtyp.

Die stereomikroskopische Betrachtung (s. Abbildung 22) nach 24 Std auf CM-Festmedium (s. 2.1.7) deckte sich mit den Ergebnissen der Analyse in CM-Flüssigmedium (s. 2.1.7). Deutlich zu erkennen ist das stark verzweigte Hyphenwachstum der Δ FgBox2-Mutanten wie auch das unverzweigte Wachstum der Primärhyphen der Δ FgUbc2-Mutanten.

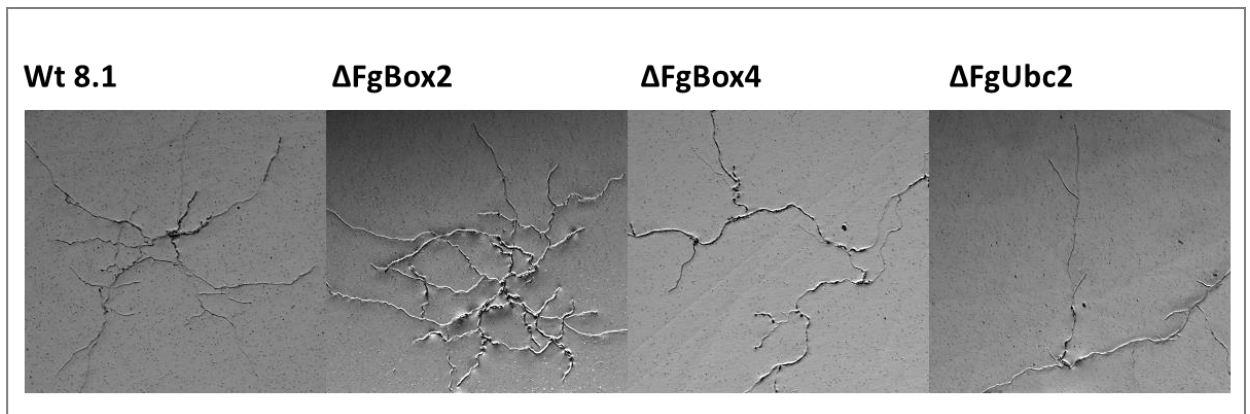


Abbildung 22: Stereomikroskopische Betrachtung der Auskeimung des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2; Inkubation 24 Std auf CM-Festmedium im Dunkeln.

3.3.5 Analyse der Virulenz auf Weizen und Charakterisierung der Infektionsstrukturen

Die Infektion der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 wurde auf Weizenähren des Kultivars „Nandu“ analysiert. Die Untersuchung der Infektionsstrukturen erfolgte auf Hüll- (engl. *Glumae*) und Deckspelzen (engl. *Paleae*). Die Auswertung der durch Punktinokulation infizierten Ähren (s. 2.2.7.4) erfolgte nach 21 Tagen und ist im Einzelnen in Abbildung 23 dargestellt. Die statistische Evaluation des Schadbildes erfolgte Anhand des Disease-Scores, welcher die Anzahl symptomatischer Blüten einer Ähre ins Verhältnis zur Gesamtanzahl an Blüten setzt. Untergliedert wurde hierbei der Anteil an voll, teilweise und nicht-infizierten Ährchen. Der vollinfektiöse Wildtyp wurde als Positivkontrolle mitgeführt

und verursachte das typische Schadbild einer Ährenbleiche (engl. *Fusarium head blight*; FHB). Die infizierten Ähren verkümmerten und wiesen das charakteristische Ausbleichen der einzelnen Ährchen auf. Diese Symptomatik wies nach der Wildtypinfektion durchschnittlich über 87 % aller Ährchen einer Weizenähre auf.



Abbildung 23: Schadbild des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 auf Weizenähren des Kultivars Nandu; 21 Tage bei 18-20 °C und 16 Lichtstunden inkubiert. Die Infektion der Wirtspflanze erfolgte über Punktinokulation von 200 Konidien zwischen Palea und Lemma. Als Negativkontrolle wurde mit H₂O inokuliert. Für den Wt 8.1 wurden jeweils 37 Ähren und für den Gen-Knockout FgBox2 29 Ähren, für den Gen-Knockout FgBox4 24 Ähren sowie 12 Ähren für Gen-Knockout FgUbc2 verwendet.

Das Schadbild der Deletionsmutanten variierte hingegen sehr stark. Neben Unterschieden innerhalb eines Versuchsansatzes zeigten die Deletionsmutanten auch untereinander deutliche Unterschiede in ihrem Infektionsverhalten. So ließ die Infektion der Δ FgBox2-Mutanten im Vergleich zum Wildtypen 8.1 kein einheitliches Schadbild erkennen. Neben vollinfizierten Ähren (s. Abbildung 23; Δ FgBox2, #3) fanden sich auch partiell (s. Abbildung 23; Δ FgBox2, #2) wie auch gering oder nicht (s. Abbildung 23; Δ FgBox2, #1) infizierte Weizenähren. Die statistische Auswertung bestätigte das visuelle Ergebnis. Der Disease-Score der mit den Δ FgBox2-Mutanten infizierten Weizenähren lag mit 52 % voll infizierter Weizenährchen deutlich unter dem des Wildtyp 8.1. Die Δ FgBox4-Mutanten zeigten hingegen ein einheitliches Schadbild und waren in der Lage, die komplette Weizenähre zu infizieren. Der Disease-Score der Δ FgBox4-Mutanten war mit einem Wert von 80 % voll infizierter Weizenährchen vergleichbar mit dem des Wildtyps 8.1. Die Δ FgUbc2-Mutanten wiesen die größten Unterschiede im Vergleich zum Wildtyp 8.1 auf. Die infizierten Ähren zeigten keinerlei Symptome einer Ährenbleiche und sichtbares nekrotisches Gewebe

konnte nur vereinzelt an den inokulierten Ährchen nachgewiesen werden (s. Abbildung 23; $\Delta FgUbc2$, #1-#3). Der Disease-Score von 98 % nicht infizierter Weizenährchen bestätigte dieses Ergebnis.

Auf Grundlage des stark variierenden Schadbildes der $\Delta FgBox2$ -Mutanten während der Punktinokulation wurde das Infektionsverhalten der $\Delta FgBox2$ -Mutanten sowie des Wildtyps nach Sprühinfektion ermittelt. Die Ergebnisse der Schadbilder des Wildtyps 8.1 und der $\Delta FgBox2$ -Mutanten deckten sich hierbei mit denen aus der Punktinokulation erhaltenen Ergebnissen (s. Abbildung 24; $\Delta FgBox2$, #1-#4).



Abbildung 24: Virulenz des Wildtyps 8.1 und der UPS-Deletionsmutanten $\Delta FgBox2$ auf dem Weizenähren Kultivar Nandu und Analyse des Schadbildes nach Sprüh-Inokulation; 21 Tage bei 18-20 °C und 16 Lichtsunden inkubiert. Als Negativ-Kontrolle wurde mit H_2O inokuliert. Für den Wt 8.1 wurden jeweils 14 und für die zwei unabhängigen Mutanten eines Gen-Knockouts elf Ähren inokuliert.

Während der Wildtyp vollinfektiös ist, variierte das Schadbild der $\Delta FgBox2$ -Mutanten wie schon bei der Punktinokulation stark. Die Auswertung des Disease-Score bestätigte das Ergebnis und zeigte für den Wildtypen 92,3 % vollinfizierte Ährchen, während die $\Delta FgBox2$ -Mutanten nur 44,9 % vollinfizierte Ährchen aufwies. Der Vergleich symptomfreier Ährchen zeigte einen Unterschied von über 30 % von symptomfreien Ährchen bei der $\Delta FgBox2$ -Mutanten im Vergleich zu 1 % symptomfreier Ährchen bei dem mit Wildtyp 8.1 inokulierten Ährchen. mittels des Fluoreszenzfarbstoffes Alexa Fluor 488 angefärbt. Die Auswertung der Hüll- und Deckspelzeninokulation erfolgte nach jeweils 7 und 9 Tagen stereomikroskopisch als auch fluoreszenzmikroskopisch (s. 2.2.10.1). Die Analyse des Schadbildes der mit dem

Wildtyp 8.1 und Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 infizierten Hüll- und Deckspelzen korrelierte mit den aus der Weizeninfektion gewonnenen Ergebnissen (s. Abbildung 25). So wiesen die Δ FgBox2-Mutanten auch auf Hüll- sowie Deckspelzen ein reduziertes Schadbild in Verbindung mit einer Verringerung an nekrotischem Gewebe auf.

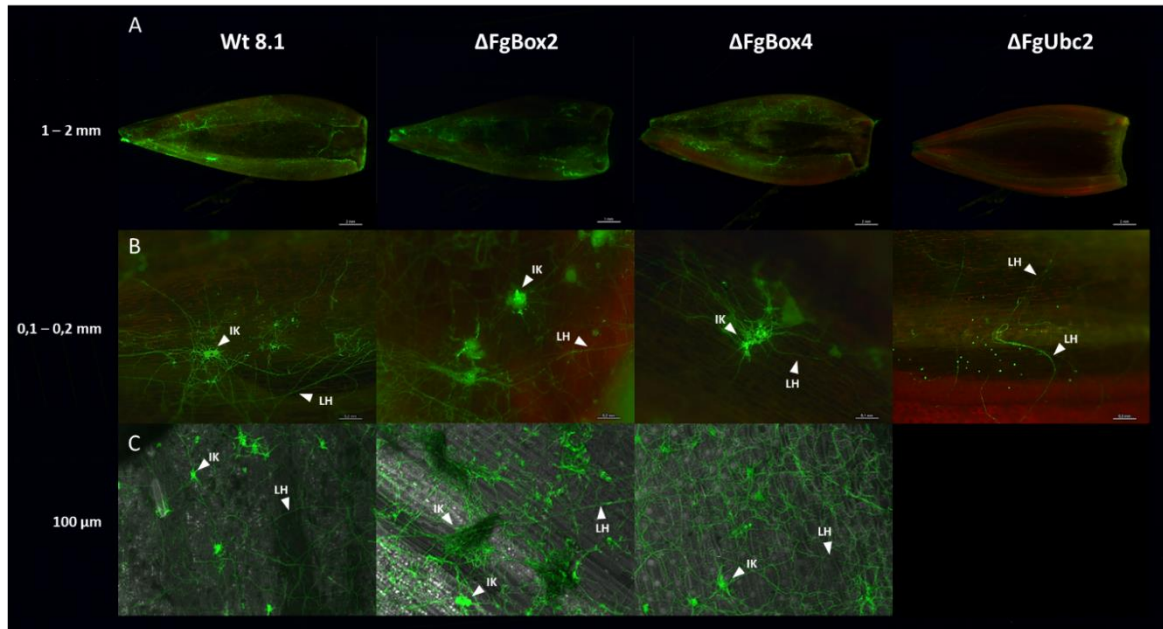


Abbildung 25: Stereomikroskopische (A,B) und fluoreszenzmikroskopische (C) Betrachtung der mit WGA Alexa Fluor 488 gefärbten Infektionsstrukturen des Wildtyps 8.1 sowie der UPS-Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2. A-B: Stereomikroskopische Übersichtsaufnahmen über die Kultivierung der Deckspelzen (A) sowie Detailaufnahmen der Infektionskissen (IK) sowie Läuferhyphen (RH) auf der Deckspelzenoberfläche. Die Infektionsstrukturen zeigen hierbei ein grünes Fluoreszenzsignal, wohingegen Pflanzengewebe eine rötliche Autofluoreszenz aufweist. C: Fluoreszenzmikroskopische Aufnahmen der Infektionsstrukturen auf Hüllspelzen. Die Infektionsstrukturen wiesen ein grünes Fluoreszenzsignal auf. Maßstabs: A = 1-2 mm, B = 0,1-0,2 mm, C = 100 μ m

Die mit den Δ FgUbc2-Mutanten inokulierten Hüll- sowie Deckspelzen zeigten keine Symptome einer *Fusarium*-Infektion. Für die Δ FgBox4-Mutanten konnten im Vergleich zum Wildtyp 8.1 keine Unterschiede im Infektionsverhalten beobachtet werden. Die stereomikroskopische Analyse der Deckspelzen (s. Abbildung 25; A) zeigte für den Wildtyp 8.1 wie auch die Δ FgBox2- und Δ FgBox4-Mutante die Fähigkeit zur Kolonisierung der gesamten Deckspelzen. Auf Deckspelzen, welche mit Konidien der Δ FgUbc2-Mutanten inokuliert wurden, konnte kein vergleichbares Fluoreszenzsignal detektiert werden, was auf ein stark reduziertes Pilzwachstum schließen lässt. Wie dem Übersichtsaufnahmen (s. Abbildung 25; B) der Deckspelzen zu entnehmen ist, bildeten bis auf die Δ FgUbc2-Mutanten alle Deletionsmutanten und der Wildtyp Infektionskissen aus. Hierbei konnten jedoch morphologische Unterschiede der Infektionskissen der Δ FgBox2-Mutanten

festgestellt werden. Im Vergleich zum Wildtyp und den $\Delta FgBox4$ -Mutanten sind die gebildeten Infektionskissen in ihrem Durchmesser wie auch ihrer Höhe deutlich vergrößert. Dieser Phänotyp der vergrößerten Infektionskissen wurde auch während der Fluoreszenzmikroskopie auf Hüllspelzen nachgewiesen (s. Abbildung 25; C).

3.3.6 Analyse der Virulenz auf Mais

Neben Weizen ist Mais eine weitere Wirtspflanze von *F. graminearum* und war daher auch Bestandteil der Infektionsstudien. Die Infektionsstudie wurde auf Maiskolben der Zuchtlinie A188 analysiert. Die Inokulation erfolgte mit den Deletionsmutanten, dem Wildtypen sowie Wasser als Negativkontrolle. Die Auswertung der durch Inokulation in den Mais-Griffel infizierten Kolben (s.2.2.7.6) erfolgte nach 35 Tagen und ist exemplarisch in Abbildung 26 dargestellt.

Der Vergleich der einzelnen Schadbilder der Deletionsmutanten $\Delta FgBox2$, $\Delta FgBox4$ und $\Delta FgUbc2$ (s. Abbildung 27) mit denen des Wildtyps zeigte für alle Mutanten einen

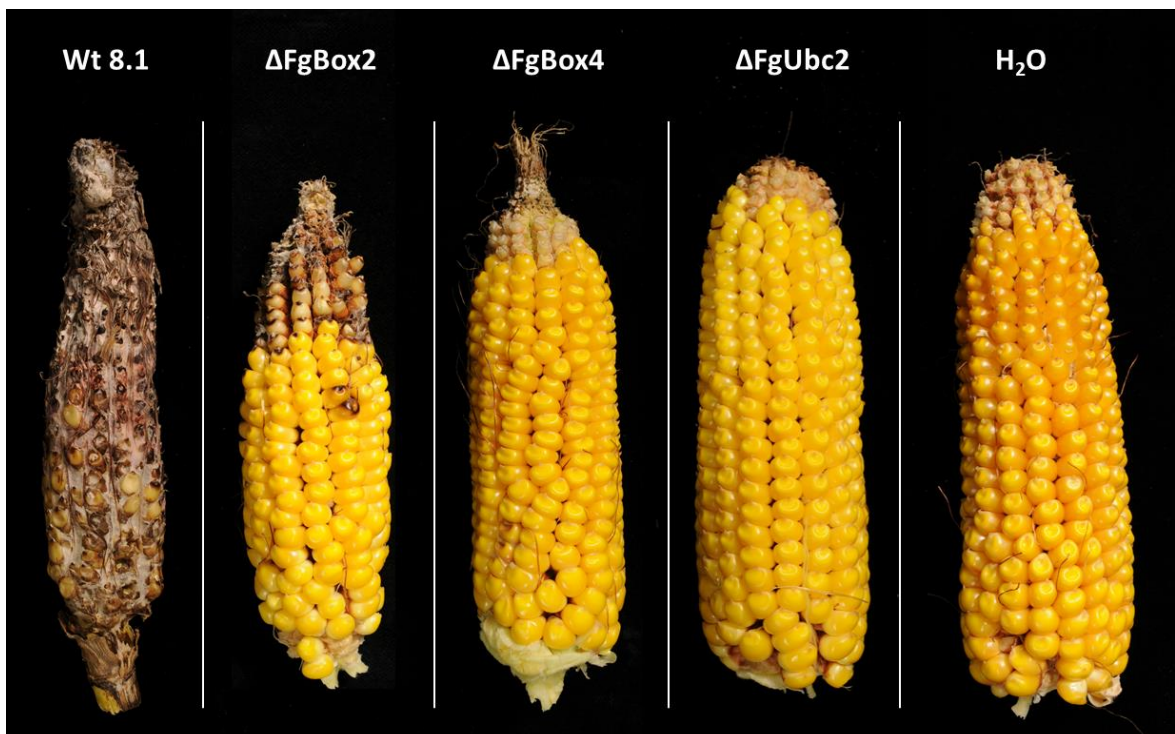


Abbildung 26: Schadbild des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Deletionsmutanten $\Delta FgBox2$, $\Delta FgBox4$ und $\Delta FgUbc2$ auf Maiskolben der Zuchtlinie A188. 35 Tage bei 18-30°C und 17 Lichtstunden inkubiert. Die Infektion der Wirtspflanze erfolgte über die Injektion von 200,000 Konidien in die Griffel der Kolben. Als Negativkontrolle wurde mit H₂O inokuliert. Für den Wt 8.1 wurden jeweils 19 Kolben und für den Gen-Knockout FgBox2 neun Kolben, für den Gen-Knockout FgBox4 sieben Kolben sowie vier Kolben für Gen-Knockout FgUbc2 verwendet.

deutlichen Unterschied. Die statistische Evaluation des Schadbildes erfolgte nach der 7-Klassen-Bewertungsskala von Reid et al. (1996), welcher die Infektionsrate eines Kolbens in folgende Krankheitsschweregrade von 1-7 eingliedert:

- 1 = keine Symptome,
- 2 = 1-3% infizierte Körner pro Kolben,
- 3 = 4-10% infizierte Körner pro Kolben,
- 4 = 11-25% infizierte Körner pro Kolben,
- 5 = 26-50% infizierte Körner pro Kolben,
- 6 = 51-75% infizierte Körner pro Kolben,
- 7 = > 75% infizierte Körner pro Kolben.

Der Wildtyp (Wt 8.1) zeigte das typische Schadbild einer Kolbenfäule (engl. *cob rot*). Die infizierten Kolben verkümmerten und wiesen das charakteristische wässrige und nekrotische Gewebe über die gesamte Kolben-Oberfläche auf. Diese Symptomatik der hohen Infektionsrate, der Kategorie 7, zeigten durchschnittlich 74 % aller Kolben (s. Abbildung 27; Wt 8.1). Das Schadbild der Δ FgBox2-Mutanten variierte, wie schon bei der Weizeninfektion, von nicht infizierten über teilweise infizierten bis hin zu voll infizierten Kolben. Wobei die symptomfreien Kolben mit einem prozentualen Anteil von 44 % die größte Gruppe bildete (s. Abbildung 27; Δ FgBox2). Die mit den Δ FgBox4-Mutanten infizierten Kolben zeigten neben vereinzelt oberflächlichen Nekrosen keinerlei Symptome einer Infektion. Kein nekrotisches Gewebe wie auch keine weitere Symptome einer *Fusarium*-Infektion zeigten die mit den Δ FgUbc2-Mutanten inokulierten Kolben. Der Krankheitsschweregrad bestätigte dies. Alle der mit den Δ FgBox4- und Δ FgUbc2-Mutanten infizierten Kolben gliederten sich in die Kategorien 1 oder 2 ein (s. Abbildung 27; Δ FgBox4; Δ FgUbc2).

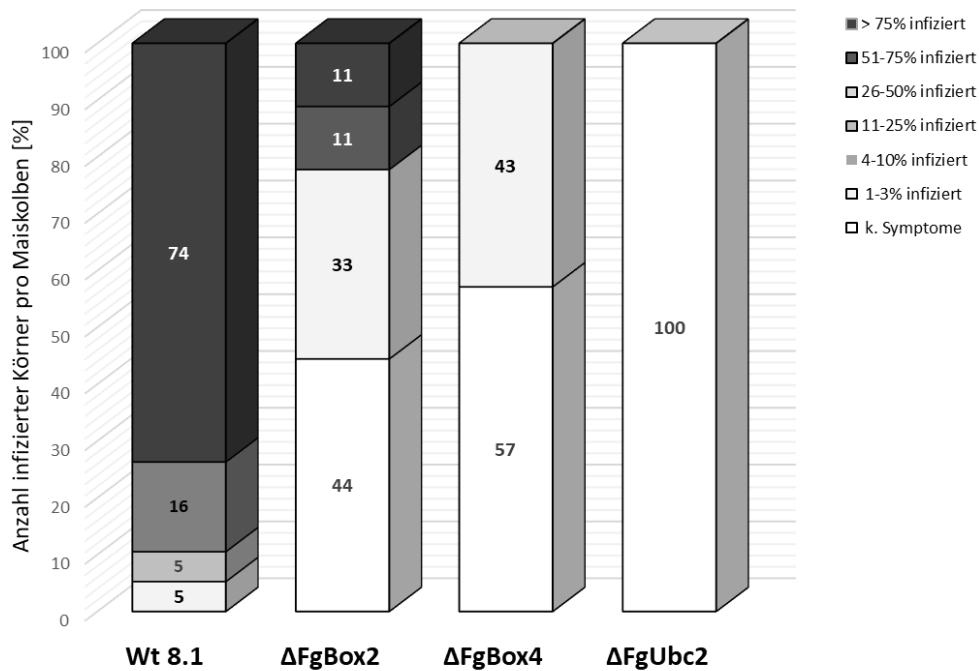


Abbildung 27: Evaluation der Schadbilder der mit dem Wildtyp 8.1 (Wt8.1) sowie den UPS-Deltionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 infizierten Maiskolben. Die Einteilung erfolgte anhand des Infektionsgrades des jeweiligen Kolbens und reichte von gar nicht bis schwach infiziert (0-10 %) über teilweise infiziert (10-80 %) bis zu fast oder komplett infiziert (80-100%). Für den Wt 8.1 wurden jeweils 19 Kolben und für die zwei unabhängigen Mutanten des Gen-Knockouts FgBox2 neun Kolben, für den Gen-Knockout FgBox4 sieben Kolben sowie vier Kolben für den Gen-Knockout FgUbc2 verwendet.

3.4 Proteomanalyse

Der allgemeinen phänotypischen Analyse (s. 3.3) folgte die quantitative Analyse der Proteine, welche innerhalb der frühen Wachstumsphase (3 dpi) im Pilzmyzel (s. 2.2.1.2) gebildet werden. Die Proteomanalyse mittels LC-MS/MS-Analyse (s. 2.3.4.3) diente der Bestimmung der Proteinexpression sowie der vergleichenden Analyse der Proteinprofile des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2. Für die Analyse wurde der Wt 8.1 und die Mutanten in Flüssigmedium (s. 2.2.1.2) angezogen, die Proteine aufgeschlossen (s. 2.3.3) und anschließend massenspektrometrisch bestimmt (s.2.3.4.3). Die Ergebnisse der Auswertung der erhaltenen Rohdaten erfolgte mittels der Proteomicssoftware MaxQuant (s. 2.3.4.1). Für die Annotation der identifizierten Proteinsequenzen, wurden diese mit den Datensätzen der Datei: p3_p13839_Fus_v32 (2).fa.txt (2.3.4.3) abgeglichen. Anhand der LC-MS/MS-Analyse konnten insgesamt 4535 Proteine detektiert werden. Die 4535 Proteine der frühen Wachstumsphase und ihre spezifische Signalintensität sind in Abbildung 28 dargestellt.

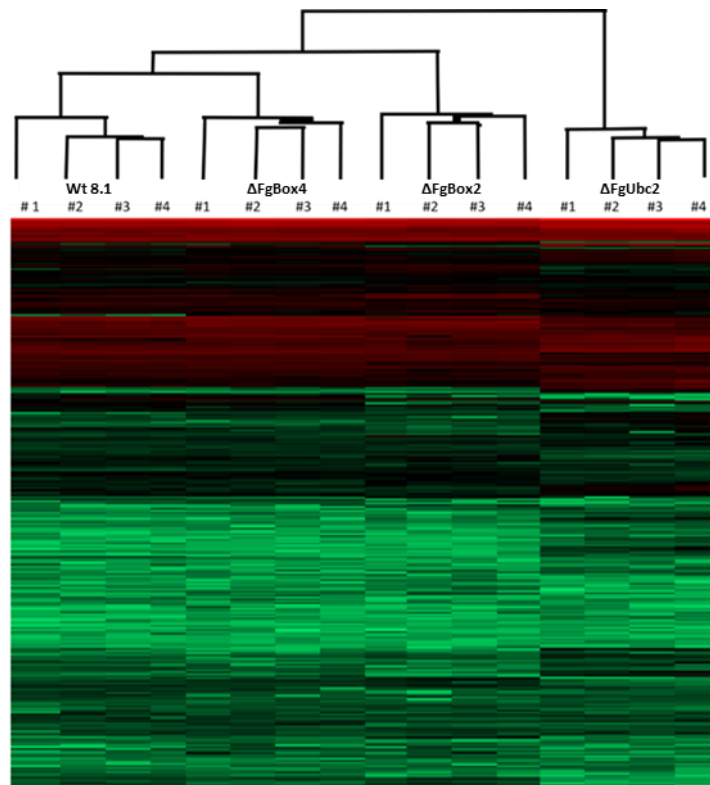


Abbildung 28: Hierarchisches Clustering der jeweiligen vier biologischen Replikate (#1-#4) des Wildtyps (Wt 8.1) sowie der Δ UPS-Deletionsmutanten (x-Achse) und Proteinhäufigkeitsmuster der 4535 identifizierten Proteine (y-Achse), dargestellt in einer Heat map. Die Proteinhäufigkeit steht in Abhängigkeit zum Farbcode. Je grüner die Färbung umso geringer die Proteinhäufigkeit und desto rötlicher umso höher die Proteinhäufigkeit.

Der Heat map ist zu entnehmen, dass die jeweiligen vier biologischen Replikate der einzelnen Mutanten wie auch des Wildtyps der jeweiligen Gruppe hierarchisch geclustert vorliegen. Des Weiteren weisen die einzelnen Deletionsmutanten im Vergleich zum Wildtyp 8.1 Unterschiede innerhalb der Farbcode-Komposition auf, was auf eine veränderte Signalintensität einzelner Proteine schließen lässt. Unter Verwendung einer gepaarten t-Test Analyse (FDR 1 %; engl. False-Discovery-Rate) der detektierten 4535 Proteine wurde die Signifikanz der Differenz zwischen zwei Präparaten definiert und paarweise in einem Vulkan-Plot dargestellt (s. Abbildung 29). Insgesamt wiesen von den 4553 detektierten Proteinen 2858 eine signifikante Veränderung im Vergleich zum Wildtyp 8.1 auf (s. Anhang 7.2). Der Vergleich der einzelnen Plots (s. Abbildung 29, Δ FgBox4 vs. Wt 8.1, Δ FgBox2 vs. Wt 8.1, Δ FgUbc2 vs. Wt 8.1) zeigte deutliche Unterschiede in der Anzahl signifikant veränderter Proteine bei den einzelnen Deletionsmutanten. Die geringste Anzahl an signifikant veränderten Proteinen wiesen hierbei die Δ FgBox4-Mutanten mit nur

134 Proteinen auf (s. Abbildung 29; Δ FgBox4 vs. Wt 8.1). Die Δ FgBox2-Mutanten zeigten 659 signifikant veränderte Proteine im Vergleich zum Wildtyp. Dies sind ca. 5-fach mehr Proteine als im Vergleich zu den FgBox4-Mutanten (s. Abbildung 29; Δ FgBox2 vs. Wt 8.1). Die deutlichste Veränderung des Proteinprofils zeigten die Δ FgUbc2-Mutanten mit 2065 signifikant veränderten Proteinen (s. Abbildung 29; Δ FgUbc2 vs. Wt 8.1). Die beträchtliche Anzahl von signifikant veränderten Proteinen verdeutlichen den starken Einfluss der einzelnen Komponenten des UPS auf den gesamten Organismus.

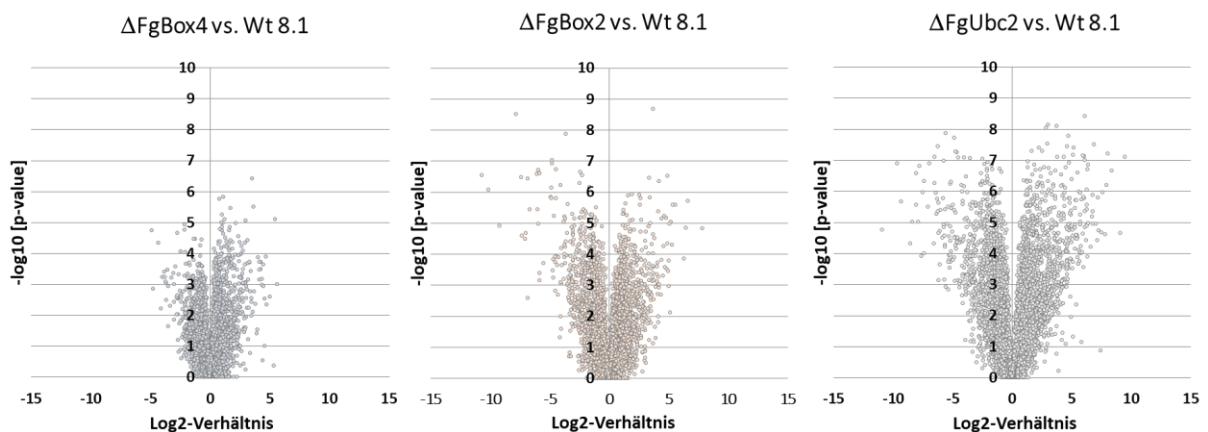


Abbildung 29: Vergleichende Analyse der zum Wildtyp 8.1-Proteom signifikant veränderten Proteine der einzelnen UPS-Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2. Die X-Achse gibt hierbei das jeweilige Log2-Verhältnis der einzelnen Proteine und die Y-Achse ($-\log_{10}$ p-value) die Signifikanz der Differenz (Probenvariabilität) an.

Für die weitere Auswertung wurden die signifikant regulierten Proteine nochmals eingegrenzt. Es wurden nur Proteine verwendet, welche einen vorher definierten Log2-Schwellenwerten (engl. *Threshold*) entsprachen. Für die signifikant herunterregulierten Proteine wurden nur solche mit einem Log2-Schwellenwert unterhalb von -1,5 verwendet. Für die signifikant hochregulierten Proteine wurden nur solche überhalb des Log2-Schwellenwertes von +1,5 für die weitere Auswertung berücksichtigt (s. Abbildung 30). Die Analyse der Log2-Werte deckte sich von den Verhältnissen der Proteinanzahlen mit den Ergebnissen aus der Analyse der gesamten als signifikant identifizierten Proteine. Die Betrachtung der prozentualen Anteile der hoch- sowie runterregulierten Proteine an der Gesamt-Proteinanzahl zeigte eine unterschiedliche Verteilung zwischen den einzelnen Deletionsmutanten. So bildeten in den Δ FgBox4- und Δ FgUbc2-Mutanten die hochregulierten Proteine mit 78 % bzw. 57 % den größten Anteil an der Gesamtzahl der regulierten Proteine. Im Gegensatz dazu lag der Anteil an hochregulierten Proteinen innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten bei nur 11 %.

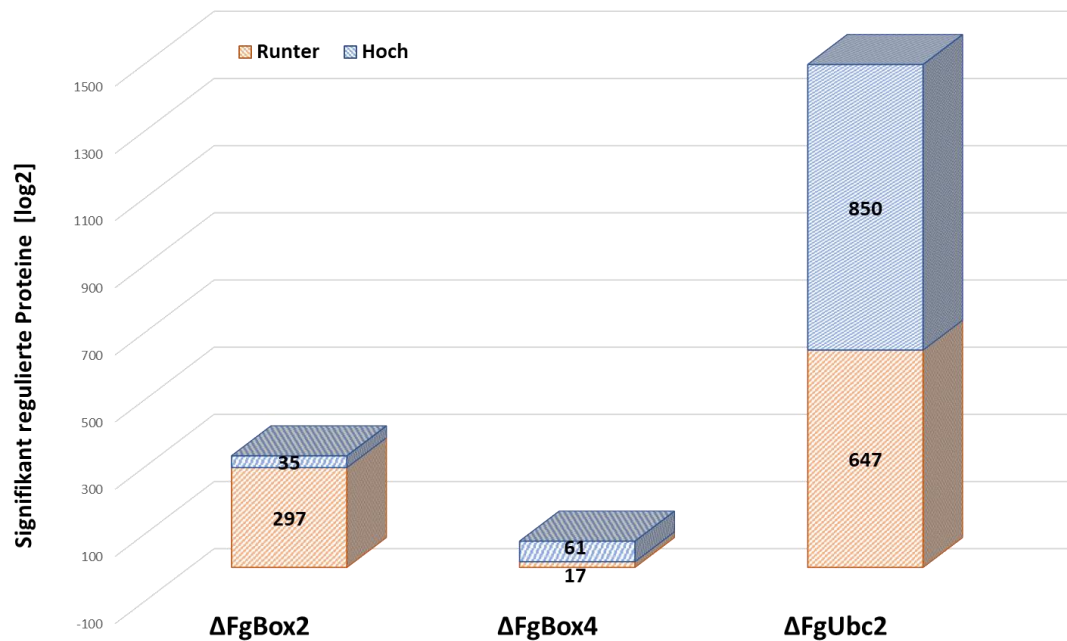


Abbildung 30: Anzahl der im Verhältnis zum Wildtyp 8.1 signifikant runter (rote Balken) sowie hoch (blaue Balken) regulierte Proteine innerhalb der einzelnen Deletionsmutanten mit einem Log2-Verhältnis von -1,5- +1,5.

3.4.1 Gruppenanalyse der signifikant veränderten Proteine

Für die genauere Identifizierung möglicher von den Deletionen betroffenen Signalwege wurden die als signifikant regulierten Proteine (s. Abbildung 30) entsprechend ihrer Annotation nach in folgende Gruppen untergliedert:

- Transkriptionsfaktor (TF)
- Transporter (TP)
- Histon-Modifikation (HM)
- Monooxygenase/Oxidoreduktase (MO)
- Proteinkinase/Phosphatase (PK)
- Dehydrogenase (DH)
- Glycosidase (GH)
- vorhergesagte Sekretion (SP)
- putative Effektor-Proteine (PE)
- Reaktive Sauerstoffspezies (ROS)
- Apoptose (AP)

Der Vergleich der signifikant regulierten Proteine zeigte eine starke Variation der Proteinzahl innerhalb der einzelnen Gruppen einer Mutante sowie auch zwischen den Gruppen der jeweiligen Mutanten Δ FgBox2 (s. Abbildung 31), Δ FgBox4 (s. Abbildung 32) und Δ FgUbc2 (s. Abbildung 33). Die Auswertung der in den Δ FgBox2-Mutanten signifikant regulierten Proteine ergab 23 Proteine, welche im Vergleich zum Wildtyp 8.1 hochreguliert wurden sowie 179 Proteine, die im Vergleich zum Wildtyp 8.1 runterreguliert vorlagen. Die ROS-Gruppe, welche über 42 % an der Gesamtzahl an regulierten Proteinen ausmacht, bildet die größte Gruppe. Sie enthält über doppelt so viel Proteine wie die zweitgrößte Gruppe, die SP-Gruppe, welche 15 % der gesamten Proteine umfasst. Die Analyse der Gesamtzahl an hoch- sowie runterregulierten Proteinen innerhalb einer Gruppe zeigt, dass der Anteil von herunterregulierten Proteinen in den Gruppen GH, MO und TP bei jeweils 100 % lag. Die Gruppen DH und ROS folgten mit 91 % (DH) sowie 97 % (ROS) Anteil an herunterregulierten Proteinen. Die TF-Gruppe bildete mit 85 % hochregulierten Proteinen die einzige Gruppe, bei dem der Anteil an hochregulierten Proteinen über denen der runterregulierten Proteine lag.

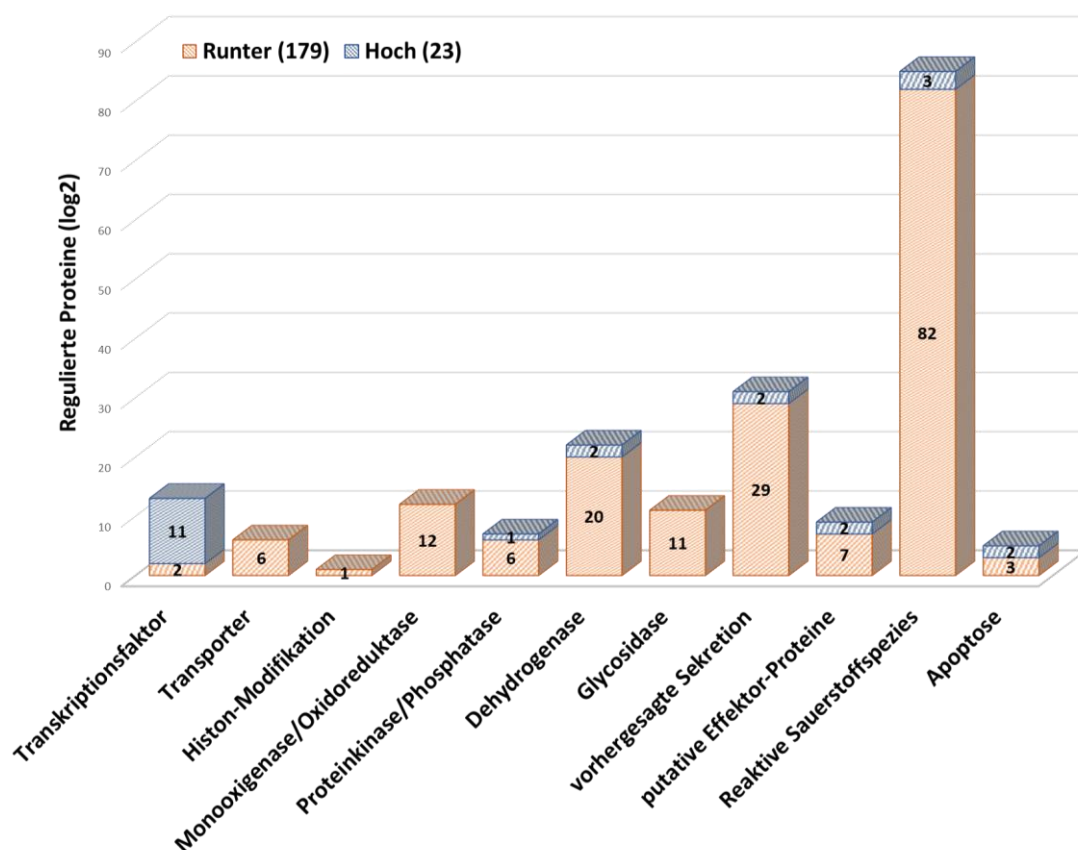


Abbildung 31: Gruppenanalyse der signifikant runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten Proteine der Δ FgBox2-Mutanten.

Die speziellere Betrachtung der anteilig größten Gruppe, der ROS-Gruppe, zeigte 85 Proteine, von denen 97 % herunterreguliert werden (s. Anhang 7.1-A). Die runterregulierten Proteine der ROS-Gruppe der Δ FgBox4-Mutanten machten nur 21 % an der Gesamtzahl der Proteine aus und die der Δ FgUbc2-Mutante 58 %. Die Analyse zeigte eine Vielzahl an runterregulierten antioxidativen Enzymen. Unter ihnen fanden sich Proteine des Glutathion-Redoxsystems wie auch eine Peroxidase, eine Dismutase und mehrere Cytochrome P450/b5 Proteine. Zu weiteren herunterregulierten Proteinen der ROS-Gruppe zählen mehrere mitochondriale Dehydrogenasen, Monooxygenasen und Oxidasen. Unter den Proteinen der ROS-Gruppe befindet sich auch eine Linoleatdiolsynthase, welche im Vergleich zum Wildtypen um über das 1000-fache herunterreguliert wird. Damit gehört die Linoleatdiolsynthase zu einem der am stärksten regulierten Proteine.

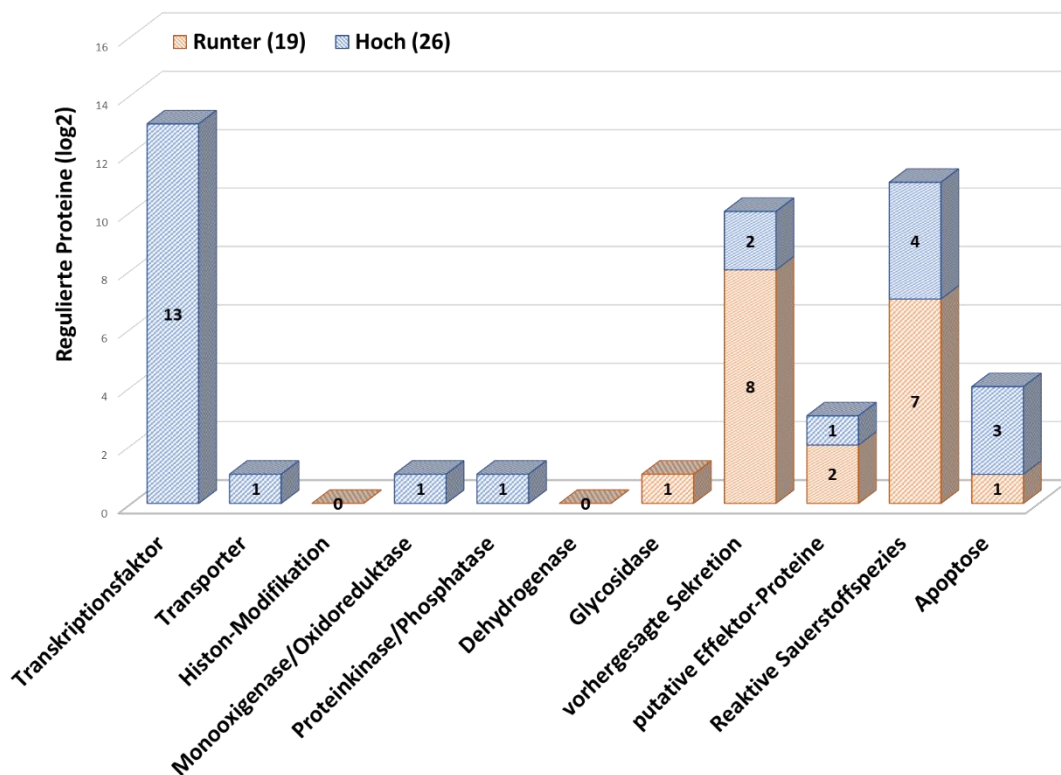


Abbildung 32: Gruppenanalyse der signifikant runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten Proteine der Δ FgBox4-Mutanten.

Die Gruppenanalyse der signifikant regulierten Proteine der Δ FgBox4-Mutanten (s. Abbildung 32) zeigte deutlich geringere Proteinzahlen innerhalb der einzelnen Gruppen. Die Auswertung ergab 26 hochregulierte sowie 19 runterregulierte Proteine im Vergleich

zum Wildtyp 8.1. Diese verringerte Proteinzahl deckt sich mit den Ergebnissen der Gesamtanalyse der signifikant regulierten Proteine (s. Abbildung 30). Im Vergleich der einzelnen Gruppen macht die TF-Gruppe 29 % an der Gesamtzahl aller innerhalb der in den Gruppen regulierten Proteinen aus, gefolgt von den ROS- und SP-Gruppen mit 24 % bzw. 22 %. Unter den Gruppen mit mehr als einem regulierten Protein enthielten anteilig zur Gesamtproteinzahl der jeweiligen Gruppe die SP-Gruppe mit 80 %, die PE-Gruppe mit 67 % und die ROS-Gruppe mit 64 % die meisten herunterregulierten Proteine. Die TF-Gruppe und die AP-Gruppe bildeten mit jeweils 100 % bzw. 75 % die Gruppen mit den anteilig meisten hochregulierten Proteinen. Die Betrachtung der anteilig größten Gruppe, der Transkriptionsfaktor-Gruppe, zeigte mehrere Proteine mit einer Zinkfinger-Domäne, jeweils zwei Zn (2)-C6-Pilz-DNA-Bindungsdomänen, HMG-Box Proteine (engl. *High Mobility Group*) sowie CBF/NF-Y-Familien-Transkriptionsfaktoren. Des Weiteren konnten auch ein MADS-Box-Protein und ein Transkriptionsfaktor IIA identifiziert werden (s. Anhang 7.1-B).

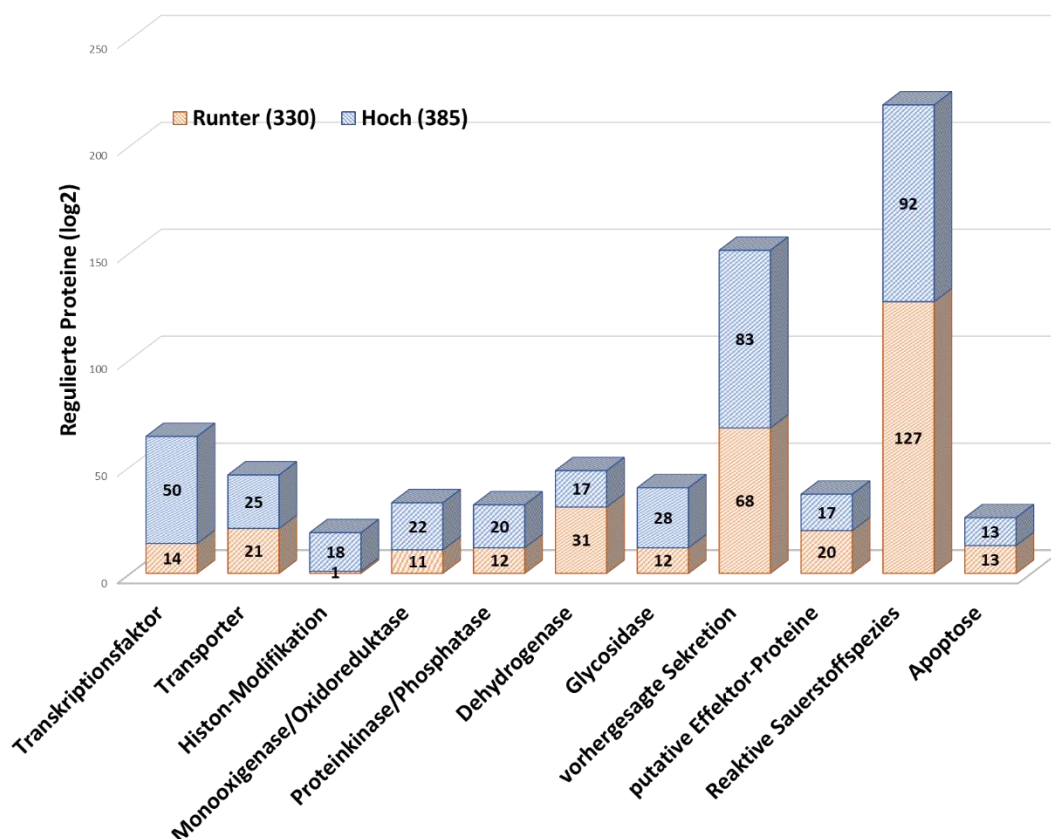


Abbildung 33: Gruppenanalyse der signifikant runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten Proteine der $\Delta FgUbc2$ -Mutante.

Die Gruppenanalyse der Δ FgUbc2-Mutanten identifizierte 385 runter- sowie 330 hochregulierte Proteine. Der Vergleich der Gruppen untereinander zeigte, dass die ROS- sowie SP-Gruppe mit 31 % und 21 % anteilig die zwei größten Gruppen bildeten. Die Gruppen mit dem höchsten prozentualen Anteil an runterregulierten Proteinen im Vergleich zur Gesamtzahl an Proteinen der jeweiligen Gruppe bildeten die DH-Gruppe mit 65 %, die ROS-Gruppe mit 58 % und die PE-Gruppe mit 54 %. Die meisten hochregulierten Proteine zur Gesamtzahl der in der Gruppe enthaltenen Proteine wiesen die HM-Gruppe mit 95 %, die TF-Gruppe mit 78 % und die GH-Gruppe mit 70 % auf. Die größte Gruppe bildete ROS. Es zeigte eine hohe Anzahl an runterregulierten Proteinen, welche in die Proteingruppe der Dehydrogenasen wie auch Oxidoreduktasen eingegliedert werden. Innerhalb der herunterregulierten Proteine wurden des Weiteren auch mehrere Monooxygenasen, Cytochrome, Reduktasen, Superoxid-Dismutasen, Peroxidasen und mitochondriale Transportproteine identifiziert. Zu den anteilig größten Proteingruppen der hochregulierten Proteine gehörten Cytochrome sowie Oxidoreduktasen. Auch wurden mehrere Dehydrogenasen, Monooxygenasen, Reduktasen und eine Superoxid-Dismutase, Katalase sowie Glutathion-S-Transferase identifiziert (s. Anhang 7.1-C).

3.4.2 Proteomanylase einzelner Sekundärmetabolit-Cluster

Von den 67 bekannten Sekundärmetabolit-Clustern von *F. graminearum* fanden sich Proteine von insgesamt 50 unterschiedlichen Clustern innerhalb der Proteome der Deletionsmutanten (s. Tabelle 11). Von diesen 50 Clustern konnten acht als zum Wildtyp signifikant reguliert identifiziert werden. Als signifikant hoch- oder runterreguliert galt ein Sekundärmetabolit-Cluster, wenn mehr als 30% der Proteine eines Clusters differentiell reguliert vorlagen. Von den acht signifikant regulierten Clustern konnten zwei, C13 (Aurofusarin) sowie C18 (Orcin/Orsellinsäure), in die 13 bekannten Biosynthesewege und sechs in die bisher nicht charakterisierten Biosynthesewege eingegliedert werden. Mit fünf identifizierten Clustern zeigten die Δ FgBox4-Mutanten die geringste Anzahl an Sekundärmetabolit-Clustern. Keines der fünf Cluster wurde in den Δ FgBox4-Mutanten signifikant reguliert. Die zweithöchste Anzahl mit 28 identifizierten Clustern wiesen die Δ FgBox2-Mutanten auf. Drei der 28 Cluster, C61, C47 und C41, sind hierbei signifikant reguliert. Die Cluster C61 und C47 liegen herunterreguliert vor, wohingegen das Cluster C41

hochreguliert vorliegt. Die höchste Anzahl an Clustern fanden sich in den $\Delta FgUbc2$ -Mutanten. Von 43 identifizierten Clustern wurden insgesamt sieben zum Wildtyp signifikant differentiell reguliert. Das Cluster C61 wird herunterreguliert und die Cluster C06, C13, C18, C47, C62 und C30 liegen in den $\Delta FgUbc2$ hochreguliert vor.

Tabelle 11: Vergleichende Proteomanalyse der Deletionsmutanten $\Delta FgBox2$, $\Delta FgBox4$ und $\Delta FgUbc2$ auf die 67 Sekundärmetabolit-Cluster von *F. graminearum*.

Mutante	Identifizierte Cluster	Signifikant regulierte Cluster	Herunter-reguliert	Hoch-reguliert
$\Delta FgBox2$	28	3	C61, C47	C41
$\Delta FgBox4$	5	/	/	/
$\Delta FgUbc2$	43	7	C61	C06, C13 (Aurofusarin), C18 (Orcin/Orsellinsäure), C47, C62, C30

Nachfolgend wurde die Proteinregulation einzelner der zum Wildtypen signifikant veränderter Sekundärmetabolit-Cluster im Detail betrachtet. Die Überprüfung des Aurofusarin-Biosynthese-Clusters zeigte für die $\Delta FgBox2$ - sowie $\Delta FgUbc2$ -Mutante eine veränderte Proteinabundanz (s. Tabelle 12). So wurden aurO wie auch aurF in den $\Delta FgBox2$ -Mutanten signifikant herunterreguliert. Innerhalb der $\Delta FgUbc2$ -Mutanten wurden bis auf aurO und aurL2 alle weiteren Proteine des Biosynthesewegs signifikant hochreguliert. Keine signifikant regulierten Proteine der Aurofusarin-Biosynthese wiesen die $\Delta FgBox4$ -Mutanten auf. Die spezifischere Analyse des Aurofusarin-Clusters deckt sich somit mit den aus der allgemeinen Sekundärmetabolit-Clusteranalyse gewonnenen Daten und zeigt eine signifikante Hochregulation von acht der insgesamt elf Proteine des Aurofusarin-Clusters in den $\Delta FgUbc2$ -Mutanten.

Tabelle 12: Aurofusarin-Biosynthese-Cluster und Log₂-Verhältnis der involvierten Proteine der einzelnen Deletionsmutanten $\Delta FgBox2$, $\Delta FgBox4$ und $\Delta FgUbc2$. Nicht im Proteom detektierte Proteine wurden mit n.d. (nicht detektiert) gekennzeichnet. Signifikante Proteine wurden hervorgehoben.

Gen	Protein-Bezeichnung	$\Delta FgBox2$ (Log ₂)	$\Delta FgBox4$ (Log ₂)	$\Delta FgUbc2$ (Log ₂)
<i>FGSG_02320</i>	aurR1	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_02321</i>	aurO	-1,95	-0,50	-0,38

<i>FGSG_02322</i>	aurT	-0,85	0,90	2,69
<i>FGSG_02323</i>	aurR2	0,26	0,46	6,12
<i>FGSG_02324</i>	PKS12	0,62	0,83	8,05
<i>FGSG_02325</i>	aurC	-0,45	-0,20	1,77
<i>FGSG_02326</i>	aurJ	-0,13	-0,20	2,10
<i>FGSG_02327</i>	aurF	-3,03	-1,54	2,79
<i>FGSG_02328</i>	Gip1	-1,27	0,21	5,10
<i>FGSG_02329</i>	aurS	-0,63	0,38	6,30
<i>FGSG_02330</i>	aurL2	1,83	-0,61	-0,57

Da es innerhalb des vegetativen Wachstums zu keiner Expression des Trichothecen-Clusters (Cluster ID, C23) kommt, wurde das Cluster als interne Kontrolle der generierten Proteomdaten ebenfalls analysiert (s. Tabelle 13). Bis auf das Protein TRI4 (*FGSG_03535*), welches in keiner der Deletionsmutanten signifikant reguliert vorlag, konnte kein weiteres Proteine des Clusters detektiert werden.

Tabelle 13: Trichothecen-Biosynthese-Cluster und Log2-Verhältnis der involvierten Proteine der einzelnen Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2. Nicht im Proteom detektierte Proteine wurden mit n.d. (nicht detektiert) gekennzeichnet.

Gen	Protein- Bezeichnung	Δ FgBox2 (Log2)	Δ FgBox4 (Log2)	Δ FgUbc2 (Log2)
<i>FGSG_03532</i>	TRI8	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03533</i>	TRI7	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03534</i>	TRI3	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03535</i>	TRI4	0,29	0,21	-0,77
<i>FGSG_03536</i>	TrI6	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03537</i>	TRI5	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03538</i>	TRI10	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03539</i>	TRI9	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03540</i>	TRI11	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03541</i>	TRI12	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03542</i>	TRI13	n.d.	n.d.	n.d.
<i>FGSG_03543</i>	TRI14	n.d.	n.d.	n.d.

3.5 Detektion Ubiquitin-modifizierter Proteine in *F. graminearum*

Neben dem Proteom wurden im Spezielleren auch die posttranslational durch Ubiquitin-modifizierten Proteine untersucht. Die spezifisch ubiquitinierten Proteine wurden hierbei durch Flüssigchromatographie mit Massenspektrometrie-Kopplung anhand des Nachweises von Ubiquitin abgeleiteten Peptidaddukten (Glycin/Glycin-Rest) identifiziert. Die posttranslational modifizierten Proteine von jeweils drei biologischen Replikaten der Deletionsmutanten und des Wildtyps wurden hierfür mittels Immunopräzipitation isoliert und anschließend mit der LC-MS/MS-Analyse identifiziert (s. 2.2.12.2, 2.2.12.4). Mit dieser kombinierten Strategie wurden nach der Prozessierung (Gepaarte t-Test Analyse (FDR 1 %); Entfernung restlicher REV, von Einträgen mit einem Massenfehler > 2 ppm, von Einträgen mit Nullintensität; Behalten von Einträgen mit drei oder mehr Intensitäten in einer einzelnen Gruppe) der Rohdaten aus zwei Messungen 234 Ubiquitinierungsstellen identifiziert. Aufgrund dessen, dass ein Protein über mehrere Ubiquitinierungsstellen verfügen kann, ist die Anzahl der identifizierten Proteine geringer und liegt bei 164 Proteinen (s. Anhang 7.3).

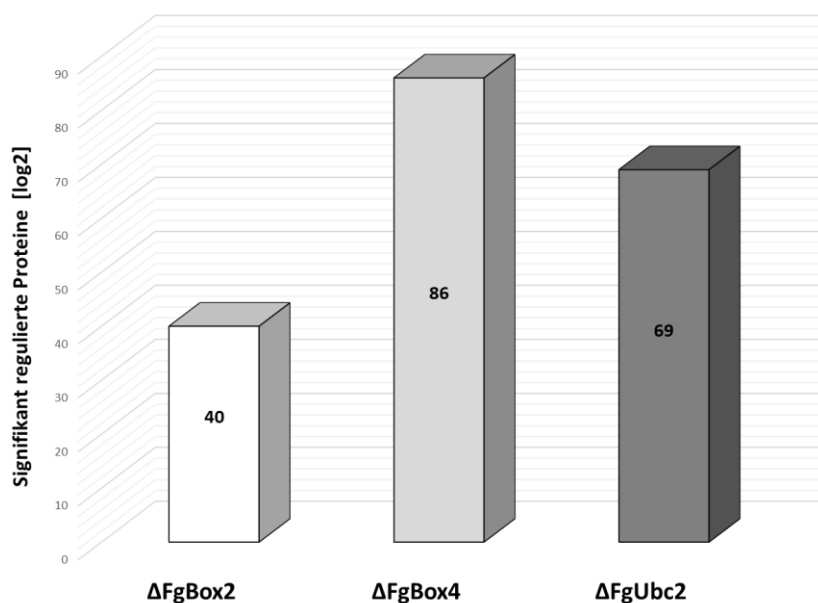


Abbildung 34: Anzahl der im Verhältnis zum Wildtyp 8.1 signifikant regulierten posttranslational mit Ubiquitin-modifizierten Proteine der Deletionsmutanten ΔFgBox2, ΔFgBox4 und ΔFgUbc2.

Der Vergleich der einzelnen Deletionsmutanten zeigte deutliche Unterschiede in der Anzahl signifikant veränderter Proteine. Die geringste Anzahl an signifikant veränderten Proteinen wiesen mit 40 Proteinen die Δ FgBox2-Mutanten auf. Die Δ FgUbc2-Mutanten zeigten mit 69 signifikant veränderten Proteinen, über 72 % mehr veränderte Proteine im als die Δ FgBox2-Mutanten. Die deutlichste Veränderung des Ubiquitinprofils zeigten die Δ FgBox4-Mutanten mit 86 signifikant veränderten Proteinen (s. Abbildung 34). Innerhalb des Ubiquitinprofils der einzelnen Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 fanden sich neben Proteinen, welche nur in einer Deletionsmutante identifiziert wurden, auch Proteine, die im Ubiquitom gleich mehrerer Deletionsmutanten detektiert wurden.

3.5.1 Gruppenanalyse der signifikant veränderten ubiquitinierten Proteine

Wie bei der Proteomanalyse wurden auch die als signifikant regulierten ubiquitinierten Proteine für die genauere Identifizierung möglicher von den Deletionen betroffener Signalwege entsprechend ihrer Annotation nach in folgende Gruppen eingegliedert:

- Transkriptionsfaktor (TF)
- Transporter (TP)
- Histon-Modifikation (HM)
- Monooxygenase/Oxidoreduktase (MO)
- Proteinkinase/Phosphatase (PK)
- Dehydrogenase (DH)
- Glycosidase (GH)
- vorhergesagte Sekretion (SP)
- putative Effektor-Proteine (PE)
- Reaktive Sauerstoffspezies (ROS)
- Apoptose (AP)

Die Analyse der signifikant regulierten ubiquitinierten Proteine zeigte eine große Variation der Proteinzahl innerhalb der einzelnen Gruppen einer Mutante. Der Vergleich der Deletionsmutanten Δ FgBox2 (s. Abbildung 35), Δ FgBox4 (s. Abbildung 36) und Δ FgUbc2 (s. Abbildung 37) untereinander ließ jedoch Ähnlichkeiten in der Gruppierung erkennen. Er zeigte, dass die jeweils anteilig an der Gesamtzahl an Proteinen größten Gruppen innerhalb

aller Deletionsmutanten die Gruppe der Transporter sowie der reaktiven Sauerstoffspezies bildete. Mit insgesamt 50 signifikant ubiquitinierten Proteinen wiesen die Δ FgBox4-Mutanten die meisten Proteine innerhalb der Gruppenanalyse auf, gefolgt von 32 Proteinen bei den Δ FgUbc2-Mutanten und 27 Proteinen bei den Δ FgBox2-Mutanten.

Die Auswertung der in den Δ FgBox2-Mutanten signifikant regulierten ubiquitinierten Proteine ergab, dass 79 % der Proteine im Vergleich zum Wildtypen hochreguliert vorlagen. Die weitere Auswertung zeigte, dass die Transporter mit über 61 % an der Gesamtzahl an regulierten Proteinen die größte Gruppe bildete, gefolgt von der Gruppe der reaktiven Sauerstoffspezies, welche 15 % der gesamten Proteine umfasste. Die größte Gruppe der Transporter enthielt mit 17 Proteinen gemessen an der Gesamtzahl an gruppierten Proteinen die meisten hochregulierten Proteine (s. Abbildung 35).

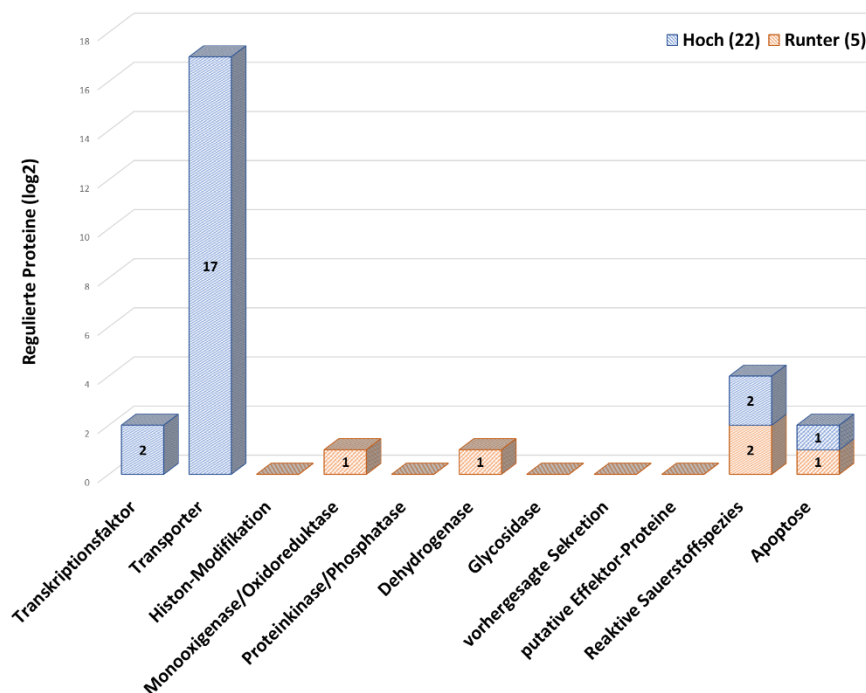


Abbildung 35: Gruppenanalyse der signifikant zum Wildtypen runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten ubiquitinierten Proteine der Δ FgBox2-Mutanten.

Unter den Proteinen befanden sich sieben Proteine der Major-Facilitator-Superfamilie, sechs Aminosäure/Polyamine-Transporter, zwei Zucker/Inositol-Transporter, ein Oligopeptid-Transporter und eine H^+ -ATPase. Die zweithöchste Anzahl an hochregulierten Proteinen bildeten die Gruppen der Transkriptionsfaktoren mit zwei Zinkfingerproteinen und der reaktiven Sauerstoffspezies mit einer Epoxid-Hydrolase und Chlor-Peroxidase. Gemessen an der Gesamtzahl an gruppierten Proteinen innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten

wies die Gruppe der reaktiven Sauerstoffspezies mit zwei Proteinen die meisten signifikant herunterregulierten Proteine auf. Die herunterregulierten Proteine der ROS-Gruppe waren eine β -Ketoacyl-Synthase und ein Cytochrome P450. Mit jeweils einem herunterregulierten Protein bildeten die Monooxygenasen/Oxidoreduktasen, die Dehydrogenasen und die Apoptose die jeweils zweithöchsten Gruppen an herunterregulierten Proteinen. Das Cytochrom P450 war hierbei in der Gruppe der Monooxygenasen/Oxidoreduktasen und Apoptose herunterreguliert und die β -Ketoacyl-ACP-Synthase in der Gruppe der Dehydrogenasen. Die Auswertung der in den Δ FgBox4-Mutanten signifikant regulierten ubiquitinierten Proteine ergab, dass 100 % der Proteine im Vergleich zum Wildtypen hochreguliert vorlagen. Die Gruppe der Transporter bildete mit 52 % gemessen an der Gesamtzahl an regulierten Proteinen die größte Gruppe, gefolgt von der Gruppe der reaktiven Sauerstoffspezies, welche 20 % der Proteine umfasste. (s. Abbildung 36).

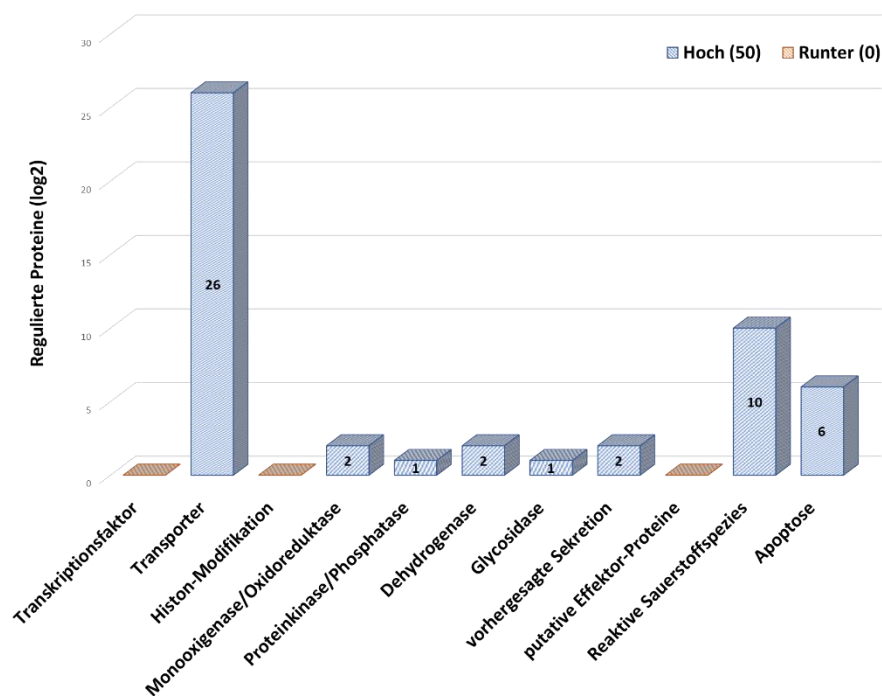


Abbildung 36: Gruppenanalyse der signifikant zum Wildtypen runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten ubiquitinierten Proteine der Δ FgBox4-Mutanten.

Unter den Proteinen der hochregulierten Gruppe der Transporter befanden sich sieben Aminosäure/Polyamine-Transporter, sechs Proteine der Major-Facilitator-Superfamilie, vier Zucker/Inositol-Transporter, drei H^+ -ATPasen, zwei Oligopeptid-Transporter und jeweils ein ABC-Transporter, Phosphat-Transporter sowie Tetrapeptid-Transporter. Zu den zehn hochregulierten Proteinen der Gruppe der reaktiven Sauerstoffspezies fanden sich

zwei Cytochrome P450 und jeweils eine Aldehyd-Dehydrogenase, Pyridin-Nukleotid-Disulfid-Oxidoreduktase, β -Ketoacyl-Synthase, Glutathionperoxidase, Epoxid-Hydrolase, Chlor-Peroxidase, Flavodoxin/Stickstoffmonoxid-Synthase und Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenase. Die Δ FgBox4-Mutanten zeigten innerhalb der Gruppe der Apoptose von allen Deletionsmutanten mit insgesamt sechs Proteinen die höchste Anzahl an in dieser Gruppe regulierten Proteinen. Jeweils zwei Proteine aus der Gruppe der Apoptose waren hierbei Cytochrome P450 sowie Proteine aus der Familie der kleinen GTPasen. Die beiden andern Proteine aus der Gruppe waren eine Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenase und ein zu den Repeat-Proteinen gehörendes Ankyrin. Die Gruppen der Monooxygenasen/Oxidoreduktasen, Dehydrogenasen und vorhergesagte Sekretion wiesen jeweils zwei signifikant regulierte Proteine auf. Nur ein signifikant reguliertes Protein fand sich in den Gruppen Proteinkinase/Phosphatase sowie Glycosidase.

Abschließend wurden die signifikant regulierten ubiquitinierten Proteine der Δ FgUbc2-Mutanten analysiert (s. Abbildung 37). Wie bereits bei den Mutanten Δ FgBox2 und Δ FgBox4 lag das Verhältnis von hoch- zu runterregulierten Proteinen mit 94 % auch in den Δ FgUbc2-Mutanten deutlich auf Seiten der signifikant hochregulierten Proteine.

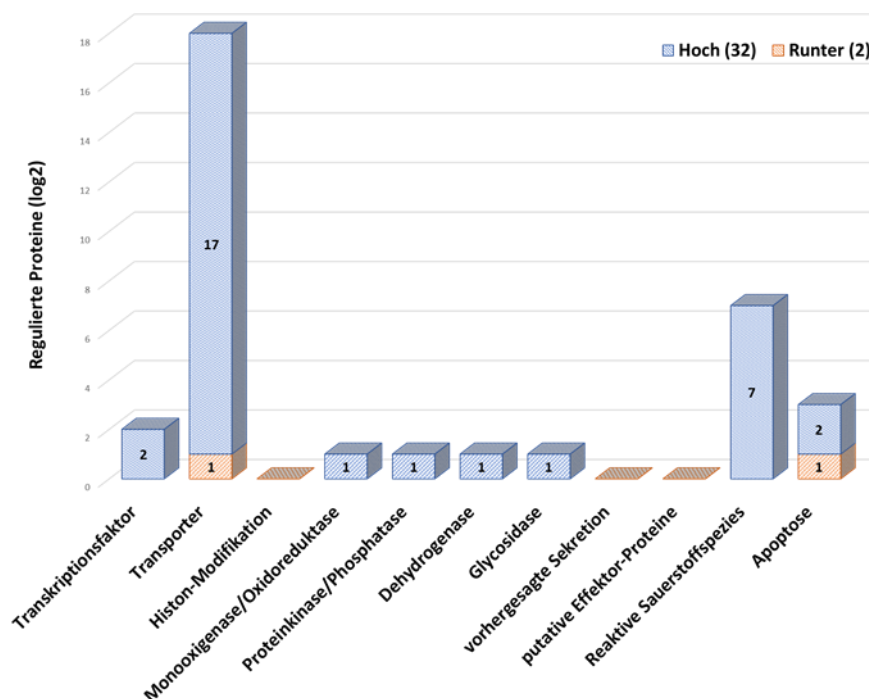


Abbildung 37: Gruppenanalyse der signifikant zum Wildtypen runter- (rote Balken) wie auch hoch- (blaue Balken) regulierten ubiquitinierten Proteine der Δ FgUbc2-Mutanten.

Ebenfalls wie in den Δ FgBox2- und Δ FgBox4-Mutanten bildeten die Gruppen der Transporter und reaktiven Sauerstoffspezies mit 53 % und 21 % gemessen an der Gesamtzahl an in den Δ FgUbc2-Mutanten gruppierten Proteinen den größten Anteil. In der größten Gruppe der Transporter fanden sich neben fünf Proteinen der Major-Facilitator-Superfamilie und fünf Aminosäure/Polyamine-Transportern auch eine P-Typ-ATPase, ein Ammoniumtransporter, ein Oligopeptid-Transporter, ein Phosphat-Transporter, ein Tetrapeptid-Transporter sowie ein Zucker/Inositol-Transporter. In der Gruppe der reaktiven Sauerstoffspezies fanden sich eine Alkylhydroperoxid-Reduktase-Untereinheit C, eine Pyridin-Nukleotid-Disulfid-Oxidoreduktase, eine Chlor-Peroxidase, eine Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenase sowie ein Cytochrom b5 und P450. Innerhalb der Gruppe der Transkriptionsfaktoren und der Apoptose wurden zwei signifikant regulierte Zinkfinger-Proteine sowie eine Alkylhydroperoxid-Reduktase-Untereinheit C und Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenase detektiert. Je ein hochreguliertes Protein wurde in den Gruppen Monooxygenase/Oxidoreduktase, Proteinkinase/Phosphatase, Dehydrogenase und Glycosidase identifiziert. Bei den herunterregulierten Proteinen in der Gruppe der Transporter sowie in der Gruppe der Apoptose handelte es sich um ein zu den Repeat-Protein gehörendes Ankyrin und eine P-Typ-ATPases.

3.6 Spezifische phänotypische Betrachtung der Deletionsmutanten

Die aus der allgemeinen phänotypischen Charakterisierung der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 gewonnenen Erkenntnisse und identifizierten Phänotypen bildeten die Grundlage für eine tiefergehende Untersuchung einzelner besonders auffälliger Phänotypen. Ausgewählt für eine spezifischere Betrachtung wurden der ROS-Metabolismus der Δ FgBox2-Mutanten und die Zellwand der Δ FgBox4-Mutanten. Die Auswahl erfolgte aufgrund der bereits bekannten Akkumulation von ROS innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten und des vereinzelt auftretenden Phänomens der Zellwandinstabilität der Konidien der Δ FgBox4-Mutanten.

3.6.1 Untersuchung des ROS-Metabolismus der Δ FgBox2-Mutanten

Die NBT-Färbung (s. 3.3.2) und die Proteomanalyse gaben Hinweise auf einen möglichen Defekt im ROS-Metabolismus. Daher wurde dieser in weiteren Analysen intensiver untersucht. Im Folgenden wurden die Δ FgBox2-Mutanten auf das Vorhandensein weiterer reaktiver Sauerstoffspezies überprüft (s. 3.6.1.1), deren Akkumulation *in vivo* in wachsenden Hyphen fluoreszenzmikroskopisch analysiert (s. 3.6.1.2) sowie eine mögliche Verbindungen zwischen erhöhtem zellulären ROS und mitochondrialer Atmung ermittelt (s. 3.6.1.3).

3.6.1.1 Erhöhte H_2O_2 -Akkumulation im Myzel der Δ FgBox2-Mutante

Für die Untersuchung weiterer reaktiver Sauerstoffspezies wurde Wasserstoffperoxid (H_2O_2) ausgewählt. Grundlage der Auswahl bildete neben dem Vorkommen als Endprodukt in zahlreichen biologischen Prozessen auch die starke zytotoxische Eigenschaft von Wasserstoffperoxid. Die Analyse erfolgte mittels des Reagenz Amplex[®] Red (s. 2.2.9.2). Hierbei wurde die H_2O_2 -Konzentration in den Pilzhyphen über einen Zeitraum von 0-90 min gemessen. Die erhaltenen Datensätze wurden statistisch ausgewertet und die Konzentration von Wasserstoffperoxid über eine mitgeführte Eichgerade in μ M/mg umgerechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 38 zusammengefasst. Die Ergebnisse der Zeitreihe zeigen dramatische H_2O_2 -Konzentrationsunterschiede zwischen Wildtyp 8.1 und den Δ FgBox2-Mutanten. Die H_2O_2 -Konzentration der Δ FgBox2-Mutanten lag im Vergleich zum Wildtyp 8.1 zu jedem der vier Messzeitpunkte über 100 % höher. So wies der Wildtyp 8.1 nach 90 min eine durchschnittliche H_2O_2 -Konzentration von 0,56 μ M/mg auf. Im Vergleich hierzu konnte nach 90 min eine durchschnittliche H_2O_2 -Konzentration von 1,3 μ M/mg in den Δ FgBox2-Mutanten nachgewiesen werden. Dieses Ergebnis bestätigt, dass neben den Hydroperoxid-Anionen auch weitere reaktive Sauerstoffspezies akkumuliert werden.

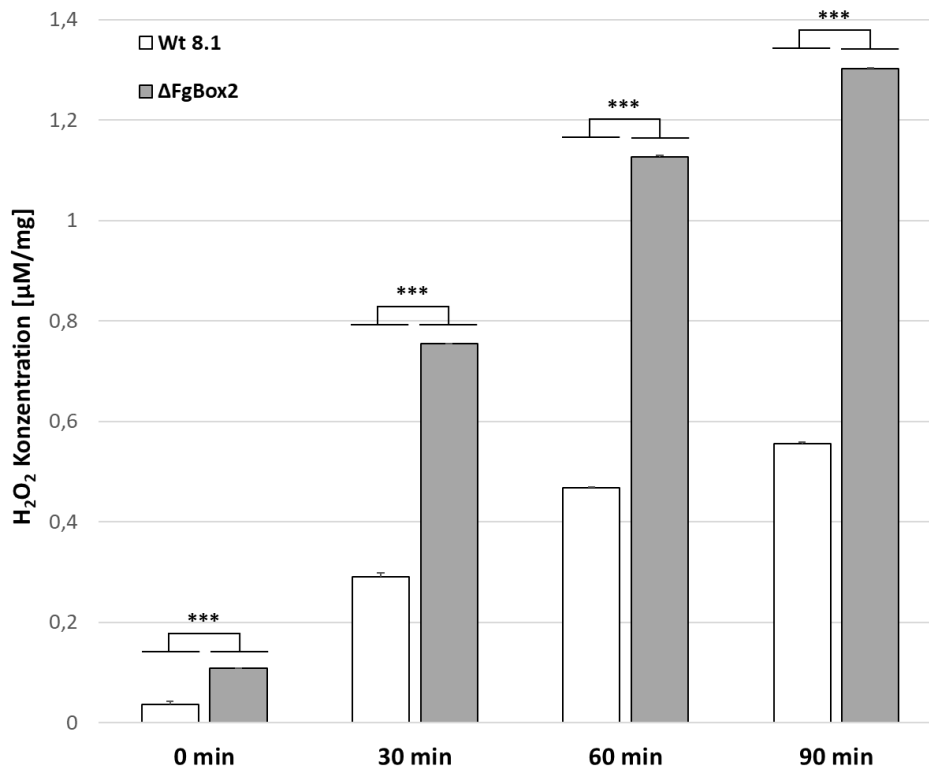


Abbildung 38: Fluorometrische Konzentrationsbestimmung von Wasserstoffperoxid (H_2O_2) des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der $\Delta FgBox2$ -Mutanten über den Zeitraum von 0-90 min. Die Quantifizierung der Wasserstoffperoxid-Produktion im Pilzmyzel erfolgte anhand der Fluoreszenzintensität. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Fehlerbalken: Standardabweichung. Die Messung erfolgte mit biologischen Replikaten, welche dreimal gemessen wurden. Die im Diagramm dargestellten Werte sind die Mittelwerte und Standardabweichungen von jeweils 8 biologischen Replikaten aus drei Experimenten.

3.6.1.2 Fluorogene Messung des zellulären oxidativen Stresses der vegetativen Wachstumsphase

Nach erfolgreichem Nachweis erhöhter Hyperoxid-Anionen- und Wasserstoffperoxid-Konzentrationen während der vegetativen Wachstumsphase (s. 3.3.2; 3.6.1.1) wurde diese Akkumulation fluoreszenzmikroskopisch betrachtet. Hierfür wurden 24 Std alte Pilzhyphen mit CellROX® Deep Red angefärbt (s. 2.2.9.3). Das Reagenz diente der Visualisierung von zellulärem oxidativen Stress. Der Wirkungsmechanismus folgt der Eigenschaft, dass der unter reduzierenden Bedingungen nicht fluoreszente Farbstoff in Anwesenheit von ROS oxidiert wird und fluoresziert. Die Pilzhyphen wurden anschließend mittels Konfokalem Laserscanning-Mikroskop auf etwaige Fluoreszenzsignale überprüft. Wie der Abbildung 39 zu entnehmen ist, konnte für den Wildtyp sowie für die $\Delta FgBox2$ -Mutante Fluoreszenzsignale detektiert werden, welche sich jedoch in ihrer Intensität deutlich

unterschieden. So war die emittierte Fluoreszenz der Δ FgBox2-Mutante im Vergleich zum Wildtyp 8.1 deutlich intensiver (s. Abbildung 39; C, D). Der Wildtyp 8.1 und die Δ FgBox2-Mutante zeigten die stärkste Fluoreszenz-Emission in neu gebildeten apikalen Hyphenspitzen.

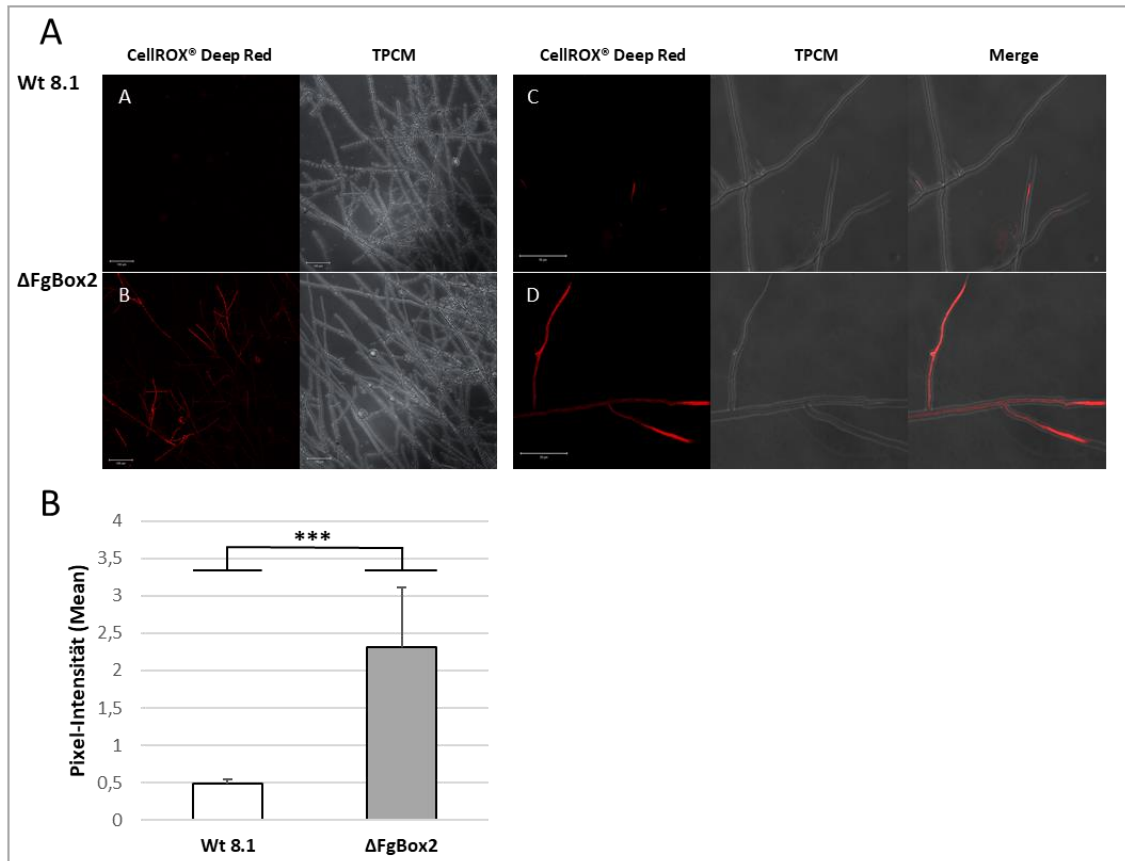


Abbildung 39: In vivo-Analyse der Akkumulation reaktiver Sauerstoffspezies in der vegetativen Wachstumszone des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox2-Mutanten.

A: Fluoreszenzmikroskopische Analyse mittels des fluorogenen Farbstoffs CellROX® Deep Red eingefärbter Hyphen des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox2-Mutante. Die vergleichende Übersichtsaufnahme des Wildtyps 8.1 (a) und der Δ FgBox2-Mutanten (b) sowie Detailaufnahmen der vegetativen Wachstumszone des Wildtyps 8.1 (c) und der Δ FgBox2-Mutanten (d). Maßstab: a, b 100 μ m, c, d 50 μ m.

B: Quantifizierung der ROS-Akkumulation des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox2-Mutanten. Die Fluoreszenzintensität wurde unter Verwendung von ImageJ ermittelt und als Mittel (Mean) dargestellt. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * p < 0,05, ** p < 0,01, *** p < 0,001) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Fehlerbalken: Die statistische Auswertung erfolgte anhand von jeweils 16 unabhängigen Bildausschnitten der Übersichtsaufnahmen des Wildtyps 8.1 sowie der Δ FgBox2-Mutanten.

In Wildtyp-Myzel nahm das Fluoreszenzsignal von den neu gebildeten Hyphenspitzen zu älteren Hyphen-Abschnitten stark ab. Im Gegensatz hierzu wiesen auch die älteren Hyphen-Abschnitte der Δ FgBox2-Mutanten ein Fluoreszenzsignal auf (s. Abbildung 39; A, B). Die erhaltenen Metadaten bestätigten das visuelle Ergebnis und zeigten eine durchschnittlich um das vierfache erhöhte Pixel-Intensität der Δ FgBox2-Mutanten.

3.6.1.3 Verringerte mitochondriale Sauerstoff-Konsumption-Rate der Δ FgBox2-Mutante

In vorangegangenen Versuchen konnte bereits eine erhöhte Konzentration an ROS in den Δ FgBox2-Mutanten nachgewiesen werden (s. 2.2.9.1, 2.2.9.2; 2.2.9.3). Bereits bekannt ist, dass der größte Anteil der Bildung reaktiver Sauerstoffspezies auf die mitochondriale Zellatmung fällt, wobei ROS als Nebenprodukte gebildet werden. Auf Grundlage der Bedeutung der Mitochondrien als Ursprungsort der intrazellulären ROS-Synthese wurde die mitochondriale Atmung und die beteiligten Komponenten der Elektronentransportkette auf etwaige Störungen überprüft. Durch Inhibierung der einzelnen Komplexe der Atmungskette konnte deren korrekte Funktion sowie die Sauerstoffverbrauchsrate (engl. Oxygen Consumption Rate, OCR) ermittelt werden. Die Messung der OCR erfolgte anhand ausgekeimter Konidien des Wildtyps sowie der Δ FgBox2-Mutanten, welche in Minimalmedium (s. 2.1.7) angezogen wurden. Hierbei wurden aufeinanderfolgend die basale Respiration (s. Abbildung 40; 0), ATP-Produktion (s. Abbildung 40; 1), Protonen-Fluss (s. Abbildung 40; 2), maximale Respiration (s. Abbildung 40; 2) sowie die nicht mitochondriale Respiration ermittelt (s. Abbildung 40; 3). Die Ermittlung der basalen Atmung erfolgte anhand der Bestimmung der mitochondrialen sowie der nicht-mitochondrialen Atmung. Durch die nachfolgende Zugabe von Oligomycin wurde die ATP-Synthase und mit ihr der Protonen-Fluss in die Mitochondrienmatrix inhibiert. Die Inhibierung der ATP-Synthase führt somit zum Zusammenbruch der mitochondrialen Atmung anhand derer die ATP-Syntheserate bestimmt werden kann. Für die Bestimmung der maximalen Respiration wurde die Atmungskette durch die Zugabe von Carbonylcyanid-p-trifluoro-methoxyphenylhydrazon (FCCP) entkoppelt und dadurch ein ungehemmter Einstrom von Protonen ermöglicht. Abschließend wurde durch die Zugabe von Rotenone und Antimycin die Komplexe I sowie II inhibiert und so die mitochondriale Respiration blockiert. Die verbleibende OCR konnte somit auf die nicht-mitochondriale Respiration zurückgeführt werden. Die Messergebnisse von 18 biologischen Replikaten aus drei unabhängigen Experimenten bildeten die Grundlage der Ermittlung der OCR des Wildtyps sowie der Δ FgBox2-Mutanten und ist in Abbildung 40 dargestellt.

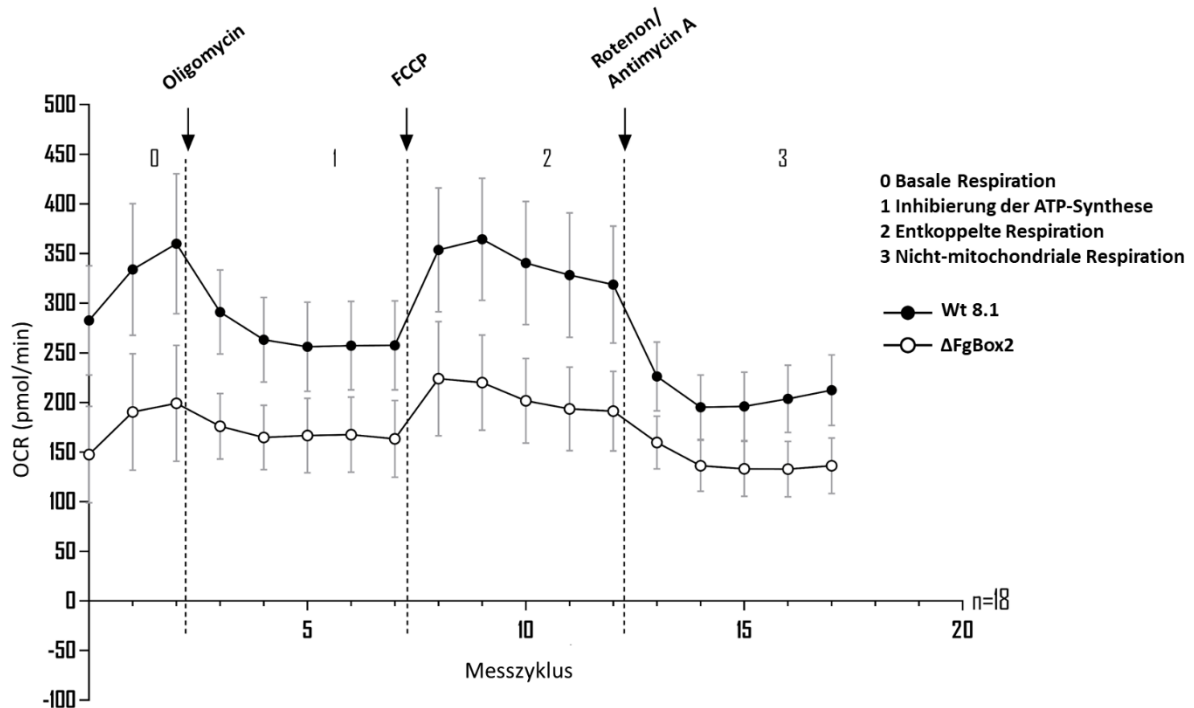


Abbildung 40: Ermittlung der Sauerstoffverbrauchsrate von Konidien des Wildtyps 8.1 und der Δ FgBox2-Mutanten. Die Δ FgBox2-Mutante zeigte eine allgemein verringerte OCR über den gesamten Messzyklus von 17 Einzelmessungen hinweg. Die Zugabe von Oligomycin (ATP-Synthase-Inhibitor) nach Messpunkt A (s. Abbildung 8; A) führt zum Absinken der Respiration des Wildtyps 8.1 und der Δ FgBox2-Mutanten. Nach Zugabe des Ionophors FCCP (Carbonyl-cyanid-p-trifluoromethoxyphenylhydrazon) nach Messpunkt B (s. Abbildung 8; B) kommt es zu einer entkoppelten Respiration und die OCR der Stämme steigt an. Die Zugabe von Rotenon und Antimycin A nach Messpunkt C (s. Abbildung 8; C) inhibiert die Komplexe I und II und führt zu einem OCR-Abfall, anhand welchem sich die nicht-mitochondrial bedingte OCR ableiten lässt. Die im Diagramm dargestellten Werte sind die Mittelwerte und Standardabweichungen von jeweils 18 biologischen Replikaten aus drei Experimenten.

Die Betrachtung der Ergebnisse in Abbildung 40 zeigte eine generelle Reduzierung der Sauerstoffverbrauchsrate über den gesamten Messzeitraum in den Δ FgBox2-Mutanten im Vergleich zum Wildtyp 8.1. Die weitere Analyse der einzelnen Inhibitions- sowie Entkopplungsschritte verdeutlichte die Unterschiede im Sauerstoffverbrauch, welche bis zu 100 % betragen. So führte die Zugabe von frischem Minimalmedium nur zu einem geringen Anstieg der basalen Respiration (s. Abbildung 40; Messpunkte 1-2) innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten. Auch die Unterschiede im Anstieg der entkoppelten Respiration durch Hinzufügen von FCCP zu den Proben war weniger ausgeprägt in den Δ FgBox2-Mutanten (s. Abbildung 40; Messpunkte 7-12). Die in dem letzten Messabschnitt 3 untersuchte nicht-mitochondriale Respiration durch die Zugabe von Rotenon und Antimycin A lag bei den Δ FgBox2-Mutanten nur geringfügig unter den für die basale Respiration ermittelten Werten (s. Abbildung 40; Messpunkte 12-17). Der Einfluss auf die korrekte Funktionsweise der Komplexe der Elektronentransportkette konnte anhand der Ermittlung der basalen

Respiration, der Inhibierung der ATP-Synthese, des Protonendurchflusses, der maximalen Respiration sowie der nicht-mitochondrialen Respiration abgeleitet werden. In diesem Zusammenhang wurden die einzelnen Aspekte der Sauerstoffverbrauchsrate berechnet.

Wie der Abbildung 41 zu entnehmen ist, gibt es signifikante Unterschiede in der basalen sowie maximalen Respiration der Δ FgBox2-Mutanten im Vergleich zur Respiration des Wildtyps 8.1. So zeigen die zum Wildtyp 8.1 normalisierten Werte der basalen sowie der maximalen Respiration eine deutliche Reduktion. Die basale Respiration steht hierbei in direkter Abhängigkeit zum ATP-Umsatz (s. Abbildung 42; ATP-gekoppelte Respiration) sowie Protonenfluss (s. Abbildung 43; Protonfluss). Das verringerte Ergebnis der basalen Respiration deckt sich daher mit der ebenfalls herunter regulierten ATP-gekoppelten Respiration sowie dem verringerten Protonfluss der Δ FgBox2-Mutanten.

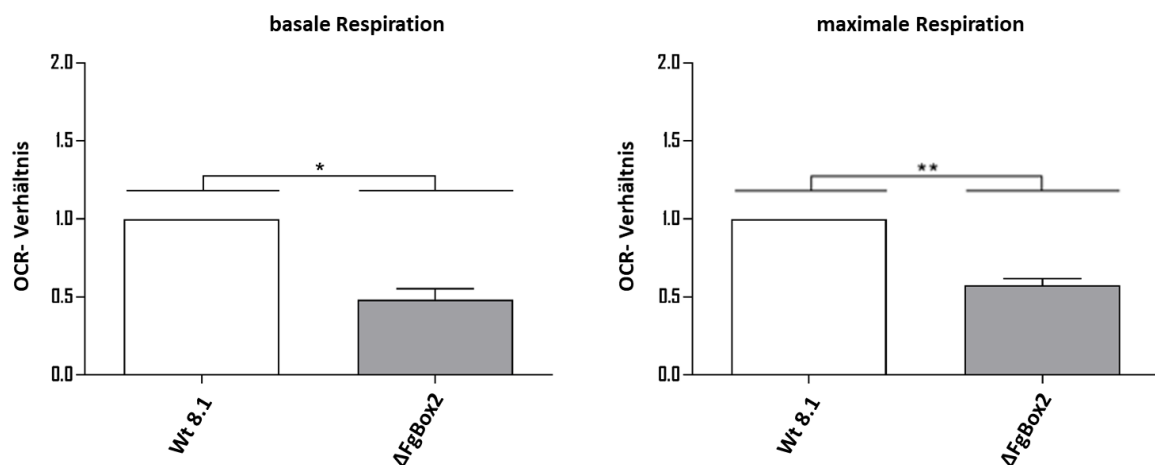


Abbildung 41: Vergleichende Bestimmung der basalen und maximalen Respiration des Wildtyp 8.1 und Δ FgBox2-Mutanten im Rahmen der Untersuchung der Sauerstoffverbrauchsrate. Die Bestimmung der basalen Respiration (A), welche sich aus nicht-mitochondrialer und mitochondrialer Respiration zusammensetzt, erfolgte nach Zugabe neuen Minimalmediums vor Messpunkt A (s. Abbildung 8; A). Für die Bestimmung der maximalen Respiration (B) wurde dem Messwert C (s. Abbildung 8; C) der enthemmten Respiration der Messwert D (s. Abbildung 8; D) der nicht-mitochondrialen Respiration abgezogen. Die Berechnung erfolgte anhand 18 biologischer Replikate aus 3 unabhängigen Experimenten, welche zum Wildtyp 8.1 normalisiert wurden. Die Fehlerbalken zeigen die Standardabweichung aller Experimente. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1.

Die Abnahme der maximalen Respiration setzte sich aus dem Verhältnis der enthemmten Respiration und der nicht-mitochondrialen Respiration zusammen und erklärt sich aus der ebenfalls deutlichen Verringerung der beiden Werte innerhalb der OCR-Bestimmung (s. Abbildung 40; 2; 3). Die in Abbildung 43 dargestellten und zum Wildtyp 8.1 normalisierten Werte für die mitochondriale und ATP-gekoppelte Respiration der Δ FgBox2-Mutanten zeigen eine signifikante Verringerung. Die mitochondriale Respiration ist hierbei im Durchschnitt um über 50 % reduziert. Die ATP-gekoppelte Respiration steht hierbei im direkten Verhältnis zur verringerten ATPase-Synthese-Kapazität.

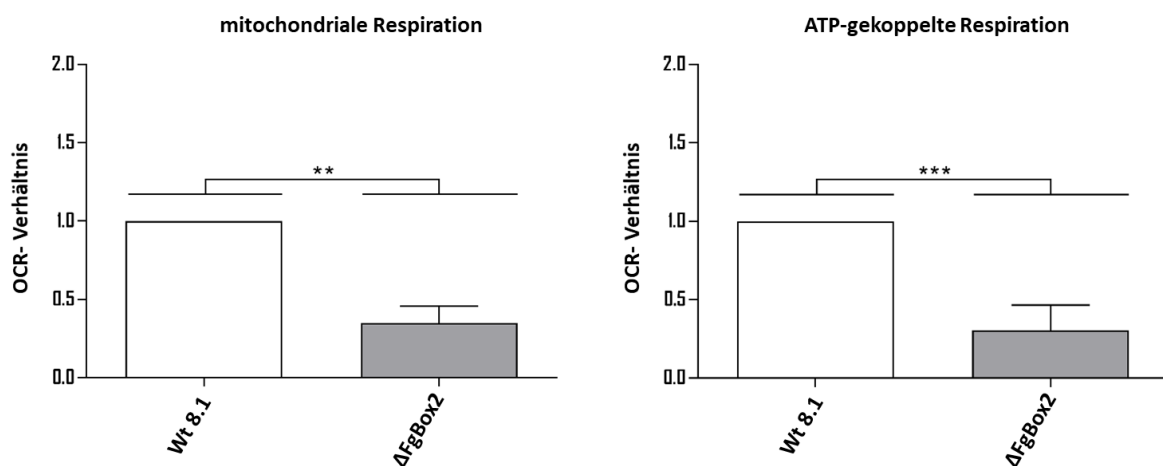


Abbildung 42: Vergleichende Bestimmung der mitochondrialen und ATP-gekoppelten Respiration des Wildtyps 8.1 und Δ FgBox2-Mutanten im Rahmen der Untersuchung der Sauerstoffverbrauchsrates. Die Bestimmung der mitochondrialen Respiration (Abbildung 8, A), welche sich aus nicht-mitochondrialer und mitochondrialer Respiration zusammensetzt, erfolgte nach Zugabe neuen Minimalmediums vor Messpunkt A (s. Abbildung 8; A). Für die Bestimmung der Maximalen Respiration (B) wurde dem Messwert C (s. Abbildung 8, C) der enthemmten Respiration der Messwert D (s. Abbildung 8, D) der nicht-mitochondrialen Respiration abgezogen. Die Bestimmung der ATP-gekoppelten Respiration erfolgte anhand der Differenz der OCR-Werte der Messpunkte A und B (s. Abbildung 8, A, B). Der Abfall der OCR nach Inhibierung der ATP-Synthese durch Oligomycin gilt als Maß für die ATP-Synthese-Aktivität in den Mitochondrien. Die Berechnung erfolgte anhand 18 biologischer Replikate aus 3 unabhängigen Experimenten, welche zum Wildtyp 8.1 normalisiert wurden. Die Fehlerbalken zeigen die Standardabweichung aller Experimente. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorielles ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1.

Die Bestimmung der zusätzlichen respiratorischen Kapazität und des Protonendurchflusses zeigte gegenläufige Ergebnisse innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten (s. Abbildung 43). So stieg die zusätzliche respiratorische Kapazität im Verhältnis zum Wildtyp 8.1 leicht an. Dieser Anstieg ist jedoch nicht signifikant. Im Gegensatz dazu wurde die Kapazität des Protonenflusses der Δ FgBox2-Mutanten um über 50 % reduziert.

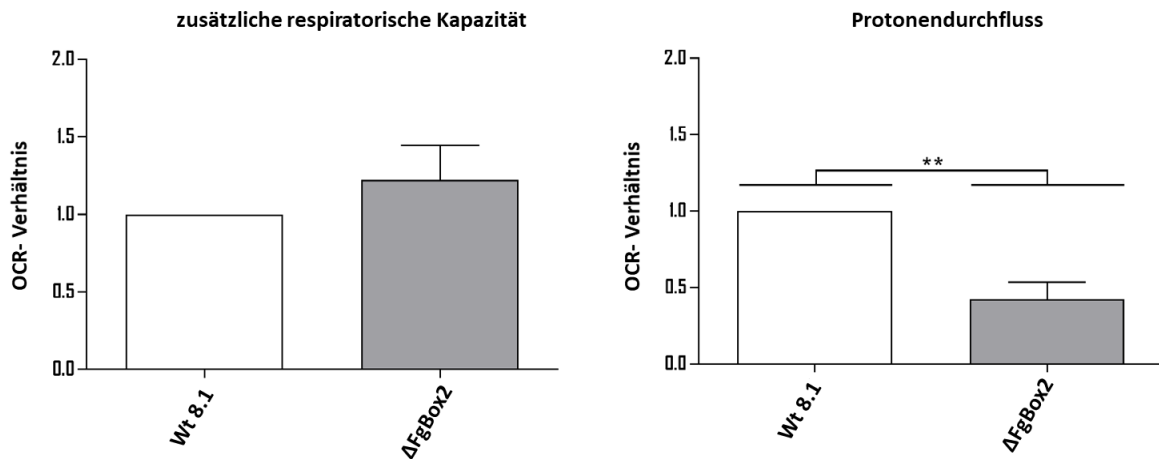


Abbildung 43: Vergleichende Bestimmung der zusätzlichen respiratorischen Kapazität und des Protonendurchflusses des Wildtyp 8.1 und Δ FgBox2-Mutanten im Rahmen der Untersuchung der Sauerstoffverbrauchsrate. Die Bestimmung der zusätzlichen respiratorischen Kapazität, welche sich aus dem Verhältnis von basaler zu maximaler Respiration zusammensetzt (s. *Abbildung 8*, A – (C - D)) gibt die Fähigkeit der Zelle an, auf einen energetischen Bedarf zu reagieren sowie die Schwelle zum theoretischen Maximum. Die Bestimmung der Protonendurchlässigkeit erfolgte über die OCR-Differenz der Messpunkte B und D (s. *Abbildung 8*, B, D). Die Berechnung erfolgte anhand 18 biologischer Replikate aus 3 unabhängigen Experimenten, welche zum Wildtyp 8.1 normalisiert wurden. Die Fehlerbalken zeigen die Standardabweichung aller Experimente. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1.

3.6.2 Untersuchung der Zellwandstabilität der Δ FgBox4-Mutanten

Auf Grundlage der auftretenden Zellwandinstabilität von Konidien der Δ FgBox4-Mutanten (s. 2.2.7.2) während der allgemeinen phänotypischen Analyse (s. 3.3) wurden Konidien sowie deren Zellwand untersucht. Dafür wurden Konidien unter Zellwandstress kultiviert (s. 2.2.7.1), Zellwände wurden markiert und im Laserscanning-Mikroskop analysiert (s.2.2.10.1), die Komponenten mittels Hochleistungsflüssigkeitschromatographie bestimmt (s. 2.2.11.1) sowie die Histologie der Zellwandbestandteile Chitin und -(1,3)- β -Glucan mittels TEM (s. 2.2.10.2) ermittelt. Die Untersuchung beinhaltete die Kultivierung unter Zellwand- Stress (s. 2.2.7.1), die konfokale Laserscanning-Mikroskopie der Fluoreszenz markierten Konidien-Zellwände (s. 2.2.10), die Analyse der Anteile der einzelnen Zellwandkomponenten mittels Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (s. 2.3.1) sowie die abschließende immunohistochemische Studie der Zellwandbestandteile Chitin und -(1,3)- β -Glucan mittels Transmissionselektronenmikroskopie (s. 2.3).

3.6.2.1 Untersuchung des Koloniewachstums nach Zellwandstress

Die Ergebnisse der Kultivierung (s. 3.3.1) des Wildtyps 8.1 und der Δ FgBox4-Mutanten auf CM-Festmedium ohne sowie mit dem anionischen Farbstoff Calcofluor White (s. 2.1.7) sind in Abbildung 44 dargestellt.

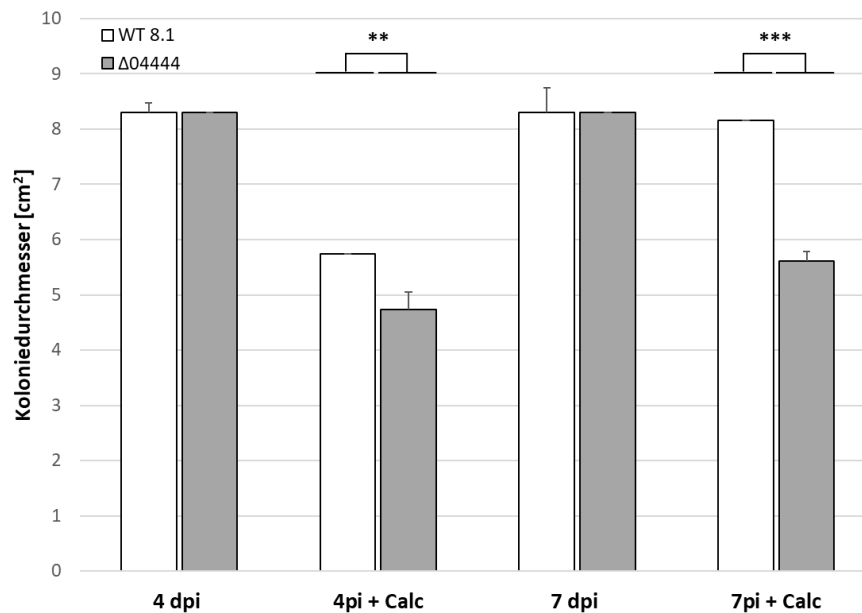


Abbildung 44: Untersuchung der Zellwand-Stresstoleranz des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutanten gegenüber Calcofluor White (50 μ g / L). Die Fehlerbalken zeigen die Standardabweichung aller Experimente. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Die Berechnung erfolgte für den Wt 8.1 und die zwei unabhängigen Mutanten anhand von drei biologischen Replikaten.

Wie der Abbildung 44 zu entnehmen ist, zeigten die Δ FgBox4-Mutanten bei Wachstum auf CM-Festmedium ohne Calcofluor White (CFW) keine Unterschiede im Koloniedurchmesser nach 4 dpi sowie 7 dpi im Vergleich zum Wildtyp 8.1. Der Vergleich der Kultivierung der Δ FgBox4-Mutanten und des Wildtyps 8.1 auf CM-Festmedium mit CFW zeigte signifikante Wachstumsunterschiede innerhalb der Koloniedurchmesser. So zeigte die Auswertung der Koloniedurchmesser nach 4 dpi eine im Vergleich zum Wildtyp 8.1 um 8 % verringerten Durchmesser. Der Vergleich der Durchmesser nach 7 dpi zeigt die verringerte Stresstoleranz gegenüber CFW noch deutlicher. Die Δ FgBox4-Mutanten wiesen im Vergleich zum Wildtyp 8.1 eine um 31 % reduzierten Koloniedurchmesser auf.

3.6.2.2 Fluoreszenzmikroskopische Analyse der Zellwandpolymere der Konidien

Das bereits beschriebene Phänomen der Zellwandinstabilität mit punktuelltem Aufbrechen der Konidienzellwand der $\Delta FgBox4$ -Mutanten (s. 3.3.4.2) wurde mittels fluoreszenzmikroskopische Visualisierung von Zellwandpolymeren weiter betrachtet (s. 2.2.10). Die mit dem Fluoreszenzfarbstoff Anilinblau gefärbte Callose der Konidien des Wildtyps und der $\Delta FgBox4$ -Mutanten wies ein deutliches blaues Fluoreszenzsignal innerhalb der Zellwände sowie den einzelnen Septen auf (s. Abbildung 45; Anilinblau). Das Aufbrechen der Konidienzellwand der $\Delta FgBox4$ -Mutanten ist deutlich sowohl im Anilinblau-Kanal wie auch TPCM-Kanal (engl. *Two Photon Confocal Microscopy*) sichtbar. Das Überlagern der beiden Kanäle zeigt dies noch deutlicher. Keine Veränderungen konnten innerhalb der Zellwandbeschaffenheit der Wildtyp-Konidie festgestellt werden.

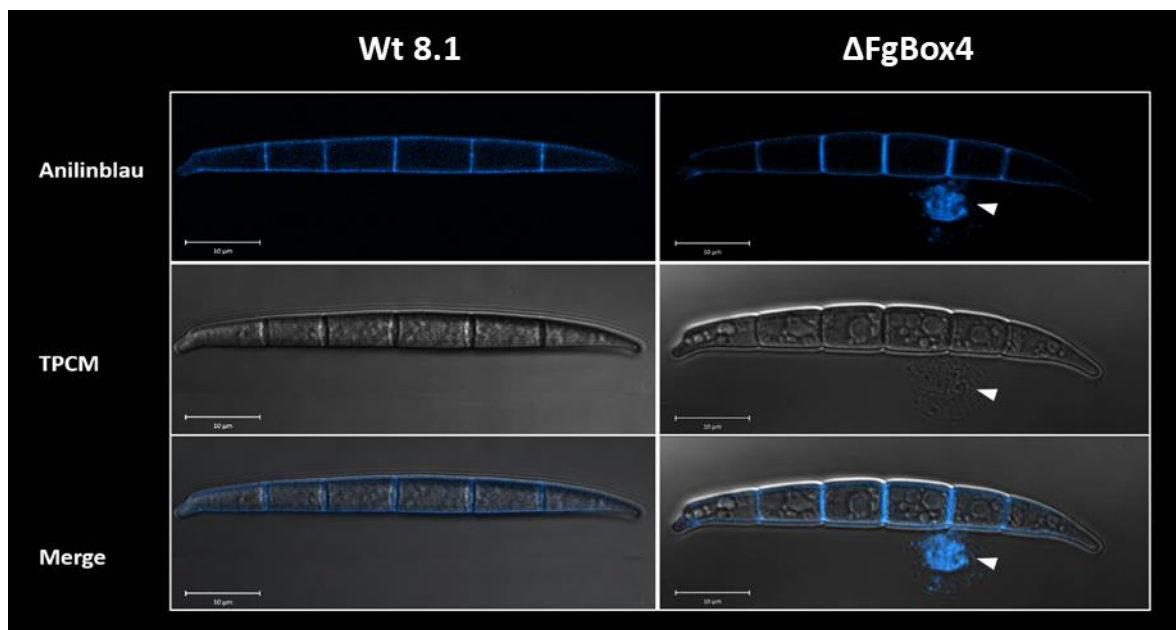


Abbildung 45: Fluoreszenzmikroskopische Analyse der mit Anilinblau eingefärbten Zellwände des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der $\Delta FgBox4$ -Mutanten. Die Lokalisation des angefärbten Zellwandbestandteils (1,3)- β -Glucan erfolgte durch die Interkalation von Anilinblau mit den in der Zellwand enthaltenen Glucanketten. Die Detektierung erfolgte über den Anilinblau-Kanal (blau dargestellt) sowie dem in grau dargestellten TPCM-Kanal (engl. *Two Photon Confocal Microscopy*) mittels des Laserscanning-Mikroskops CLSM 780 (Carl Zeiss Microscopy GmbH, D-07745 Jena, Deutschland). Die Zellwand-Instabilität und das Event des punktuellen Aufplatzens der Konidie der $\Delta FgBox4$ -Mutante in den einzelnen Kanälen wie auch der Überlagerung beider Kanäle ist deutlich zu erkennen (weiße Pfeile). Maßstab= 10 μ m.

3.6.2.3 Analyse der Zellwandkomponenten mittels HPLC

Die morphologische Charakterisierung der Konidien (s. 3.3.4.2) und die Zellwand-Stress-Analyse (s. 2.2.7.3) legt eine Störung innerhalb der Zellwand der Δ FgBox4-Mutanten nahe. Daher wurde die Zusammensetzung der einzelnen Hauptbestandteile, die monomeren Zellwandzucker Glucosamin, Galaktose, Glukose und Mannose, in der Konidien- sowie Myzelzellwand bestimmt. Die zu Monosacchariden hydrolysierten Zellwandzucker wurden hierfür mittels HPAEC-PAD quantifiziert (s. 2.3.1; 2.3.2.1). Die Auswertung der Zusammensetzung der einzelnen Monosaccharide (s. Abbildung 46) zeigte deutliche Unterschiede der Konzentration zwischen Konidien- sowie Myzelzellwand auf. Zu erkennen ist die Verschiebung des Verhältnisses von Glucosamin zu Glukose in den Konidien- sowie Myzelzellwänden.

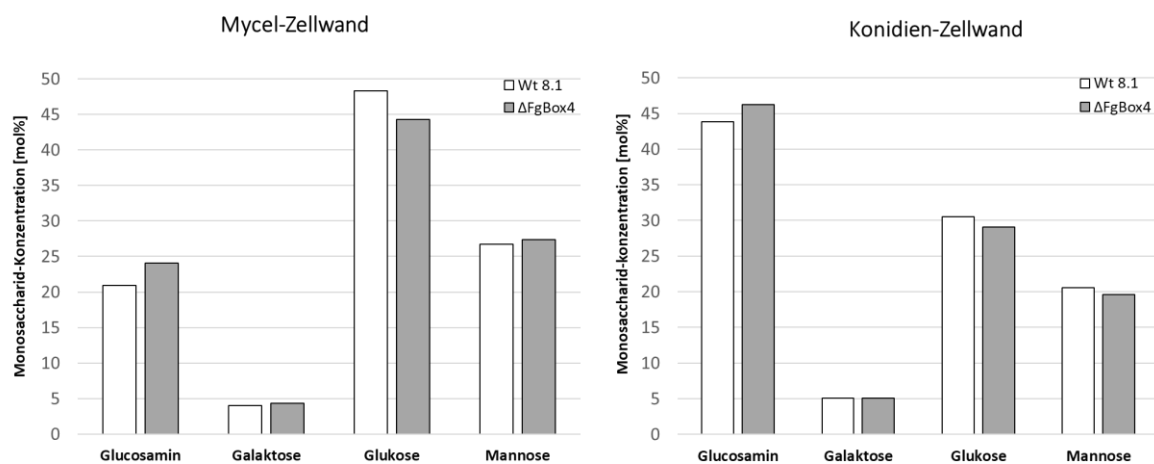


Abbildung 46: Monosaccharid-Bestimmung aus Myzel- und Konidien-Zellwandextrakten des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutanten. Die Monosaccharide Glucosamin, Galaktose, Glukose und Mannose wurden mittels chemischer Hydrolyse aus Zellwandextrakten aufgeschlossen und ihre relative Konzentration in der Zellwand mittels HPAEC-PAD analysiert. Die Werte des Wildtyp 8.1 und der zwei unabhängigen Mutanten ergeben sich aus jeweils einem biologischen Replikat aus jeweils zwei Messungen innerhalb eines Experiments.

Der Vergleich der Zusammensetzung der einzelnen Monosaccharide des Wildtyps 8.1 mit der Δ FgBox4-Mutante zeigte Unterschiede in der Menge von Glucosamin in der Konidien- sowie Myzel-Zellwand. Dabei beinhalteten die Zellwände der Δ FgBox4-Mutanten (Myzel: 24,0 %; Konidien: 46,28 %) jeweils mehr Glucosamin als der Wildtyp 8.1 (Myzel: 20,9 %; Konidien: 43,83 %). Neben dem Monosaccharid Glucosamin zeigte das Monosaccharid Glukose eine Verringerung in der Konidien-Zellwand der Δ FgBox4-Mutanten (44,3 %) im

Vergleich zum Wildtyp 8.1 (48,3 %). Die Konzentrationen an Glucosamin-, Galaktose- und Mannose ergaben keine gravierenden Unterschiede zwischen den untersuchten Pilzstämmen.

3.6.2.4 Histologie der Zellwandbestandteile Chitin und (1,3)- β -Glucan mittels TEM

Anhand der Aufnahmen mittels des konfokalen Laserscanning-Mikroskops (s. 3.6.2.2) konnten die lichtmikroskopischen Ergebnisse über das Auftreten des Phänomens des punktuellen Aufbrechens der Konidienzellwände bestätigt werden. Die Aufnahmen ließen jedoch keine Aussage über etwaige strukturelle Unterschiede zwischen der Wt 8.1- und der Δ FgBox4-Mutanten-Konidienzellwand zu. Im weiteren Verlauf sollte der strukturelle Aufbau der Konidienzellwand der Δ FgBox4-Mutanten daher genauer auf mögliche Unterschiede untersucht werden. Dazu wurden hochauflösende Aufnahmen am TEM generiert. Die Zellwandanalyse des Wildtyps 8.1 sowie der Δ FgBox4-Mutanten mittels TEM zeigte signifikante Unterschiede. Bei der allgemeinen Betrachtung des Konidienradius wiesen die Δ FgBox4-Mutanten im Vergleich zum Wildtypen 8.1 (Wt 8.1) deutlich größere Konidienquerschnitte auf (s. Abbildung 47; A).

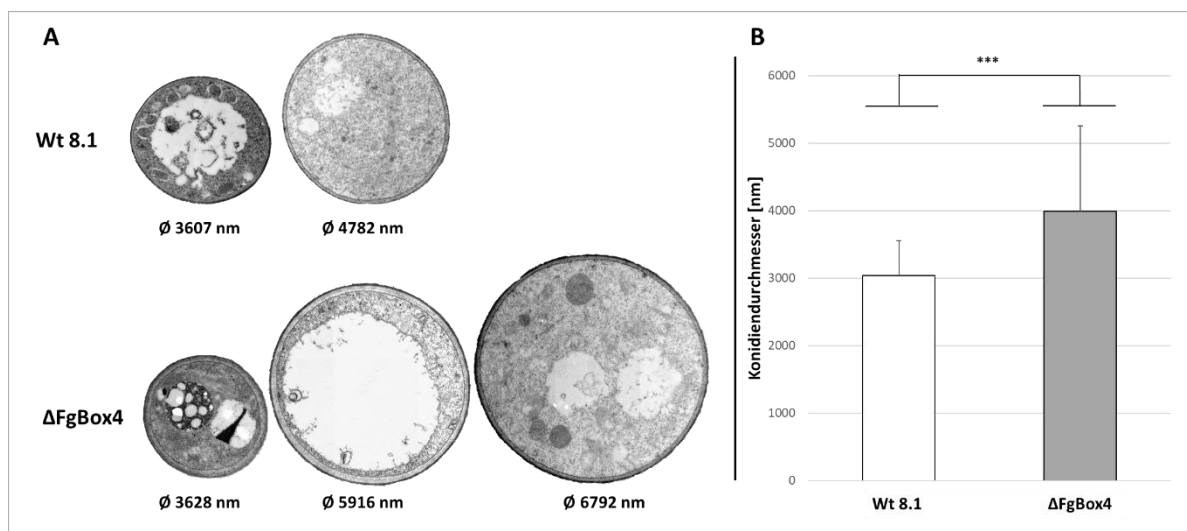


Abbildung 47: Transmissionselektronenmikroskopische (TEM) Betrachtung der Querschnitte der Konidien des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutanten.

A: Vergleich des Konidienradius (\varnothing) von Wildtyp 8.1 (Wt 8.1) und Δ FgBox4-Mutante. **B:** Auswertung des Konidienradius des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante. Die Fehlerbalken zeigen die Standardabweichung aller Experimente. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Für die Berechnung des Konidienradius wurden 60 Wildtyp-Konidienquerschnitte und 120 Δ FgBox4-Konidienquerschnitte vermessen. Die im Diagramm dargestellten Werte bilden die Mittelwerte der 60 bzw. 120 Konidienquerschnitte.

Die statistische Auswertung bestätigte das Ergebnis der vergrößerten Querschnitte und zeigte für die Δ FgBox4-Konidien einen um durchschnittlich 31,2 % größeren Konidienquerschnitt (s. Abbildung 47; B). Die Δ FgBox4-Mutanten wiesen im Vergleich zum Wildtyp 8.1 die doppelte bis dreifache Dicke der Zellwände auf (s. Abbildung 42; A). Die statistische Auswertung des Zellwanddurchmessers zeigte eine durchschnittliche Steigerung des Zellwanddurchmessers der Δ FgBox4-Mutanten um 90,2 % (s. Abbildung 48, B).

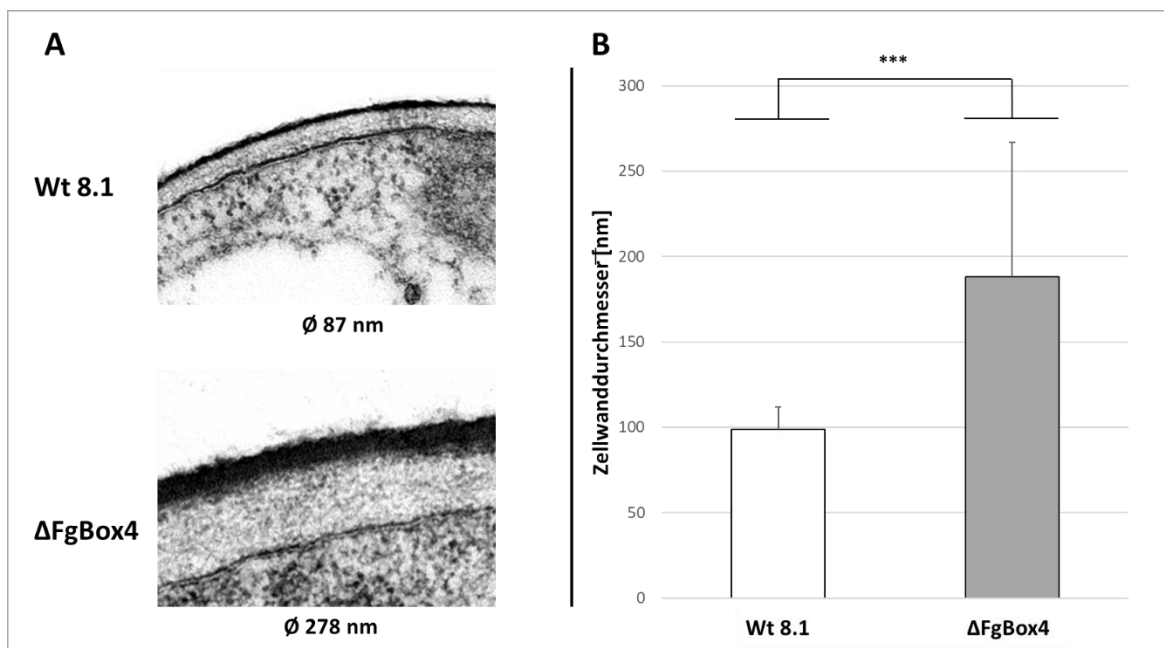


Abbildung 48: Transmissionselektronenmikroskopische (TEM) Betrachtung der Zellwände des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante.

A: Vergleichende Darstellung des Zellwanddurchmessers des Wildtyps 8.1 (Wt8.1) und der Δ FgBox4-Mutante
B: Auswertung der Zellwanddurchmesser des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ 04444-Mutante. Die Fehlerbalken zeigen die Standardabweichung aller Experimente. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Für die Berechnung des Zellwanddurchmessers wurde die Zellwand von 60 Wildtyp-Konidienquerschnitten und 120 Δ FgBox4-Konidienquerschnitten vermessen. Die im Diagramm dargestellten Werte bilden die Mittelwerte der 60 bzw. 120 Zellwanddurchmesser ab.

Die Analyse der Zellwandbestandteile (1,3)- β -Glucan und Chitin anhand der Immunogoldmarkierung mit spezifischen Antikörpern gegen Glucan und Chitin zeigte signifikante Unterschiede zwischen dem Wildtypen und der Δ FgBox4-Mutanten. So enthielten 1 μ m Zellwand des Wildtyps 8.1 durchschnittlich 38 Chitin-Goldpartikel im Vergleich zu 65 Chitin-Goldpartikeln in den Δ FgBox4-Mutanten (s. Abbildung 49; A, a). In der Analyse von (1,3)- β -Glucan wies der Wildtyp durchschnittlich elf (1,3)- β -Glucan-Goldpartikel im Gegensatz zu 35 innerhalb der Δ FgBox4-Mutanten auf (s. Abbildung 49; B,

b). Des Weiteren konnte eine Verschiebung des Verhältnis von Chitin zu (1,3)- β -Glucan bei den Δ FgBox4-Mutanten festgestellt werden. Lag dieses beim Wildtyp 8.1 bei etwa 4:1, zeigten die Δ FgBox4-Mutanten nur ein Verhältnis von 2:1.

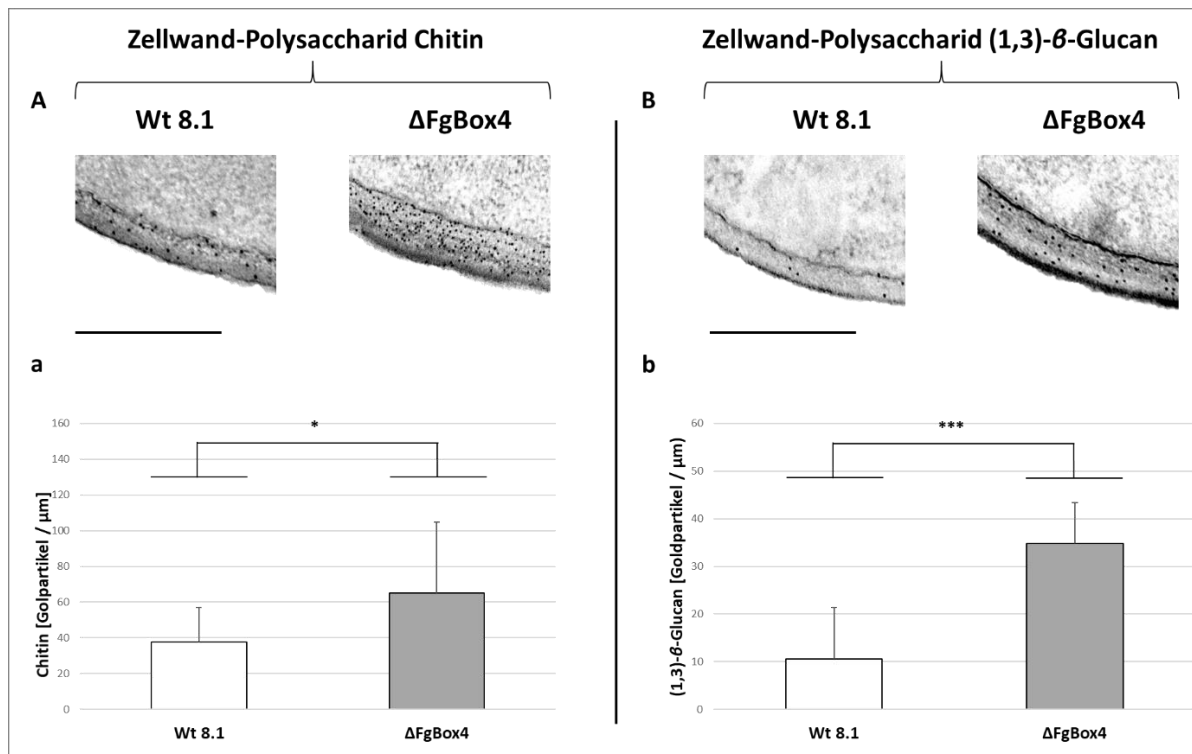


Abbildung 49: TEM-Analyse der immunogoldmarkierten Zellwand-Polysaccharide Chitin und (1,3)- β -Glucan. **A:** Immunogoldmarkierung von Chitin in den Zellwänden des Wildtyp 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante. Die an den sekundären Antikörper gekoppelten Goldpartikel erscheinen als schwarze Punkte. Die sekundären Antikörper binden an die primäre AK, die spezifisch an Chitin binden. Maßstab: 500 nm.

a: Statistische Auswertung der Immunogold-Markierung von Chitin pro μ m Zellwand des Wildtypen 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$) und nimmt Bezug auf den Wildtyp 8.1. Wt 8.1 $n = 6$, Δ FgBox4 $n = 14$.

B: Immunogoldmarkierung von (1,3)- β -Glucan in den Zellwänden des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante. Die an den sekundären Antikörper gekoppelten Goldpartikel erscheinen als schwarze Punkte und markieren eine Bindung des (1,3)- β -Glucan-spezifischen Antikörpers. Maßstab: 500 nm.

b: Statistische Auswertung der an (1,3)- β -Glucan konjugierten Goldpartikel pro μ m Zellwand des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante. Die Signifikanzanalyse erfolgte über eine einfaktorische ANOVA (ANOVA-Bonferroni-Holm, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$) und nimmt Bezug auf den Wildtypen 8.1. Für die Berechnung der Goldpartikel pro μ m Zellwand wurden für den Wildtypen jeweils sechs Konidienquerschnitte ausgewertet. Für die Δ FgBox4-Mutante wurden bei der Bestimmung von Chitin 14 und bei der Bestimmung von an (1,3)- β -Glucan acht Konidienquerschnitte ausgewertet. Pro Konidienquerschnitt wurden jeweils viermal die Goldpartikel pro μ m Zellwand bestimmt.

Während der Betrachtung der Konidienquerschnitte für die Zellwandanalyse konnten Unterschiede zwischen der Zellwand-Oberfläche des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutanten festgestellt werden. So konnte bei den Mutanten eine teilweise Lyse der äußeren Mannanschicht sowie der angrenzenden unteren Schichten bis hin zur Membran lokalisiert werden. Hierbei wurden die Zellwandbestandteile in die Umgebung

abgegeben (s. Abbildung 50; A; a, b; schwarze Pfeile). Im Gegensatz dazu zeigte keine der Wildtyp-Konidienquerschnitte dieses Phänomen der punktuellen Zellwandlyse (s. *Abbildung 50; A; a*). Die detaillierte Betrachtung der äußeren Zellwandschicht der Δ FgBox4-Mutanten wies eine Häufung von Unregelmäßigkeiten innerhalb der Beschaffenheit der Schicht auf und zeigte punktuell größere Lücken, welche bis zur nächsten Zellwandschicht reichten (s. *Abbildung 50; B; e, f, g*; schwarze Pfeile). Die Wildtyp-Zellwand zeigte diese Unregelmäßigkeiten in der Mannanschicht nicht (s. *Abbildung 50; B, d*).

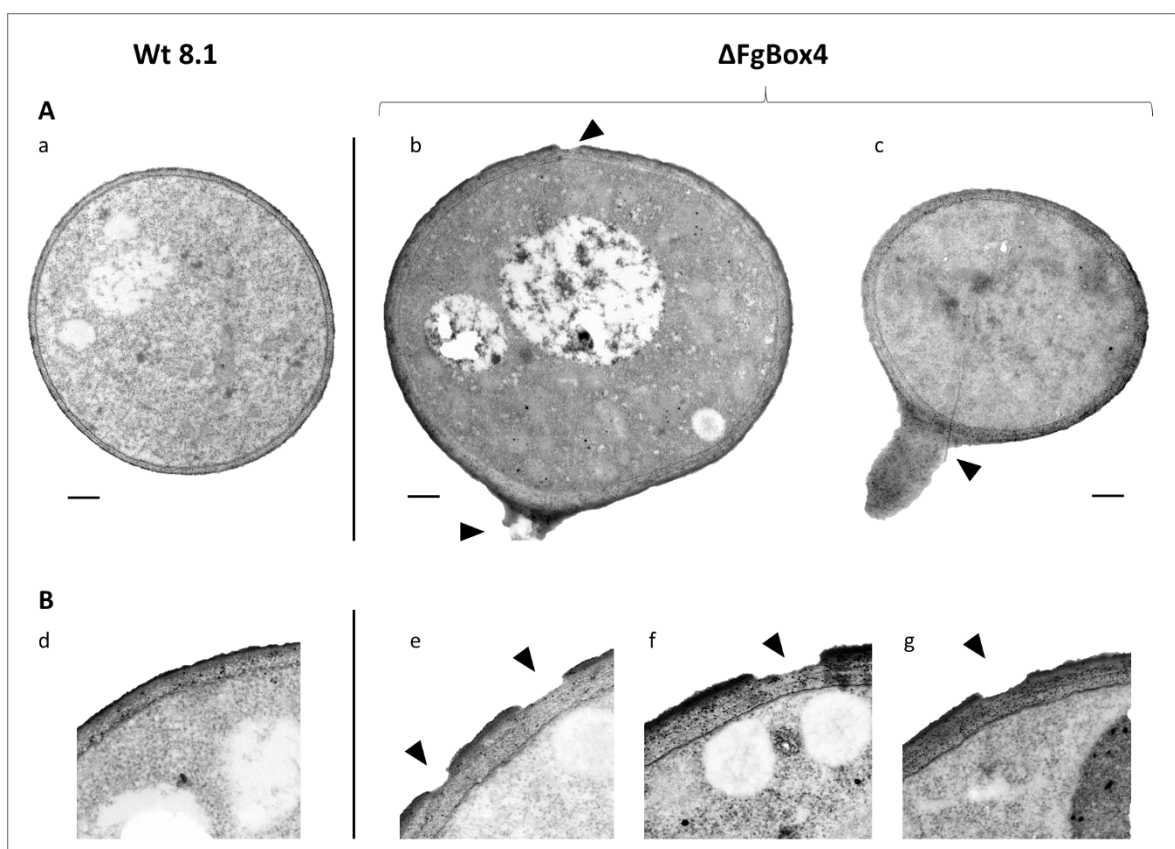


Abbildung 50: Vergleichende Analyse der äußeren Mannan-Zellwandschicht des Wildtyps 8.1 (Wt 8.1) und der Δ FgBox4-Mutante.

A: Übersichtsaufnahme der Konidienquerschnitte des Wildtyps 8.1 und der Δ FgBox4-Mutante. Die Wildtyp-Konidienzellwand (a) zeigt im Gegensatz zur teilweise lysierten Zellwand (schwarze Pfeile) der Δ FgBox4-Mutante (b, c) keine erkennbaren Unregelmäßigkeiten. Maßstab= 500 nm

B: Detailaufnahmen der Konidienzellwände des Wildtyps 8.1 und der Δ FgBox4-Mutante. Die Betrachtung der äußeren Mannanzellwandschicht der Δ FgBox4-Mutante wies punktuelle Lücken auf (e, f, g). Der Wildtyp 8.1 zeigte diese Unterbrechungen in der Mannanschicht nicht (d).

4 Diskussion

Der filamentöse Ascomycet *Fusarium graminearum* (Teleomorph: *Gibberella zeae*) ist ein bedeutendes Pflanzenpathogen, zu dessen Wirtspflanzen unter anderem Weizen und Mais zählen (Miedaner Cumagun und Chakraborty, 2008). Neben der wirtschaftlichen Bedeutung durch quantitative Ernteeinbußen kann der Pilz auch durch Mykotoxine zu gesundheitlichen Problemen bei Menschen sowie Nutztieren führen, welche belastetes Erntegut verzehren (McMullen et al., 1997; Pestka und Smolinski, 2005). Studien für ein besseres Verständnis über den Lebenszyklus und daraus resultierende Ansatzmöglichkeiten für eine bessere Kontrolle dieses bedeutenden Pathogens sind daher dringend notwendig.

Der überaus komplexe Lebenszyklus und die einzelnen Entwicklungsstadien verlangen von *F. graminearum* eine ständige Selbstorganisation sowie Regulation der zellulären Prozesse. Gesteuert wird dies durch das Zusammenspiel einer Vielzahl an Stoffwechsel- wie auch Biosynthesewegen. Von zentraler Bedeutung für die Zelle ist die Bereitstellung von Energie. Zu den beteiligten Stoffwechselwegen zählen unter anderem die Glykolyse, der Tricarbonsäurezyklus, der Glyoxylatzyklus und die Atmungskette. Die Biosynthesewege sind unter anderem in die Synthese von Zellwandbestandteilen, von Mykotoxinen bis hin zu Sekundärmetaboliten involviert. Die Aufrechterhaltung dieser Stoffwechsel- und Biosynthesewege hängt hierbei direkt mit der Verfügbarkeit spezifischer Proteine zusammen und wird einerseits durch die Proteinsynthese und andererseits durch die Proteindegradation gesteuert (Finley, 2009; Ho et al., 2006; Mitch und Goldberg, 1996;). Neueste Erkenntnisse weisen sogar auch auf eine Beteiligung von Proteinen der Stoffwechsel- und Biosynthesewege an der Virulenz und Pathogenese hin (McClelland et al., 2016). Die Regulation des Proteinumsatzes einer Zelle ist von entscheidender Bedeutung für den gesamten Organismus. Während die Regulationsmechanismen und der Prozess der Proteinsynthese seit vielen Jahren intensiv untersucht werden, ist die Erforschung des komplexen Mechanismus der Proteindegradation erst am Anfang. Im Wesentlichen werden die Proteine in eukaryotischen Zellen lysosomal und über den Ubiquitin-Proteasom-Weg abgebaut (Lecker et al., 2006). Langlebige Proteine werden durch den lysosomalen Weg, kurzlebige, essentielle Proteine durch das hoch spezifische Ubiquitin-Proteasom-System (UPS) degradiert (Glickman und Ciechanover, 2002; Lecker et

al., 2006). Die lysosomale Proteolyse intrazellulärer Proteine nimmt daher im Vergleich zum UPS eine untergeordnete Rolle ein (Lecker et al., 2006). In höheren Eukaryonten nimmt die Ubiquitin-vermittelte Degradation von regulatorischen Proteinen eine wichtige Funktion für die Kontrolle zahlreicher Prozesse, einschließlich Zellzyklus, zirkadiane Uhr, Transkription, Entwicklung, Signalübertragung und Nährstofferkennung, ein (Ciechanover, 1998). Störungen dieses Systems können dadurch dramatische Folgen für den Organismus haben (Sakamoto, 2002). Untersuchungen über die Bedeutung des UPS innerhalb der Gruppe der phytopathogenen Pilze sind selten und der Einfluss auf den Lebenszyklus wie auch die Infektion nur unzureichend bekannt. Die Komplexität des UPS und die Vielzahl an beteiligten Komponenten stellen hierbei besondere Anforderungen an die Methodik zur Funktionsaufklärung der jeweiligen Komponenten. Um die Frage nach der Bedeutung des UPS des weizenpathogenen Pilzes *F. graminearum* zu beantworten, wurde ein differentielles Transkriptom verwendet (unveröffentlichte Daten, Prof. Dr. Wilhelm Schäfer, Arbeitsgruppe Molekulare Phytopathologie, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie (IPM), Universität Hamburg), welches die Pilzgene des *in planta* Wachstums umfasst. Unter Ihnen fanden sich auch eine Vielzahl der Gene des UPS.

4.1 Identifizierung von 118 exprimierten Genen des UPS in *F. graminearum* der frühen Infektionsphase

Im differentiellen Transkriptom wurden 118 mit dem UPS assoziierte Gene während der frühen Infektionsphase in den Infektionsstrukturen oder in den Laufhyphen exprimiert. Dies deutet auf eine Aktivität des UPS während des Infektionsprozesses sowie auf die spezifische Degradation einzelner Proteine innerhalb dieser Phase hin. Zu diesen Genen gehören 22 Ubiquitin-Carboxyl-Hydrolasen Typ 1/2, 4 Ubiquitin / SUMO-aktivierende Enzyme (E1), 27 Ubiquitin-konjugierende Enzyme (E2), drei Ubiquitin-Ligasen (E3), zwei kleinere Ubiquitin-verwandte Modifikatoren (engl. ***Small Ubiquitin-like Modifier***; SUMO) und 53 F-Box-Proteine. Vergleicht man die Anzahl der einzelnen Komponenten wie der F-Box-Proteine mit der Anzahl entsprechender Proteine anderer pathogener wie auch apathogener Pilze, zeigen sich teilweise große Unterschiede. So besitzt der humanpathogene Pilz *Candida albicans* 21, die pflanzenpathogenen Pilze *Botrytis cinerea* und *Magnaporthe oryzae* 40 bzw. 11 und der saprophytische Pilz *Aspergillus nidulans* 55

F-Box-Proteine (Liu und Xue, 2011). Die allgemein hohe Anzahl von Genen, die für Enzyme und Proteine mit ähnlicher Aktivität kodieren, macht es wahrscheinlich, dass diese unterschiedliche zelluläre Funktionen einnehmen und unterstreicht die Komplexität von Prozessen, die F-Box-Proteine wie auch weitere im UPS enthaltene Komponenten benötigen (Jonkers et al., 2011). Die bisher gewonnenen Erkenntnisse bezüglich der F-Box-Proteine wie auch des SCF E3-Ligasekomplexes (Skp1, Cullin, F-Box-Proteine) stammen weitestgehend aus Studien von nur zwei Modellhefen, *Sacharomyces cerevisiae* und *Schizosaccharomyces pombe*. Darüber hinaus existiert nur eine äußerst begrenzte Anzahl an Studien, welche sich mit dem Einfluss von F-Box-Proteinen auch innerhalb anderer Pilze befassen (Liu und Xue, 2011). Studien von pflanzenpathogenen Pilzen (Atir-Lande, Gildor und Kornitzer, 2005; Butler et al., 2006; Jonkers et al., 2011; Natorff, Piotrowska und Paszewski, 1998) beschränken sich auf nur fünf F-Box-Proteine sowie deren Homologe (Grr1, CDC4, MET30, Fwd1 und Frp1) und nur für zwei dieser F-Box-Proteine, Grr1 sowie Frp1, konnte ein Einfluss auf die Virulenz beschrieben werden (Jonkers et al., 2011; Liu et al., 2011). Aufgrund der Beteiligung der F-Box-Proteine an einer Vielzahl an zellulären Prozessen und der Pathogenität (Guo et al., 2015; Jonkers et al., 2011; Liu et al., 2011) und aufgrund der Tatsache, dass das Verständnis über deren Einfluss innerhalb der Gruppe der pathogenen Pilze sich gerade erst entwickelt, wurden die F-Box-Proteine als geeignete Kandidaten für eine Deletion in *F. graminearum* ausgewählt. Die Auswahl der zwei F-Box-Proteine FgBox2 (FGSG_02552) und FgBox4 (FGSG_04444) in dieser Arbeit erfolgte anhand der jeweiligen gesteigerten Expression der entsprechenden Gene in den Infektionsstrukturen. Die Auswahl des Ubiquitin-konjugierendes Enzyms FgUbc2 (FGSG_12683) basierte auf den Erkenntnissen über die Eigenschaften des zu FgUbc2 homologen RAD6, welches unter anderem in *S. cerevisiae* wie auch *Candida albicans* an der DNA-Reparatur, der meiotischen Rekombination, der Sporulation und dem Proteinabbau beteiligt sein soll (Game et al., 1980; Jentsch, McGrath und Varshavsky, 1987; Montelone, Prakash und Prakash, 1981; Sung, Prakash und Prakash, 1990). Jedoch fokussierten sich diese Untersuchungen nicht primär auf bereits bekannte RAD6-Regulationsmechanismen sondern, richteten sich explizit auf einen etwaigen Einfluss des Ubiquitin-konjugierenden Enzyms FgUbc2 auf das Infektionsverhalten des pflanzenpathogenen Pilzes *F. graminearum* sowie auf eine mögliche Beteiligung an der Bildung der Infektionsstrukturen.

4.1.1 Differentielle Unterschiede innerhalb der Proteome der einzelnen Deletionsmutanten FgBox1, FgBox4 und FgRAd6

Anhand der Proteome der Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2 sollten etwaige betroffene Proteine, Cluster und Biosynthesewege identifiziert werden. Lag der bisherige Forschungsschwerpunkt auf der Betrachtung einzelner Proteingruppen, wie der *in vitro* und *in planta* sekretierten Proteine (Paper et al., 2007) sowie der vom Wirt produzierten Proteine (Wang et al., 2005; Zhou, Kolb und Riechers, 2005), befasste sich diese Proteomanalyse mit der Identifikation aller während der *in vitro* Kultivierung vorhandenen Proteine. Identifizierten die bisherigen Analysen nur wenige hundert Proteine (Paper et al., 2007; Zhou, Eudes und Laroche, 2006) konnten in dieser Arbeit anhand von LC-MS/MS Analysen über 4000 Proteine des *in vitro* Wachstums detektiert werden. Durch die Verwendung von vier biologisch unabhängigen Replikaten sind die erhaltenen Datensätze statistisch belastbarer und aussagekräftiger als vorherige Studien, welche für gewöhnlich nur zwei biologische Replikate verwendeten (Paper et al., 2007). Von den insgesamt 4535 detektierten Proteinen konnten im Vergleich zum Wildtypen 2858 als signifikant verändert identifiziert werden. Diese große Anzahl gibt einen ersten Hinweis über die regulatorische Bedeutung des UPS-Systems. Insbesondere der Vergleich der Mutanten untereinander offenbarte drastische Unterschiede. Zeigten die Δ FgBox4-Mutanten mit nur 134 Proteinen die geringste Anzahl an veränderten Proteinen, konnten 659 signifikant veränderte Proteine in den Δ FgBox2-Mutanten nachgewiesen werden. Die größte Anzahl zeigten die Δ FgUbc2-Mutanten mit 2065 veränderten Proteinen. Setzt man die Anzahl an signifikant regulierten Proteinen mit der phänotypischen Veränderung der einzelnen Mutanten gleich, decken sich diese Ergebnisse und zeigen eine direkte Verbindung des UPS-vermittelten Proteinumsatzes mit dem Phänotyp. Die Unterschiede in der Anzahl bei den F-Box-Deletionsmutanten im Vergleich zu den E2/Ubc2-Deletionsmutanten könnten sich aus dem Ablaufprinzip des UPS erklären. Sind die F-Box-Proteine für einen der letzten Schritte des UPS, der spezifischen Rekrutierung des zu ubiquitinierenden Zielsubstrats, zuständig, ist das E2/Ubc Protein für die Bereitstellung des Ubiquitin selbst verantwortlich (Liu und Xue, 2011). Ohne die Bereitstellung von Ubiquitin können keine Zielsubstrate mehr für die Degradation markiert oder posttranslational modifiziert werden. Ein weiterer Ansatz könnte auch das zum E2/Ubc2 (FGSG_12683)

homologe Rad6 aus *S. cerevisiae* sein. Nachgewiesen ist, dass Rad6 in *S. cerevisiae* an der Histon-Modifikation (Jentsch et al., 1987; Robzyk, Recht und Osley, 2000) beteiligt ist und unter anderem Prozesse wie das transkriptionelle Silencing des Pilzes beeinflusst (Sun und Allis, 2002). In weiteren Eukaryonten konnte gezeigt werden, dass diese Modifikationen an der zellulären Integrität, der Differenzierung, der Entwicklung (Jones und Baylin, 2002; Robertson, 2005) und dem metabolischen Stoffwechsel (Bok et al., 2006) mit verantwortlich sind. Aufgrund der Homologie des E2/Ubc2 (FGSG_12683) zu RAD6 und der offensichtlich stark beeinträchtigten Fähigkeit zur Proteinregulation wurde das Proteom der Δ FgUbc2-Mutanten auf etwaige Defizite der Histon Modifikation untersucht. Die Betrachtung des Proteoms der Δ FgUbc2-Mutanten offenbarte einen deutlich verringerten Anteil an regulierten Histonen wie H2A, H4, H2B und auch H3. Dies legt nahe, dass das Ubiquitin-konjugierende Enzym FgUbc2 als ein ebenfalls in die Histon-Modifikation involvierter Regulator angesehen werden muss. Diese Ergebnisse ließen die Vermutung zu, dass es sich bei FgUbc2 um ein Homolog des RAD6 handelt. Tatsächlich ergab ein Sequenzvergleich eine fast 50 %ige Sequenzübereinstimmung mit RAD6 (s. Anhang 7.5), was letztlich keinen Zweifel mehr daran zuließ, dass es sich bei FGSG_12683 um ein Homolog von RAD6 handelt. Da diese Bestätigung nicht nur auf der Sequenzhomologie beruht, sondern sich darüber hinaus auf signifikante Proteomdaten stützt, wird daher im Weiteren von FgUbc2 als FgRAD6 (*Fusarium graminearum* radiation-sensitive-6) gesprochen.

Die LC-MS/MS-Analyse ermöglichte des Weiteren eine genaue Aussage über die Art der Regulation. Aufgrund der Defizite im UPS und des daraus resultierenden gestörten Proteinabbaus konnten neben drastisch hochregulierten auch drastisch herunterregulierte Proteine detektiert werden. Bekannt ist, dass das UPS auf verschiedene Weise Einfluss auf die Proteinzusammensetzung der Zelle ausübt, zum einen durch den weitestgehend verstandenen Mechanismus der Proteindegradation durch das 26S-Proteasom und zum anderen durch den Mechanismus der Proteinmodifikation durch die Konjugation von Ubiquitin an das Zielsubstrat. So konnte bereits nachgewiesen werden, dass die Ubiquitinierung spezifischer an der Transkription beteiligter regulatorischer Proteine die Genexpression moduliert (Lipford et al., 2005; Varelas et al., 2006). Eine Beteiligung der Ubiquitinierung an der Transkription wurde für die Regulation der Signaltransduktion, Effektoren und die Funktion von Transkriptionsfaktoren beschrieben (Muratani und

Tansey, 2003). Unter ihnen befinden sich Ubiquitin-konjugierende Enzyme, wie das Cdc34 und auch F-Box-Proteine wie Grr1 sowie Cdc4. Für alle konnte eine Beteiligung an der Transkriptionsregulation nachgewiesen werden. So reguliert das Enzym Cdc34 unter anderem die Transkriptionsfaktoren Met4 (Kaiser et al., 2000; Rouillon et al., 2000) und Tec1 (Bao et al. 2004), wie auch den transkriptionellen Repressor Mth1 (Spielewoy et al. 2004). Auch für das F-Box-Protein Grr1 konnte wie schon bei Tec1 (Chou, Huang und Liu, 2004) und Gcn1 (Jonkers und Rep, 2009) eine regulatorische Funktion als Transkriptionsfaktor nachgewiesen werden. Gleicht man das Proteom nach verschiedenen Parametern ab, fällt unter anderem in allen Deletionsmutanten ein auffälliges Muster von differentiell regulierten Transkriptionsfaktoren auf. So finden sich in allen der drei generierten Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgRAD6 hauptsächlich hochregulierte Transkriptionsfaktoren. Dabei variierte die Intensität der Regulation sowie die Anzahl an regulierten Transkriptionsfaktoren sehr innerhalb der einzelnen Deletionsmutanten. Interessant ist, dass diese Unterschiede zwischen den beiden F-Box-Deletionsmutanten Δ FgBox2 und Δ FgBox4 deutlich geringer ausfallen, als im Vergleich zu den Mutanten des Ubiquitin-konjugierenden Enzyms Δ FgRAD6. So zeigten beide Deletionsmutanten übereinstimmend insgesamt 13 regulierte Transkriptionsfaktoren. Dem entgegen stehen 64 regulierte Transkriptionsfaktoren innerhalb der Δ FgRAD6-Mutanten. Doch nicht nur die Anzahl der regulierten Transkriptionsfaktoren grenzt die beiden F-Box-Deletionsmutanten deutlich von den Δ FgRAD6-Mutanten ab, sondern auch die Tatsache, dass sich die Anzahl an herunterregulierten Transkriptionsfaktoren deutlich von der Anzahl der herunterregulierten Transkriptionsfaktoren der Δ FgRAD6-Mutanten unterscheidet. Weist die F-Box-Deletionsmutante Δ FgBox4 keinen herunterregulierten Transkriptionsfaktor und die F-Box-Deletionsmutante Δ FgBox2 nur zwei herunterregulierte Transkriptionsfaktoren auf, finden sich gleich 14 signifikant herunterregulierte Transkriptionsfaktoren in den Δ FgRAD6-Mutanten. Die Ergebnisse lassen den Schluss zu, dass jede der deletierten Komponenten des UPS, die F-Box-Proteine FgBox2 und FgBox4 wie auch das Ubiquitin-konjugierende Enzym FgRAD6, im unterschiedlichen Ausmaß an der Regulation der Transkription in *F. graminearum* beteiligt ist.

Die Eigenschaft des primären Einflusses durch die direkte Proteindegradation wie auch der sekundäre Einfluss durch z.B. regulatorische Funktionen der Transkription auf die

Proteinzusammensetzung der Zelle gestaltet die Ermittlung einer möglichen Funktion der deletierten Genlokusse FGSG_02552 (FgBox2), FGSG_04444 (FgBox4) und FGSG_12683 (FgRAG6) schwierig. Es erklärt aber auch, warum das UPS in solch einer Vielzahl an regulatorischen Prozessen wie dem Zellzyklus, der zirkadianen Uhr, der Transkription, der Entwicklung, der Signalübertragung, der Nährstofferkennung und an der Virulenz involviert ist (Duyvesteijn et al., 2005; Jonkers und Rep, 2009; Liu et al., 2011). Aufgrund der komplexen Aufgabenstellung wurden für eine effizientere Suche nach phänotypisch relevanten Proteinen und der Fokussierung auf essentiell regulierte Proteine nur solche als reguliert betrachtet, deren Log₂-Schwellenwert über + 1,5 oder unterhalb von -1,5 lag. War das Verhältnis innerhalb der Δ FgBox4- und der Δ FgRAD6-Mutanten hierbei auf Seiten der hochregulierten Proteine, wiesen die Δ FgBox2-Mutanten eine drastische Verschiebung zu herunterregulierten Proteinen auf. Der Grund hierfür ist unklar. Die Erkenntnis, dass einzelne Komponenten des UPS auch Einfluss auf die Transkription ausüben (Muratani und Tansey, 2003), könnte jedoch eine mögliche Erklärung für die große Anzahl von herunterregulierten Proteinen bei den Δ FgBox2-Mutanten darstellen. Die erhaltenen Daten machten weitere Unterschiede auch in anderen Proteinen, Protein-Familien/Gruppen oder ganzen Biosynthesewegen bei den Deletionsmutanten wahrscheinlich und veranlassten zu einer umfassenden Analyse der 67 bekannten Sekundärmetabolit-Biosynthesewege von *F. graminearum* (Sieber et al., 2014). Die Annahme, dass die Gesamtzahl an signifikant regulierten Proteinen mit der Anzahl an regulierten Proteinen innerhalb der Biosynthesewege für sekundäre Stoffwechselprodukte korreliert, wurde durch die Δ FgBox2-Mutanten widerlegt. Sie wiesen im Vergleich sogar mehr herunterregulierte Proteine von Sekundärmetabolit-Biosynthesewegen auf als die Δ FgRAD6-Mutanten, welche anteilig die meisten signifikant regulierten Proteine bei den Deletionsmutanten aufzeigten. Die im Vergleich zu den Δ FgRAD6-Mutanten verringerte Anzahl an signifikant veränderten Transkriptionsfaktoren in Verbindung mit der erhöhten Anzahl an herunterregulierten Proteinen der Sekundärmetabolit-Biosynthese ist ein weiteres Indiz für die regulatorische Eigenschaft des F-Box-Proteins FgBox2 auf die Transkription und damit auf eine Vielzahl an Biosynthesewegen. Eine weitere Erkenntnis, die aus dem Vergleich der Proteine der Sekundärmetabolit-Biosynthesewege der Δ FgBox2- und Δ FgRAD6-Mutanten gewonnen wurde, ist die Verschiebung in Richtung hochregulierter Proteine bei den Δ FgRAD6-Mutanten. Dies deckt sich ebenfalls mit der

Gesamtproteinanzahl wie auch mit der Annahme, dass es sich bei FgRAD6 um ein Homolog von Rad6 handelt und daher eine ähnliche Funktion in der Histonmodifikation wie auch Transkriptionsregulation einnimmt. Die Ursache für die Verschiebung hin zu hochregulierten Proteinen deutet hierbei auf eine spezielle Interaktion sowie Beeinflussung der Transkription durch das Ubiquitin-konjugierende Enzym FgRAD6 hin. Die regulatorischen Eigenschaften durch eine etwaige gestörte Degradation von Transkriptionsfaktoren sowie weiteren zellulären Regulatoren innerhalb der Δ FgRAD6-Mutanten wäre somit nicht mehr gewährleistet, was zu einer erhöhten Transkription und letztlich zur Protein-Akkumulation führen würde. So gibt es Hinweise, die eine enge Verbindung zwischen der Aktivierung vieler Transkriptionsfaktoren und dessen Ubiquitinierung sowie Degradation nahelegen (Conaway, Brower und Conaway, 2002; Ottosen, Herrera und Triezenberg, 2002). Vergleicht man die Anzahl von signifikant regulierten Proteinen, welche in die Biosynthesewege der Δ FgBox2- und Δ FgRAD6-Mutanten involviert sind, mit denen der Δ FgBox4-Mutanten, deckt sich die geringe Anzahl an regulierten Proteinen mit der geringen Gesamtzahl an detektierten Proteinen. Die Hintergründe der drastischen Unterschiede in der Proteinabundanz bei den zwei deletierten F-Box-Proteinen FgBox2 und FgBox4 sind jedoch unklar. Es kann aber darüber spekuliert werden, ob es sich bei FgBox4 um ein F-Box-Protein mit einem sehr spezifisch eingegrenzten Substratspektrum handelt und der regulatorische Einfluss auf die Proteinzusammensetzung der Zelle wie auch Biosynthesewege daher sehr selektiv stattfindet. Eine Bestätigung dieser Theorie sind die im Vergleich zu den pleiotropen Phänotypen der Δ FgBox2- und Δ FgRAD6-Mutanten geringen phänotypischen Defizite bei den Δ FgBox4-Mutanten. Fasst man die gewonnenen Erkenntnisse des F-Box-Proteins FgBox2 sowie des Rad6 Homologs FgRAD6 zusammen, legen diese nahe, dass es sich bei Ihnen um essentielle regulatorische Bestandteile von *F. graminearum* handelt.

4.2 Die F-Box-Proteine FgBox2 und FgBox4 regulieren Aspekte wie Wachstum, sexuelle Entwicklung und Virulenz

Trotz einiger Studien, welche sich mit dem Einfluss einzelner F-Box-Proteine befassen (Liu und Xue, 2011), existieren bisher nur zwei Studien, welche sich mit dem Einfluss von F-Box-Proteinen in *F. graminearum* befassen (Han et al., 2007; Jonkers et al., 2011). Gaben

diese Studien zwar erste wichtige Hinweise über die Bedeutung des Ubiquitin-Proteasom-Systems bei *F. graminearum*, basierte die Auswahl der F-Box-Proteine Δ FBP1 sowie Δ Frp1 aber nur auf Sequenzhomologien zu bereits in anderen Pilzen ausgiebig studierten F-Box-Proteinen (Duyvesteijn et al., 2005; Jonkers et al., 2011; Liu et al., 2011; Butler et al., 2006). In Anbetracht dessen war der Nachweis darüber, dass die Deletion der am UPS beteiligten F-Box-Proteine FBP1 sowie Frp1 einen negativen Einfluss auf die Virulenz wie auch auf die sexuelle Entwicklung von *F. graminearum* ausübt (Han et al., 2007; Jonkers et al., 2011), interessant. Jedoch erschien dieses Ergebnis aufgrund der Erkenntnisse über den ebenfalls weitreichenden Einfluss der Homologen in anderen Pilzen nicht überraschend. Im Gegensatz zu den hier dargestellten Erkenntnissen stützen sich die Aussagen über etwaige betroffene Signalwege sowie Biosynthesewege nicht auf vergleichende Proteom-Analysen, sondern nur auf die phänotypische Charakterisierung und auf Protein-Protein-Interaktionsversuche aus dem Hefe-Zwei-Hybrid-System. Durch die Proteom-Analyse konnte die besondere Bedeutung von FgBox2 und FgBox4 für den Energiestoffwechsel, die Sekundärmetabolit-Biosynthese, die Morphologie wie auch die Pathogenität von *F. graminearum* bewiesen werden und eröffnet des Weiteren neue Erkenntnisse über das UPS im Allgemeinen und F-Box-Proteine im Besonderen über alle Forschungsfelder hinweg.

4.2.1 Charakterisierung des F-Box Proteins FgBox2

F-Box-Proteine rekrutieren die für den Abbau über das Ubiquitin-Proteasom-System bestimmten Zielproteine für den SCF-Komplex, wo sie mittels Ubiquitin für den proteasomalen Abbau markiert werden (Willems, Schwab und Tyers, 2004). Dank der Gesamt-Proteomanalyse konnte gezeigt werden, dass diese gemeinhin anerkannte Hypothese nicht für die F-Box-Proteine FgBox2 und FgBox4 zutrifft. Vielmehr werfen die Ergebnisse dieser Arbeit ein neues Licht auf die essentiellen biologischen Funktionen dieser beiden F-Box-Proteine von *F. graminearum*. Verschiedene Aspekte der Auswirkungen der Deletion beider Gene werden im Folgenden diskutiert.

4.2.1.1 Defizite des Zytoskeletts führen zu gestörter Hyphenpolarisierung in den Δ FgBox2-Mutanten

Die Deletion des F-Box-Proteins FgBox2 hatte Auswirkungen auf die Morphologie. Der Koloniedurchmesser war reduziert, allerdings kam es zu einer vermehrten Bildung von Luftmyzel. Die Neigung der Δ FgBox2-Mutanten zur vermehrten Hyphenverzweigung (engl. *Hyper branching*) weisen auf einen direkten Zusammenhang mit der vermehrten Bildung des ebenfalls stark verzweigten Luftmyzels hin. Das primär vertikal ausgerichtete Myzelwachstum sowie die verringerte horizontale Ausbreitung des Myzels könnte die Ursache für den verringerten Koloniedurchmesser sein. Studien zur Hyphenorientierung belegen, dass die Fähigkeit zur Ausrichtung der Hyphenachse Einfluss auf wesentliche Aspekte wie polarisiertes Wachstums der Hyphen, die Morphogenese und Pathogenese von Pilzen ausübt (Brand und Gow, 2009; Gow et al., 2002). So zeigten Deletionsmutanten des Kinesin-Motorproteins 7 (KipA), ein Bestandteil der molekularen Maschinerie zur Hyphenorientierung in *Aspergillus nidulans*, Probleme in der Ausrichtung beim Hyphenwachstum (Konzack et al., 2005). Neuere Studien belegten weiter, dass KipA unter der Kontrolle des F-Box-Proteins RcyA steht und eine Deletion teilweise zu abnormalen Schwellungen, Verzweigungen nahe der Hyphenspitze sowie gespaltenen Hyphenspitzen führt (Herrero, Takeshita und Fischer, 2014). Diese Erkenntnisse decken sich mit den Wachstumsphänotypen der Δ FgBox2-Mutanten und lassen Spekulationen zu, dass eine Verbindung der Wachstumsphänotypen der Δ FgBox2-Mutanten mit Störungen in der molekularen Maschinerie der Hyphenorientierung zusammenhängt. Untersuchungen, ob möglicherweise eine beeinträchtigte Regulation des KipA Homologs FGSG_01004 in *F. graminearum* für den gestörten Wachstumsphänotypen verantwortlich ist, zeigten jedoch keine Regulation von FGSG_01004 in den Δ FgBox2-Mutanten. Bei Untersuchungen zu den Kinesinmotor-Proteinen und weiteren Komponenten des intrazellulären Transportsystems konnte stattdessen eine veränderte Proteinregulation von Tubulin festgestellt werden. Tubuline bilden die essentiellen Untereinheiten der Mikrotubuli, welche ihrerseits als Hauptbestandteil des Zytoskeletts von eukaryotischen Zellen an vielen zellulären Prozessen wie der Zellteilung, der Ausbildung der Zellform, der Ziliar- oder Flagellenmotilität und beim intrazellulären Transport mitwirken (Hyams und Lloyd, 1993). Pilze verfügen im Gegensatz zu Säugetieren nur über eine geringe Anzahl an Tubulin-

Genen. So weisen die Pilze *Aspergillus nidulans* (Doshi et al., 1991), *Saccharomyces cerevisiae* (Schatz et al., 1986), *Fusarium graminearum* (Chen et al., 2009) nur jeweils zwei α - und zwei β -Tubulin-Gene auf. Für *F. graminearum* sind dies die beschriebenen β -Tubuline FgTub1 (FGSG_09530) und FgTub2 (FGSG_06611) sowie die α -Tubuline FgTubA1 (FGSG_00639) und FgTubA2 (FGSG_00397). Interessant sind die Tubuline deswegen, da sie eine wichtige Rolle beim filamentösen Wachstum spielen. Trotz kontroverser Diskussionen über den genauen Einfluss weisen immer mehr Studien darauf hin, dass Mikrotubuli essentiell für das Hyphenwachstum sowie die Aufrechterhaltung der Integrität des Spitzenkörpers bei Pilzen wie *Neurospora crassa*, *Ustilago maydis*, *Aspergillus nidulans* und *F. graminearum* sind (Fuchs, Manns und Steinberg, 2005; Horio und Oakley, 2005; Konzack et al., 2005; Seiler et al., 1997; Zhao et al., 2014). So führt die Deletion von FgTub1 und FgTub2 zu Defiziten in der Reproduktion und dem vegetativen Wachstum von *F. graminearum* (Zhao et al., 2014). Trotz umfangreicher Erkenntnisse zur Regulation der Tubulin-Biosynthese und der Bedeutung eines Tubulin-Mangels sind Studien, welche sich mit dem Effekt einer Überproduktion von Tubulin in pathogenen Pilzen befassen, nicht bekannt. Es wurde jedoch in *S. cerevisiae* gezeigt (Burke et al., 1989), dass eine Überexpression von β -Tubulin (TUB2) zu Störungen des G2-Stadiums des Zellzyklus, zu einem gehäuften Chromosomenverlust und einem Verlust von Mikrotubuli führt, was letztlich im Zelltod endet. Kein Einfluss konnte hingegen für die Überexpression von α -Tubulin (Tub1) festgestellt werden (Burke et al., 1989). Die überraschende phänotypische Übereinstimmung zwischen den β -Tubulin Deletionsmutanten und Überexpressionsmutanten lässt einen empfindlichen intrazellulären Mechanismus zur Aufrechterhaltung eines konstanten Tubulin-Levels vermuten. So gehen Burke et al. (1989) davon aus, dass die Tubulin-Regulierung in Hefezellen durch die Verfügbarkeit von α -Tubulin reguliert ist. Das α -Tubulin wird hierbei im Überschuss synthetisiert, um anschließend alle Tubuline wieder abzubauen, welche keine heterodimere Struktur eingegangen sind. Die Proteomanalyse, welche die Hochregulation aller in *F. graminearum* bekannten α - und β -Tubuline zeigte, deutete auf einen weiteren, bisher unbekanntem Regulationsmechanismus des intrazellulären Tubulin-Spiegels hin. Ein Fakt, welcher die Δ FgBox2-Mutanten sowohl für die Grundlagenforschung aber auch angewandte Agrarforschung attraktiv macht, so zum Beispiel zur Untersuchung von Tubulin und dessen Einfluss auf die Resistenz von *F. graminearum* gegenüber Fungiziden. *F. graminearum* wird

in der Regel mit dem Einsatz von Fungiziden zur Verhinderung der Ährenbleiche mit der damit einhergehenden Toxinbildung bekämpft. Der erhebliche Einsatz des Fungizids Carbendazim (engl. *Methyl Benzimidazole-2-ylcarbamate*: MBC) hat jedoch das Auftreten resistenter *F. graminearum* Populationen gefördert (Bai und Shaner, 1994; Wang et al., 2002). Die Ursache hierfür sind Punktmutationen im β -Tubulin-Gen, was zu einer veränderten Aminosäuresequenz innerhalb der MBC-Bindungsstelle führt (Chen et al., 2009; Ma und Michailidis, 2005). So wäre eine Verwendung der Δ FgBox-Mutanten im Hinblick ihrer gesteigerten Resistenz gegenüber MBC als Versuchsobjekt für die Erprobung der neusten Generation von Fungiziden interessant. Neben den veränderten Wachstums-Phänotypen wurde auch ein Verlust der Farbpigmente der Δ FgBox2-Mutanten festgestellt.

4.2.1.2 Die gestörte Aurofusarin-Biosynthese führt zur Akkumulation von Rubrofusarin in den Δ FgBox2-Mutanten

Die rote Färbung des Myzels wird hervorgerufen durch die Synthese des Naphthoquinons Aurofusarin. Das Pigment wird kontinuierlich während der Entwicklung produziert, was zu einer zunehmenden Färbung des Myzels und Mediums von weiß zu gelb, bis hin zu rot führt (Leeper und Staunton, 1984). In *F. graminearum* geht die Regulierung von dem Aurofusarin-Gencluster aus (Kim et al., 2006; Malz et al., 2005). Studien von Frandsen et al. (2006) konnten zeigen, dass einzelne Defekte gravierenden Einfluss auf die Synthese und damit Myzel-Färbung haben können. So zeigten die Deletionsmutanten der Gene FGSG_02324 (PKS12) und FGSG_02320 (aurR1) den gleichen Phänotypen von nicht pigmentiertem weißen Myzel wie das der Δ FgBox2-Mutanten. Wie die Δ PKS12- und Δ aurR1-Mutanten zeigten auch die Δ FgBox2-Mutanten ein gesteigertes Luftmyzelwachstum. Eine Steigerung des radialen Wachstums wurde hingegen nicht beobachtet (Malz et al., 2005). Die größtenteils übereinstimmenden Phänotypen der Aurofusarin defizienten Mutanten Δ PKS12 und Δ aurR1 mit denen der Δ FgBox2-Mutanten machen eine Störung der Biosynthese von Aurofusarin in den Δ FgBox2-Mutanten wahrscheinlich und weisen auf eine Beteiligung des F-Box-Proteins FgBox2 an der Aurofusarin-Biosynthese hin. Die Auswertung der Regulation der einzelnen Proteine des Aurofusarin-Biosynthese-Clusters bestätigte diese Annahme. Sie zeigte, dass die an der Biosynthese beteiligten Proteine aurO und aurF bei den Δ FgBox2-Mutanten

herunterreguliert werden, wobei die Deletion dieser Proteine die Unterbrechung der Aurofusarin-Biosynthese und die Akkumulation des Zwischenprodukts, Rubrofusarin, zur Folge hat (Frandsen et al., 2006).

Ein direkter Einfluss auf eine Infektion ist für Aurofusarin nicht bekannt (Malz et al., 2005). Es konnte jedoch nachgewiesen werden, dass es antibakterielle und fungizide Eigenschaften in *F. graminearum* ausübt (Malz, 2004). Ein indirekter Einfluss durch die antagonistische Wirkung gegenüber dem konkurrierenden Mikrobiom aus Viren, Bakterien, Protisten sowie anderen Pilzen, welche sich neben *F. graminearum* in oder auf der Wirtspflanze aufhalten (Gdanetz und Trail, 2017), könnte als ein möglicher Selektionsvorteil in Betracht gezogen werden. Die Analyse eines solchen Selektionsvorteils *in planta* gestaltet sich aufgrund der stark variierenden Mikrobiome innerhalb einer Pflanze wie auch zu anderen Pflanzen schwierig. Nachgewiesen werden konnte jedoch, dass die Virulenz der Δ FgBox2-Mutanten in der Punkt- sowie Sprühinfektion unterschiedlich stark beeinträchtigt wurde. Die verringerte Virulenz bei einer Infektion durch Aufbringen der Konidien durch Sprühen könnte hierbei in Zusammenhang mit dem Mikrobiom stehen. Das großflächige und zufällige Ausbringen der Konidien auf die Pflanzenoberfläche entspricht mehr der natürlichen Kolonisierung des Wirtes als die punktuelle Injektion von Konidien in eine Blüte. Wie bei der natürlichen Kolonisierung der Wirtspflanze stehen die Konidien auf der Wirtsoberfläche aufgrund der größeren Nische auch in Konkurrenz mit mehreren Mikroorganismen. Bei Untersuchungen von Weizen-Organellen wurden über 1100 Bakterien und 1600 verschiedene Pilz-Isolate als Bestandteil des Mikrobioms von Weizen identifiziert. In Konfrontationsstudien zeigten davon 74 Bakterien und 101 Pilze eine stark inhibierende Wirkung auf *F. graminearum* (Gdanetz und Trail, 2017). Unter den Vertretern der inhibierenden Pilze befanden sich unter anderem *Microdochium bolleyi*, *Alternaria tenuissima*, *Talaromyces trachyspermus*, *Aspergillus niger* und *Penicillium commune*. Diese hohe Anzahl von Mikroorganismen stellt einen entscheidenden Konkurrenzfaktor für die einzelnen Konidien auf der Pflanzenoberfläche dar und übt einen eventuell negativen Einfluss auf den eigentlichen Infektionsprozess aus. Im Bezug auf die Ergebnisse der Studie muss jedoch berücksichtigt werden, dass diese Inhibitionstests unter kontrollierten Laborbedingungen als Konfrontation *in vitro* wie auch im Gewächshaus durchgeführt wurden. Eine genaue Aussage darüber zu treffen, wie die Inhibition unter den natürlichen Bedingungen im Feldversuch ausfallen würde, ist daher schwierig.

Neben einer möglichen Beeinflussung des Infektionsverhaltens der Δ FgBox2-Mutanten durch die gestörte Aurofusarin-Biosynthese ist weiter durchaus interessant, dass die Proteomdaten offenlegen, dass die Störung der Biosynthese auf der Herunterregulation von aurO (FGSG_02321) und aurF (FGSG_02327) beruht. Frandsen et al. (2006) konnten zeigen, dass die Deletion von bereits einem dieser Proteine zur Unterbrechung der Aurofusarin-Biosynthese und Produktion von Rubrofusarin in *F. graminearum* führt. Es kann daher von einer erhöhten Rubrofusarin-Konzentration in den Δ FgBox2-Mutanten ausgegangen werden. Diese Erkenntnis ist dahingehend interessant, dass Rubrofusarin pharmazeutisches Potential zu besitzen scheint und dessen industrielle Produktion somit ebenfalls wirtschaftliches Potential bietet. So konnte gezeigt werden, dass Rubrofusarin die zytotoxischen Eigenschaften des Krebsmedikaments Paclitaxel gegenüber der Adriamycin-resistenten Brustkrebszelllinie MCF-7adr erhöht (Alqahtani et al., 2017) sowie direkt zytotoxisch gegenüber der Kolonkarzinomzelllinie SW1116 ist (Song et al., 2004). In Bezug auf die Krebsforschung konnte weiter gezeigt werden, dass Rubrofusarin einen inhibitorischen Effekt auf die humane DNA-Topoisomerase II- α , ein Hauptangriffspunkt für Chemotherapeutika, hat (Branco et al., 2008). Diese Eigenschaften machen Rubrofusarin attraktiv für die Entwicklung neuer Krebs- und antiviraler Medikamente. Neben dem pharmazeutischen Potenzial konnte Moreira et al., (2017) zeigen, dass Rubrofusarin aufgrund der biochemischen Eigenschaften auch als Photosensibilisator Verwendung finden könnte. Der Abgleich des Ubiquitoms der Δ FgBox2-Mutanten auf etwaige an der Aurofusarin-Biosynthese beteiligten Komponenten zeigte eine im Vergleich zum Wildtypen gesteigerte Ubiquitinierung von aurT (FGSG_02322), einer Rubrofusarin-spezifischen Pumpe. Aufgrund der gesteigerten Rubrofusarin-Biosynthese ist eine Aktivitätssteigerung der Rubrofusarin-Pumpe ebenfalls wahrscheinlich. Dies belegt auch die Studie von Frandsen et al. (2011), welche zeigte, dass die eigentliche enzymatische Prozessierung von Aurofusarin außerhalb der Zelle erfolgt und der Transport von Rubrofusarin über die Plasmamembran durch die Rubrofusarin-spezifische Pumpe vermittelt wird. Dies würde bedeuten, dass neben den bisher bekannten Transkriptionsregulatoren aurR1, aurR2 und aurJ (Kim et al., 2006; Malz et al., 2005) auch das UPS als Regulator der Aurofusarin-Biosynthese indentifiziert werden konnte.

4.2.1.3 Transkriptionsfaktor-vermittelte Zellzyklusprogression beeinflusst die asexuelle sowie sexuelle Reproduktion der Δ FgBox2-Mutanten

Bisher konnte nur für das Grr1 Homolog von *S. cerevisiae* und das Frp1 Homolog von *F. oxysporum* gezeigt werden, dass F-Box-Proteine Einfluss auf den Prozess der asexuellen und sexuellen Reproduktion in pathogenen Pilzen haben (Han et al., 2007; Jonkers et al., 2011; Liu et al., 2011). Auch die Deletion des F-Box-Proteins FgBox2 hatte Einfluss auf die asexuelle und sexuelle Reproduktion. Die asexuellen Konidien wichen teilweise deutlich von den arttypischen Phänotypen der Wildtyp 8.1 Konidien ab, welche generell schlank und sichelförmig sind und fünf bis sechs Septen ausbilden (Leslie und Summerell, 2006). Die Δ FgBox2-Mutanten produzierten längere Konidien mit einer abweichenden Anzahl an Septen. Die morphologischen Veränderungen weisen auf eine gestörte Funktion beim Reifungsprozess der Konidien hin. Die um 99 % verringerte Konidienproduktion bestätigte die Annahme, dass die Defizite der Reifung und der Bildung in Verbindung stehen und eine generelle Störung der asexuellen Reproduktion vorliegt. Die Keimungsrate der Konidien war jedoch mit denen des Wildtyps vergleichbar, was darauf hinweist, dass diese voll funktionsfähig sind. Das ungerichtete Wachsen der Primärhyphen bekräftigte die Theorie der gestörten Hyphenorientierung der Δ FgBox2-Mutanten. Da oft beide Reproduktionswege, sexuell und asexuell, betroffen sind (Jonkers et al., 2011), wurde auch die sexuelle Reproduktion der Δ FgBox2-Mutanten betrachtet. Die Induktion der sexuellen Fortpflanzung durch das Platzen von Konidien auf Weizeninternodien zeigte, dass die Δ FgBox2-Mutanten auch Defizite in der sexuellen Reproduktion aufwiesen. Dies äußerte sich in einer stark verringerten Anzahl und Größe der Perithezien, welche jedoch Ascosporen enthielten. Trotz der Fähigkeit Ascosporen zu produzieren, waren sie nicht in der Lage, diese in die Umgebung abzugeben. Aufgrund dieses Defizits in der Hauptaufgabe der Perithezien (Cavinder et al., 2012) kann darüber spekuliert werden, ob eine Kolonisierung der Pflanze ohne die gewährleistete Verbreitung der Ascosporen noch durchgeführt werden kann. Mehrere Studien, welche sich mit der funktionellen Charakterisierung von Genen der sexuellen Reproduktion befassten, klassifizierten mehrere relevante Gene mit Einfluss auf die Perithezien und Ascosporen Formierung (Lee et al., 2010; Sikhakolli et al., 2012; Son et al., 2011). Unter den Genen befinden sich 51 mit der sexuellen Reproduktion assoziierte Gene, welche alle für Transkriptionsfaktoren

kodieren (Son et al., 2011). Zehn der 51 Transkriptionsfaktoren fanden sich auch im Proteom der Δ FgBox2-Mutanten wieder. Alle zehn zeigten eine signifikante Hochregulation im Vergleich zum Wildtypen. Unter den Proteinen fanden sich das MADS-Box Protein MCM1 (FGSG_08696), zwei CBF/NF-Y Proteine (FGSG_01182, FGSG_02608), drei Zinkfingerproteine (FGSG_10716, FGSG_04134, FGSG_00477), NOT3 (engl. *Negative Regulator of Transcription subunit 3*), CP2 Protein (FGSG_06356), HMG1/HMG2 (FGSG_00729) und eine Zn(2)-C6-Pilztyp-DNA-Bindungsdomäne (FGSG_01176).

Studien in *S. cerevisiae* belegen, dass die Transkriptionsfaktoren wie MCM1 oder NOT3 in Bezug auf die Genexpression sowohl positive als auch negative regulatorische Eigenschaften vermitteln (Elble und Tye, 1991; Rottmann et al., 2003; Tuch et al., 1998). So zeigte die Überexpression des Transkriptionsfaktors MCM1 in *S. cerevisiae* Mutanten neben toxischen Effekten auch negative Auswirkungen auf den Zellzyklus und führte gehäuft zu Störungen im Übergang von der G1- zur S-Phase (Boyer et al., 2004; Espinet et al., 1995). Störungen im Zellzyklus und der G1/S-Zellzyklusprogression stehen auch im Verdacht, die Infektionsstrukturbildung und Pathogenität in *F. graminearum* DOHH-Überexpressionsmutanten zu beeinträchtigen (Hanuske-Abel et al., 1994; Martinez-Rocha et al., 2016). In *M. oryzae* wird die Initialisierung der Infektionsstrukturbildung durch den Eintritt in die S-Phase vermittelt und Störungen innerhalb des Zellzyklus werden in Verbindung mit Defiziten in der Reproduktion und Pflanzeninfektion gebracht (Saunders, Aves und Talbot, 2010). In der Säugetierzelllinie Baf-3 führte die Überexpression des ubiquitären Transkriptionsfaktors Sp1 zu einer veränderten Expression von regulatorischen Genen, des G1/S-Übergangs, wie Cylin D2, Cylin G2 und CDKN2c/p18 (Deniaud et al., 2009). In Bezug auf Cyclin zeigten die Proteomdaten die Hochregulation der Cyclin-abhängigen Proteine Kinase CDC28 (FGSG_08468) in den Δ FgBox2-Mutanten. CDC28 wird auch als der "Masterregulator" des Zellzyklus von *S. cerevisiae* bezeichnet, welche weitgehend die Mechanismen der mitotischen Bindung, der Initiierung der Knospe, der DNA-Replikation, der Spindelbildung und der Chromosomentrennung reguliert (Mendenhall und Hodge, 1998). In *S. cerevisiae* bewirkt die Überexpression von CDC28 eine Progression in der G-Phase und führt zu einem ausgeprägten asymmetrischen Zell-Wachstum (Mendenhall, Richardson und Reed, 1988). In der Säugetierzelllinie LNCaP PCa bewirkt die Überexpression des CDC28 Homologs CDK1 die Inhibition der transkriptionalen Aktivität des ebenfalls an der Zellteilung beteiligten Transkriptionsfaktors FOXO1 (Liu, Kao und

Huang, 2008). Allgemein verhalten sich die CDK-Proteingehalte während des Zellzyklus im Gegensatz zu ihren aktivierenden Proteinen, den Cyclinen, stabil. So steigen und fallen die Cyclin-Proteinspiegel des Zellzyklus und aktivieren dadurch periodisch die CDK (Evans et al., 1983; Pines, 1991). Die starken Schwankungen von solch essentiellen Regulatoren des Zellzyklus wie der Cyclin-abhängigen Kinase CDC28 und der Transkriptionsfaktoren wie MCM1, NOT3 und CBF/NF-Y verdeutlichen die Deregulation des gesamten Zellzyklus innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten. Auf Grundlage dieser Ergebnisse besteht eine Verbindung zwischen den morphologischen Veränderungen, wie der atypischen Konidienform, dem asymmetrischen Hyphenwachstum, der gestörten Reproduktion und den offenbar regulatorischen Defiziten des Zellzyklus. Aufgrund der erheblichen Beeinträchtigung der Reproduktionsmechanismen ist unter dem Gesichtspunkt der epidemiologischen Betrachtungsweise davon auszugehen, dass eine Infektion unter natürlichen Bedingungen auszuschließen ist. Die Ergebnisse der gestörten asexuellen und sexuellen Reproduktion in den Δ FgBox2-Mutanten weisen auf eine essentielle Funktion des F-Box-Proteins FgBox2 innerhalb des Reproduktionszyklus von *F. graminearum*.

4.2.1.4 Verringerte Stresstoleranz der Δ FgBox2-Mutanten gegenüber osmotischem und oxidativem Stress

Die ökologische Nische filamentöser Pilze stellt durch kontinuierliche oder plötzlich auftretende Schwankungen einzelner oder mehrerer abiotischer wie biotischer Faktoren besondere Ansprüche an den Organismus. Das daraus resultierende Ungleichgewicht von Übermaß oder Mangel einzelner Faktoren ist der Auslöser für Stress (Nagygyörgy et al., 2014). Solche Faktoren können die Nährstoffverfügbarkeit, die Osmolarität, der pH-Wert, die Temperatur, die Lichtzufuhr und das Wasser oder synthetische toxische Verbindungen sein (Schmidt-Heydt et al., 2007). Die Gruppe der phytopathogenen Pilze ist zusätzlichem Stress durch die Wirtsabwehrmechanismen wie reaktive Sauerstoffspezies (ROS) und reaktive Stickstoffspezies (RNS) ausgesetzt (Brown, Haynes und Quinn, 2009; Hampton, Kettle und Winterbourn, 1998). Nicht überraschend ist daher, dass das Genom der meisten Pilze über mehrere Gene der Katalase sowie weitere antioxidative Enzyme zur Beseitigung von H₂O₂ verfügt. Der Verlust oder Reduktion der Katalaseaktivität führt in vielen Pilzen zum verringerten Wachstum und einer erhöhten Stressempfindlichkeit (Hansberg, Salas-Lizana

und Domínguez, 2012). Aufgrund der Bedeutung von Stress für die Fitness des Organismus wurden die Δ FgBox2-Mutanten auf Ihre Stresstoleranz gegenüber gängigen Stressoren wie oxidativem Stress (Wasserstoffperoxid) und osmotischem Stress (Natriumchlorid) untersucht. Die Δ FgBox2-Mutanten zeigten hierbei im Vergleich zum Wildtyp ein verringertes Wachstum, was eine verringerte Stresstoleranz gegenüber oxidativem und osmotischem Stress in den Δ FgBox2-Mutanten zeigt. Diese verringerte Stresstoleranz kann auf Defizite in der allgemeinen Stressreaktion hindeuten, welche im Normalfall in der Aktivierung von Transkriptionsfaktoren und der Expression von Stress assoziierten Genen liegt (Nikolaou et al., 2009). Unter hyperosmotischen Wachstumsbedingungen ist das die Aktivierung der HOG (**H**igh **O**smolarity **G**lycerol) Signaltransduktion (Hohmann, 2002; Saito und Tatebayashi, 2004). Versuche mit HOG defizienten *F. graminearum* Mutanten (Δ FgOS-1, Δ FgOS-2) wiesen eine komplette Wachstumsinhibierung unter osmotischen Stressbedingungen auf (Nguyen, Schäfer und Bormann, 2012; Zheng et al., 2012). Die Hemmung des Wachstums der Δ FgBox2-Mutanten durch Natriumchlorid lassen Defizite des HOG-Antwortweges vermuten. Die Proteomanalyse der Δ FgBox2-Mutanten ergab jedoch, dass es zu keiner Veränderung der direkt in den HOG-Signalweg involvierten Proteine kommt. Reaktive Sauerstoffspezies sind für die Pflanzen-Pathogen-Interaktionen von großer Bedeutung (Torres et al., 1998). So ist eine der ersten Reaktionen der Wirtspflanze auf ein Pathogen der sogenannte oxidative Ausbruch, eine entscheidende Komponente der Abwehrreaktionen bei Pflanzen (Delledonne et al., 2001; Zaninotto et al., 2006). Auch auf Seiten der pflanzenpathogenen Pilze deuten Studien auf eine Verbindung zwischen der Virulenz und der Fähigkeit zur effektiven Reaktion auf eine oxidative Stressantwort der jeweiligen Wirtspflanze hin (Barna et al., 2012; Heller und Tudzynski, 2014). Im Fall von pathogenen Pilzen ist die Kontrolle der ROS-Konzentrationen im Kontaktbereich zwischen Erreger und Wirt von entscheidender Rolle für eine erfolgreiche Invasion. So wiesen Mentges und Bormann (2015) eine gegenüber der Laufhyphen erhöhte H₂O₂-Konzentrationen innerhalb der Infektionskissen von *F. graminearum* nach. Die Deletion der Superoxid produzierenden NADPH-Oxidasen NoxA und NoxB in *F. graminearum* führte zur Beeinträchtigung der Pathogenität (Wang et al., 2014). Für weitere Pilze wie dem biotrophem Pilz *Ustilago maydis* ist die ROS-Entgiftung ein essentieller Bestandteil zur vollständigen Virulenz (Toone und Jones, 1999). In dem nekrotrophen Grauschimmelpilz *Botrytis cinerea* konnte nachgewiesen werden, dass die Menge an ROS

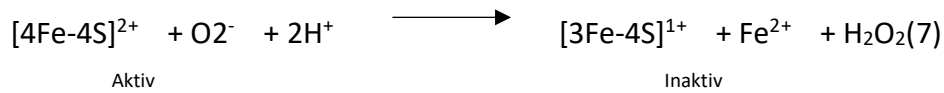
im Blattgewebe direkt mit der Infektionseffizienz korreliert (Tiedemann, 1997). Im Fall von ROS und RNS ist bekannt, dass erhöhte Konzentrationen Schäden an Lipiden, Proteinen und DNA verursachen (Beckman und Ames, 1998; Schieber und Chandel, 2014). In *S. cerevisiae* wurde nachgewiesen, dass bestimmte Proteine besonders anfällig gegenüber oxidativem Stress sind. Zu ihnen zählen mitochondriale Proteine wie die Pyruvatdehydrogenase und α -Ketoglutarat Dehydrogenase, die Aconitase, das Hitzeschockprotein 60, die cytosolische Fettsäuresynthase sowie Glyceraldehyd-3-Phosphat-Dehydrogenase (Cabisco et al., 2000). Alle Beispiele belegen, wie wichtig das ROS-Gleichgewicht und die gleichzeitige Fähigkeit zur Detoxifizierung von ROS für eine erfolgreiche Infektion bei pflanzenpathogenen Pilzen ist. Die zu Verfügung stehenden Proteomdaten der Δ FgBox2-Mutanten zeigen eine Herunterregulation der genannten stressanfälligen Proteine wie dem Hitzeschockprotein 60 (FGSG_06246) und auch der Aconitase (FGSG_07953) sowie Homaconitase (FGSG_10949). In Verbindung mit der gesteigerten Verringerung des radialen Wachstums unter oxidativen Stressbedingungen bestätigt es die Annahme einer Deregulation des Redox-Gleichgewichtes innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten. Je nach Entwicklungsstadium produziert *F. graminearum* als Stressantwort diverse antioxidative Enzyme wie Superoxid-Dismutasen (SOD), Katalasen, Peroxidasen sowie die Proteine Glutathion und Thioredoxin (Babior, 2000; Marroquin-Guzman et al., 2017; Moncada et al., 1991; Suzuki et al., 1997). Aufgrund der Katalase vermittelten Reaktion von H_2O_2 zu H_2O und O_2 ist eine Störung ihrer Synthese wie auch ihrer Enzymaktivität die wahrscheinlichste Ursache der erhöhten Empfindlichkeit gegenüber Wasserstoffperoxid. Studien von Katalase defizienten Mutanten zeigten ein vergleichbares verlangsamtes Wachstum sowie Stressempfindlichkeit (Hansberg et al., 2012).

4.2.1.5 FgBox2 ist zellulärer Regulator des Redox-Gleichgewichts in *F. graminearum*

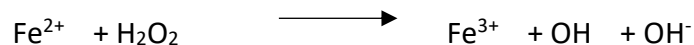
Die Untersuchung von ROS befasste sich zunächst mit dem Superoxidanion (O_2^-). Dies ist aufgrund der konstanten Bildung als Nebenprodukt des Elektronentransfers der Komplexe I sowie III innerhalb der Atmungskette (Chance, Sies und Boveris, 1979; Forman und Boveris, 1982) und in seiner Funktion als Ausgangssubstrat für die Bildung weiterer radikaler Verbindungen wie Wasserstoffperoxid H_2O_2 ein geeigneter Indikator für etwaige

Störungen des Redox-Gleichgewichtes (Loschen et al., 1974). Mittels des Redox-Farbstoffs NBT (Nitroblautetrazoliumchlorid) konnte eine Akkumulation von Superoxid in den Δ FgBox2-Mutanten festgestellt werden. Dies deutet darauf hin, dass neben der allgemeinen Verringerung der oxidativen Stresstoleranz auch ein zelluläres Redox-Ungleichgewicht vorliegt. Da Superoxid als Ausgangssubstrat für Wasserstoffperoxid fungiert, wurde dessen Konzentration in einer ergänzenden Analyse untersucht. Die ebenfalls erhöhte Konzentration an H_2O_2 bestätigte die Korrelation der beiden Moleküle wie auch die Vermutung eines Redox-Ungleichgewichts. Wie aus der NBT-Färbung ersichtlich, akkumulierte das Superoxid in der vegetativen Wachstumszone. Bekannt ist, dass es innerhalb der Wachstumszone aufgrund der gesteigerten Zellproliferation sowie des gesteigerten Stoffwechsels auch zu einer erhöhten ROS-Akkumulation kommt, diese Radikale jedoch im Allgemeinen umgehend durch das antioxidative Abwehrsystem eliminiert werden. Diese Erkenntnis deckt sich mit der verringerten Stresstoleranz gegenüber H_2O_2 und bestätigt, dass Defizite des antioxidativen Abwehrsystems zur ROS-Akkumulation in den Δ FgBox2-Mutanten beitragen. Die Proteomanalyse der Δ FgBox2-Mutanten konnte eine erhöhte Anzahl von herunterregulierten Proteinen, welche mit dem antioxidativen Abwehrsystem assoziiert werden (Asada, 1999; Noctor und Foyer, 1998; Roxas et al., 2000), in den Δ FgBox2-Mutanten aufzeigen. Fluoreszenzmikroskopische Aufnahmen des Hyphenwachstums bestätigten, dass es sowohl im Wildtyp wie auch in den Δ FgBox2-Mutanten zu einer gesteigerten Akkumulation von ROS bei der Hyphenspitzen-Elongation kommt. Die Aufnahmen zeigten auch eine im Gegensatz zur Δ FgBox2-Mutanten begrenzte Halbwertszeit sowie generell niedrigere Konzentrationen der reaktiven Sauerstoffspezies in den neugebildeten Hyphen des Wildtyps. Anhand dieser Ergebnisse kann davon ausgegangen werden, dass die Deletion des F-Box-Proteins FgBox2 direkten Einfluss auf die Regulation des Abbaus wie auch auf die Produktion reaktiver Sauerstoffspezies ausübt. Solche erhöhten Konzentrationen an reaktiven Sauerstoffspezies können Grundlage für weitere Störungen aufgrund der erhöhten Sensitivität einzelner Stoffwechsellzyme gegenüber oxidativem Stress bilden (Sweetlove et al., 2002; Tretter und Adam-Vizi, 2004). Zu dieser Gruppe von Enzymen wird auch die Aconitase gezählt, das Enzym, welches die reversible Isomerisierung von Citrat zu Isocitrat im TCA-Zyklus katalysiert (Scandroglia et al., 2014; Gardner, 2002). Die Anfälligkeit der Aconitase beruht hierbei auf der prosthetischen Gruppe [4Fe-4S], welche in Gegenwart von Superoxid

inaktiviert wird (Castro et al., 1994; Flint, Tuminello und Emptage, 1993; Gardner, Nguyen und White, 1994). Weiter wird davon ausgegangen, dass die Oxidation des Eisen-Schwefel-Clusters dessen Stabilität negativ beeinträchtigt, wodurch es zur Freisetzung eines Eisenatoms kommt, welches wiederum zu H_2O_2 reagieren kann (Gleichung).



Diese Reaktion könnte somit die Quelle der erhöhten H_2O_2 Konzentrationen bei den ΔFgBox2 -Mutanten sein. Bekräftigt wird diese Theorie durch die Herunterregulation der mitochondrialen Aconitase in den ΔFgBox2 -Mutanten. Neuste Erkenntnisse legen nahe, dass es durch das angereicherte H_2O_2 und den freien Eisenatomen des Aconitase Eisen-Schwefel-Clusters zu einer Fenton-Reaktion kommt, in Folge dessen es zur Bildung von Hydroxyl-Radikalen wie auch zum Zelltod kommen kann (Cantu, Schaack und Patel, 2009).



Die Erkenntnis, dass die Aconitaseaktivität Einfluss auf den Zelltod ausübt, deckt sich auch mit dem nachgewiesenen Transfer vermittelten Zelltod (engl. *Death after transfer*) der ΔFgBox2 -Mutanten. Durch die Deletion des katalytisch aktiven Aconitaseenzym, ACO1, in *S. cerevisiae* konnte gezeigt werden, dass neben der Aktivität im Glyoxylat-Zyklus auch ein Zusammenhang zwischen der Aconitaseaktivität und der zellulären Respiration wie auch der Glutamat-Biosynthese besteht (Gangloff, Marguet und Lauquin, 1990). Die Analyse von essentiellen Enzymen des Glyoxylat-Zyklus sowie des TCA-Zyklus in den ΔFgBox2 -Mutanten konnte diesen Zusammenhang bestätigen. So waren die Citrat-Synthase, die Isocitrat-Lyase, die Fumarat-Reduktase sowie die Malat-Synthase in den ΔFgBox2 -Mutanten herunterreguliert. Durch die hohe Anzahl an essentiellen Enzymen dieser beiden Biosynthesewege muss davon ausgegangen werden, dass dies eine starke Beeinträchtigung auf den oxidativen Abbau organischer Stoffe und die Bereitstellung von Zwischenprodukten ausübt. So sind die Zwischenprodukte wie Succinat und die Reduktionsmittel wie $\text{NADH}+\text{H}^+$ sowie FADH_2 entscheidend an der Energiegewinnung durch die Atmungskette beteiligt. Eine Beeinträchtigung des Komplexes II, der Succinat-Deyhydrogenase (SDH), welcher Succinat als Wasserstoff-Quelle und FADH_2 als Reduktionsäquivalent benötigt, ist daher wahrscheinlich. Die Proteomdaten zeigen, dass

die Succinat-Dehydrogenase in den Δ FgBox2-Mutanten mit einem Log2-Verhältnis von -1,46 herunterreguliert ist, diese jedoch anhand der t-Test-Analyse nicht als signifikant eingestuft werden kann. Ein ähnliches Ergebnis konnte für den Komplex I der NADH-Dehydrogenase mit einem Log2-Verhältnis von -1,28 nachgewiesen werden. Die Bedeutung der Succinat-Dehydrogenase in der Regulation der zellulären ROS-Homöostase durch die Produktion wie auch Elimination von Superoxid und Wasserstoffperoxid deckt sich jedoch mit den ermittelten Phänotypen der Δ FgBox2-Mutanten. Dieses Ergebnis würde eine Störung des Komplexes II bedeuten. Neben dieser direkten Funktion als Substrat der SDH fördert Succinat auch die Dissoziation von Oxalacetat, einem potenten Inhibitor der Succinat-Dehydrogenase (Gutman und Silamn, 1975). Der TCA-Zyklus liefert Reduktionsäquivalente für die ATP-Generierung in der mitochondrialen Atmungskette. Die Energiebereitstellung während der Weizenblüteninfektion von *F. graminearum* ist von zentraler Bedeutung, was sich anhand der gesteigerten Expression mitochondrialer Gene innerhalb dieser Phase ableiten lässt (Goswami et al., 2006). Der während der aeroben Atmung in den Mitochondrien stattfindende Prozess der Energiegewinnung ist innerhalb der Domäne der Eukaryoten dabei für etwa 95 % der zellulären ATP-Synthese verantwortlich (Grahl et al., 2012). Kommt es zur Unterbrechung der mitochondrialen Energiebereitstellung durch die Deletion einer NADH: Ubiquinone Oxidoreduktase (Komplex I) führt dies zu einer reduzierten Virulenz während der Weizeninfektion in *F. graminearum* (Seong et al., 2005). Die mitochondriale Respiration ist daher ein bedeutender Parameter für die pilzliche Pathogenität und die Resistenz des Wirts.

4.2.1.6 Die Δ FgBox2-Mutanten zeigen einen Einbruch der mitochondrialen Respiration

Aufgrund dessen, dass das F-Box-Protein FgBox2 zentral an der Regulation des TCA Stoffwechselweges beteiligt zu sein scheint und dieser wiederum eng verbunden ist mit der Atmungskette, wurde die Effizienz der mitochondrialen Sauerstoffaufnahme in den Δ FgBox2-Mutanten auf eine veränderte Regulation hin untersucht. Die Messung erfolgte hierbei indirekt über die Ermittlung der Abnahme von Sauerstoff im Außenmedium (engl. **Oxygen Consumption Rate**; OCR). Die Menge an aufgenommenem Sauerstoff ermöglicht es daher, die mitochondriale Aktivität zu bestimmen. Ein Verfahren, welches in *F.*

graminearum bisher nur einmal verwendet wurde (Bönnighausen et al., 2015). Für die Bestimmung der mitochondrialen Sauerstoffverbrauchsrate wurden aufeinanderfolgend einzelne Komponenten der Atmungskette gehemmt oder entkoppelt. Innerhalb der Bestimmung der OCR zeigten die Δ FgBox2-Mutanten eine um ca. 50% reduzierte Sauerstoffaufnahme. Anhand der Zugabe von FCCP, einem Protonophor, wurde die maximale Leistungsfähigkeit der mitochondrialen Atmung bestimmt. Die Differenz zwischen der initial gemessenen basalen OCR sowie der maximalen OCR erlaubt die Feststellung der mitochondrialen Reservekapazität. Trotz der deutlichen Herunterregulation der basalen und der maximalen Respiration wiesen die Δ FgBox2-Mutanten eine gesteigerte zusätzliche respiratorische Kapazität auf. Für gewöhnlich tritt dies bei Stress wie etwa ROS oder einer erhöhten Arbeitsbelastung der Zelle auf (Desler et al., 2012). Ein Ergebnis, welches mit der verringerten Stresstoleranz und der gesteigerten ROS-Konzentrationen korreliert. Alles spricht hier für eine Substratlimitierung der Komplexe der Atmungskette unter Stress. Die Hemmung der F_0 -Untereinheit der ATP-Synthase ermöglicht die Bestimmung des Anteils der ATP-Synthase am Sauerstoffverbrauch. Die ATP-Bereitstellung wurde anhand der Sauerstoffaufnahme vor und nach der Zugabe von Oligomycin gemessen (Brand und Nicholls, 2011). Die Messung der ATP-gekoppelten-Respiration zeigte einen im Vergleich zum Wildtypen ca. 50%igen Einbruch der ATP-Synthase-Aktivität in den Δ FgBox2-Mutanten. Dies bedeutet zum einen einen deutlichen Aktivitätsverlust der ATP-Synthase, welcher vermutlich mit einer verringerten ATP-Produktion einhergeht. Zum anderen bedeuten diese Daten, dass es nicht zu einem vollkommenen Zusammenbruch der ATP-Versorgung des Organismus kommt. Die Annahme einer verringerten ATP-Verfügbarkeit innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten konnte auch anhand der Proteomanalyse bestätigt werden und wies eine signifikant erhöhte Anzahl an herunterregulierten ABC-Transportern auf. Da die Aktivität solcher Transporter in Abhängigkeit zur ATP-Verfügbarkeit steht, wurden diese als indirekter Indikator für einen ATP-Mangel angesehen. Die anschließende Zugabe von Rotenton und Antimycin, welche den Komplex I- bzw. Komplex III inhibieren, zeigte zwar auch einen Einbruch der Respiration im Wildtyp, dieser war jedoch deutlich geringer als in den Δ FgBox2-Mutanten. Ein Ergebnis, das in Einklang mit den Proteomdaten steht, welche eine veränderte Regulation der NADH-Dehydrogenase in den Δ FgBox2-Mutanten zeigte. Defizite im GABA-Metabolismus führen zu einem Succinat- und NADH-Mangel (Bönnighausen et al., 2015) und

könnten dadurch Ursache der verringerten Aktivität des Komplexes I sein, welcher innerhalb der Atmungskette NADH oxidiert. Innerhalb des TCA-Zyklus werden die für die ATP-Generierung benötigten Reduktionsäquivalente produziert. Kommt es durch die Deletion des Komplexes I der Atmungskette, der NADH: Ubiquinone Oxidoreduktase, zu einer verringerten mitochondrialen Energiebereitstellung, führt dies zu einer reduzierten Virulenz während der Weizeninfektion (Seong et al., 2005). Zusätzlich zu der gestörten mitochondrialen Energiebereitstellung zeigen die Proteomdaten auch eine Deregulation von Enzymen des GABA-Metabolismus (engl. ***Gamma-Aminobutyric Acid***; GABA). Der GABA-Metabolismus ist für die Bereitstellung von Reduktionsäquivalenten und Metaboliten für den TCA-Zyklus unter Stressbedingungen verantwortlich (Bown und Shelp 1997). Defizite innerhalb des GABA-Metabolismus würden den Zustand der ohnehin gestörten Energiebereitstellung unter Stress somit weiter negativ beeinträchtigen.

4.2.1.7 Die Akkumulation von zellulären ROS übt negativen Einfluss auf das Infektionsverhalten und die Infektionskissen-Bildung der Δ FgBox2-Mutanten aus

Fusarium graminearum infiziert zwei der wichtigsten Grundnahrungsmittel dieser Welt, Mais und Weizen. In den durchgeführten Infektionsversuchen war es möglich, ein verändertes Infektionsverhalten der Δ FgBox2-Mutanten für beide dieser Kulturpflanzen nachzuweisen. So zeigten die Δ FgBox2-Mutanten eine verringerte Virulenz und waren nicht zu einer vollständigen Infektion der Wirtspflanzen in der Lage. Die Reduktion der Infektion während der Sprühinokulations-Versuche betrug im Vergleich zum Wildtypen durchschnittlich über 45 % je Weizenähre. Die genauen molekularen Mechanismen, welche zur Initiierung des Infektionsprozesses und der Infektionsstruktur-Bildung in *F. graminearum* führen, sind immer noch nicht vollends verstanden. Für ein besseres Verständnis der Genregulationsprozesse während des vegetativen Wachstums sowie der initialen Infektion wurde im Rahmen früherer Arbeiten eine cDNA-Bibliothek von RH, IC und in Kultur gewachsenen Myzel etabliert, welche aufzeigen konnte, dass es zu deutlichen transkriptionellen Unterschieden in den drei Hyphenarten kommt (Mentges et al., unveröffentlichte Daten). So zeigte die Transkriptionsanalyse einen im Vergleich zu den Laufhyphen und in Kultur gezüchteten Myzel erhöhte Genexpression von DON,

Effektorproteinen, zellwandabbauenden Enzymen, Enzymen des Energiestoffwechsels und Enzyme dem ROS-Metabolismus innerhalb der Infektionskissen. Die Proteom- und Funktionsanalysen der Δ FgBox2-Mutanten zeigten, dass es neben des gestörten ROS-Metabolismus es auch zu weiteren Beeinträchtigungen des Sekundär- wie auch Energiestoffwechsels kommt. Vieles deutet auf eine Verbindung zwischen des gestörten GABA-Metabolismus, dem Redox-Ungleichgewicht und Defiziten innerhalb des TCA oder der Atmungskette hin. Aufgrund der Rolle, welchen ROS während der Infektion hat (Segal und Wilson, 2018) und des Einflusses, welchen es auf andere zelluläre Mechanismen ausübt, scheint die Störung des ROS-Metabolismus innerhalb der Δ FgBox2-Mutanten die Hauptursache der verringerten Infektion von Mais wie auch Weizen zu sein. Darüber hinaus weisen die von den Δ FgBox2-Mutanten während des Infektionsprozesses gebildeten Infektionskissen morphologische Veränderungen in ihrer Größe und Orientierung auf. Die antibakteriellen (Malz, 2004), fungiziden (Cornforth et al., 1971) Eigenschaften von Aurofusarin lassen des Weiteren auch eine Einstufung als Virulenzfaktor zu. Defizite in der Biosynthese von Aurofusarin können zum Verlust des Selektionsvorteils gegenüber etwaigen Konkurrenten führen und somit auch negativen Einfluss auf die Virulenz der Δ FgBox2-Mutanten auf der Wirtspflanze haben. Darüber hinaus wiesen die von den Δ FgBox2-Mutanten während des Infektionsprozesses gebildeten Infektionskissen morphologische Veränderungen in ihrer Größe und Orientierung auf. Ein Zusammenhang sowie gemeinsame Ursache der ebenfalls in ihrem Wachstum sowie Orientierung gestörten Hyphen ist daher wahrscheinlich. Defizite dieser für die Infektion essentiellen Strukturen in ihrem Penetrationsverhalten haben letztlich auch negativen Einfluss auf die Virulenz der Δ FgBox2-Mutanten und lassen eine Verbindung zwischen gestörten Infektionskissen und der verminderten Infektion der Δ FgBox2-Mutanten zu. Letztlich scheint die verminderte Virulenz eine Folge der global gestörten zellulären Energieversorgung zu sein, welche auf Defiziten des TCA-Zyklus, des GABA-Metabolismus, des Redox-Gleichgewichtes und der mitochondrialen Atmung beruhen.

4.2.2 Charakterisierung des F-Box-Proteins FgBox4

Wie FgBox2 gehört auch FgBox4 der für ihre regulatorischen Eigenschaften bekannten F-Box-Protein-Familie an. Zeigten die Deletionsmutanten des F-Box-Proteins FgBox2 jedoch

eine Vielzahl an phänotypischen Veränderungen, wiesen die Deletionsmutanten des F-Box-Proteins FgBox4 im Gegensatz dazu eine deutlich geringere Anzahl phänotypischer Besonderheiten auf. So konnten keine Veränderungen des Wachstums und der Morphologie nachgewiesen werden. Eine denkbare Ursache hierfür könnte ein überaus spezifisches Substratspektrum sein, wodurch das F-Box-Protein FgBox4 nur auf einzelne zelluläre Prozesse, wie etwa die sexuelle Reproduktion oder Zellwandbiosynthese, Einfluss nehmen könnte.

4.2.2.1 Deletion des FgBox4-Proteins führt zum Zusammenbruch der sexuellen Reproduktion

Ähnlich der Δ FgBox2-Mutanten wiesen auch die Δ FgBox4-Mutanten eine Störung ihrer Reproduktion auf. Äußerte sich dies bei den Δ FgBox2-Mutanten sowohl in Störungen der sexuellen wie auch asexuellen Reproduktion, wiesen die Δ FgBox4-Mutanten nur Defizite innerhalb der sexuellen Reproduktion auf. Im Vergleich zur verringerten Perithezienbildung bei den Δ FgBox2-Mutanten zeigten die Δ FgBox4-Mutanten eine komplette Hemmung in der Bildung dieser Reproduktionsstrukturen. Wie im Fall der Δ FgBox2-Mutanten konnte auch bei den Δ FgBox4-Mutanten eine veränderte Regulierung des Transkriptionsfaktors CBF/NF-Y und des zur MAD-box-Familie zugehörigen Proteins FgMCM1 nachgewiesen werden. Diese Übereinstimmung legt nahe, dass der ebenfalls erhöhte Titer des FgMCM1-Proteins in den Δ FgBox4-Mutanten ähnliche regulatorische Auswirkungen auf die Reproduktion durch Beeinflussung des Zellzyklus ausübt. Da sich dieser Einfluss jedoch nur auf die sexuelle Reproduktion beschränkt ist unklar, ob bei den Δ FgBox2-Mutanten ein weiterer bisher unbekannter Regulator existiert, welcher zusätzlichen Einfluss innerhalb der asexuellen Reproduktion hat. Der Unterschied von der teilweisen hin zur vollständigen Hemmung der Perithezienbildung bei den Δ FgBox2- und Δ FgBox4-Mutanten könnte auf regulatorischen Eigenschaften der hochregulierten Proteine CBF/NF-Y und FgMCM1 beruhen.

4.2.2.2 Gesteigerte α -Glucanase-Aktivität beeinflusst die Zellwandstabilität der Δ FgBox4-Mutanten

Die Zellwand ist ein bedeutender Faktor innerhalb des Lebenszyklus filamentöser Pilze. (Free, 2013; Gow et al., 2017). Durch die essentielle Rolle, welche die Zellwand während der Wirtsinfektion in den Prozessen der Adhäsion an den Wirtsorganismus, der Penetration, und dem Schutz vor wirtsspezifischen Abwehrmechanismen einnimmt (Free, 2013), kann sie als wichtiger Virulenzfaktor angesehen werden. Defizite der Zellwand können dramatische Auswirkungen auf den gesamten Organismus haben.

Innerhalb der Zellwandanalyse der Δ FgBox4-Mutanten wurden morphologische Veränderungen und eine verringerte Zellwandstabilität der Konidienzellwände festgestellt. Die Konidien der Δ FgBox4-Mutanten wiesen im Vergleich zum Wildtyp 8.1 eine durchschnittliche Steigerung des Zellwand-Durchmessers um 90,2 % auf und zeigten unter geringem physikalischen Druck Defizite der Zellwandintegrität. Die Hauptaufgabe der als schützende Barriere gegen chemische und mechanische Einwirkungen, die Aufrechterhaltung der zellulären Form sowie der Integrität (Gastebois et al., 2009) ist somit in den Δ FgBox4-Mutanten nicht mehr gewährleistet. Aufgrund der Anzeichen einer systemischen Störung der Zellwand wurde die Widerstandsfähigkeit gegenüber chemischen Einwirkungen ermittelt. Wie bereits bei anderen Zellwand defizienten Mutanten von *S. cerevisiae* und *C. albicans* (Ram und Klis, 2006) zeigten auch die Δ FgBox4-Mutanten eine verringerte Stresstoleranz gegenüber dem chemischen Zellwand-Stressor Calcofluor white (CFW). Durch die maßgebliche Beteiligung der Zellwandpolysaccharide an der Zellwandmorphologie und der strukturellen Integrität (Grün et al., 2005) sind Defizite bei diesen Strukturen als Ursache der verringerten Zellwandstabilität anzunehmen. Von *F. graminearum* ist nur die chemische Komposition der Hyphenzellwand bekannt (Barbosa und Kimmelmeier, 1993). Durch den Vergleich mit der Zellwand des Modellorganismus *Saccharomyces cerevisiae* (Orlean, 2012) und verschiedener anderer Ascomyceten (Free, 2013; Latgé und Beauvais, 2014) kann der allgemeine strukturelle Aufbau pilzlicher Zellwände jedoch in eine innere sowie äußere Schicht aufgeteilt werden (Gow et al., 2012). Die innere Schicht, bestehend aus einem faserigen Netzwerk von Kohlenhydratpolymeren, bildet das dehnbare sowie zugleich robuste Kerngerüst, auf dem sich die äußere Schicht aus diversen Proteinen sowie Oberflächenkomponenten befindet (Gow et al., 2017). Als

mögliche betroffene Zellwandpolysaccharide kommen aufgrund ihrer Bedeutung als strukturgebende Schicht alle Hauptkomponenten des Kerngerüsts in Frage. Zu ihnen werden die Polysaccharide (1,3)- β -Glucan, (1,6)- β -Glucan und Chitin (Fontaine et al., 2000; Pérez und Ribas, 2013) gezählt. Die Proteomanalyse zeigte in diesem Zusammenhang jedoch nur zwei signifikant hochregulierte α -Glucanasen bei den Δ FgBox4-Mutanten, die aber durch die Eigenschaft der enzymatischen Spaltung von α -glykosidischen Verknüpfungen in keiner direkten Verbindung mit β -Glucan stehen. Das Vorkommen dieser hochregulierten α -Glucanasen in Verbindung mit der gestörten Zellwandstabilität der Konidien der Δ FgBox4-Mutanten weist daraufhin, dass sich neben den bereits bekannten Polysacchariden auch α -Glucan in der Zellwand von *F. graminearum* befinden könnte. Bisher wurde dieser Nachweis der Existenz von α -Glucan in der Zellwand von *F. graminearum* nicht erbracht. Gestützt wird diese Vermutung durch eine Zellwandstudie (Fukamizo et al., 1996) der verwandten Art *Fusarium oxysporum*, bei der α -1, 4-verknüpfte Glucanketten (Maltose) als Polysaccharidkomponente in der Zellwand gefunden wurden. Ist die chemische Struktur und die Biosynthese von Polysacchariden wie β -Glucan und Chitin bereits ausführlich untersucht (Grün et al., 2005), können darüber im Fall von α -Glucan nur Vermutungen angestellt werden. Bekannt ist jedoch, dass α -Glucan teilweise erheblichen Anteil an der Gesamtmasse der Zellwand hat. Bei *Schizosaccharomyces pombe* liegt dieser Anteil bei 28 % (Bacon et al., 1968; Bush et al., 1974). Ein weiterer Hinweis, dass α -Glucan in der Zellwand vorkommt liefert der morphologische Vergleich der Δ FgBox4-Mutante mit der Deletionsmutante *ags1-1^{ts}* von *S. pombe* eine α -Glucan Biosynthese defiziente Mutante (Hochstenbach et al., 1998). So zeigten die *ags1-1^{ts}* Deletionsmutanten im Gegensatz zum Wildtypen eine um das Dreifache geringere α -Glucan-Konzentration in der Zellwand sowie Defizite in der Temperaturtoleranz. Die Temperatursensitivität äußerte sich in Abhängigkeit zur Temperatur in morphologischen Veränderungen wie auch der Zellyse. Das gleiche Phänomen einer verringerten Temperatursensitivität und der Lyse der Zellwand konnte für die Δ FgBox4-Mutanten nachgewiesen werden (s. Anhang 7.4). Eine mögliche Erklärung für die Tatsache, dass das Phänomen der Zellwandinstabilität bisher nur bei den Konidienzellwänden der Δ FgBox4-Mutanten beobachtet werden konnte, gibt eine Studie von Garcia et al. (2006). In dieser Studie konnte gezeigt werden, dass sich zwar das Verhältnis von β -Glucan zu α -Glucan in den vegetativen Zellen von *S. pombe* auf Seiten des β -Glucans befindet (55 % gegenüber 28 %), dieses sich jedoch bei den Konidien zu

Gunsten des α -Glucan verschiebt (46 % gegenüber 38 %). Ist dies ebenfalls bei *F. graminearum* der Fall, würden Defizite des α -Glucans die Zellwände der Konidien deutlich intensiver betreffen als die Zellwände der Hyphen. Der Vergleich transmissionselektronenmikroskopischer Aufnahmen von Hyphen und Konidien der Δ FgBox4-Mutanten konnte diese Annahme bestätigen und zeigte keine signifikanten Auffälligkeiten bei den Zellwänden der Hyphen. Fasst man diese Erkenntnisse zusammen, kann nicht nur von der Existenz von α -Glucan in der Zellwand von *F. graminearum* ausgegangen werden, sondern auch davon, dass α -Glucan wie in *S. pombe* wesentlich an der Aufrechterhaltung der zellulären Integrität der Konidienzellwand beteiligt ist. Durch die Bedeutung, die dem α -Glucan wahrscheinlich in der *F. graminearum* Zellwand zukommt, ist anzunehmen, dass α -Glucan auch Einfluss auf eine erfolgreiche Infektion der Wirtspflanze ausübt und somit als ein weiterer Virulenzfaktor angesehen werden kann.

Neben der veränderten Zellwandarchitektur zeigte das Ubiquitom eine im Vergleich zum Wildtypen erhöhte Anzahl an ubiquitinierten Aktin (FGSG_07335) in den Δ Fg-Box4-Mutanten. Das Aktinzytoskelett ist am polaren Wachstum der Hyphen, dessen Verzweigung und der Entstehung des Myzelnetzwerks, wie dem zellulären Transport innerhalb von filamentösen Pilzen beteiligt (Pollard und Cooper, 2009). Ein möglicher Mangel an essentiellen Zellwandbestandteilen durch einen gestörten Aktin-vermittelten Transport könnte hierbei negativen Einfluss auf die Biosynthese der Zellwand und dadurch Zellwandarchitektur ausüben.

4.2.2.3 Die verminderte Zellwandstabilität übt negativen Einfluss auf die Infektion der Δ FgBox4-Mutanten auf Weizen und Mais aus

Aufgrund der gestörten Zellwandstabilität der Δ FgBox4-Mutanten, welche in Verbindung zur veränderten Zellwandarchitektur steht, wurde auch die Fähigkeit zur Infektion überprüft. Aus anderen Pilzen ist bekannt, dass die Zellwand entscheidenden Einfluss auf die Infektionseffizienz hat. So zeigen beispielsweise die virulenten Hefeformen der dimorphen Pilze *Histoplasma capsulatum* (Kanetsuna et al., 1974; Klimpel und Goldman, 1988; Rappleye et al., 2004), *Blastomyces dermatitidis* (Hogan und Klein, 1994) und *Paracoccidioides brasiliensis* (San-Blas und San-Blas, 1977) im Gegensatz zu ihren avirulenten Myzelformen oder avirulenten Mutanten eine signifikant höhere

Konzentration an α -Glucan (35-46 %) in der Zellwand. Für eine in ihrer α -Glucan Konzentration erhöhten *P. brasiliensis* Mutante konnte des Weiteren nachgewiesen werden, dass diese Mutante im Vergleich zum Wildtyp-Stamm eine gesteigerte Virulenz aufzeigte (San-Blas und San-Blas, 1977). Das Virulenzverhalten der Δ FgBox4-Mutanten bestätigte die Annahme, dass die verringerte α -Glucan-Konzentration in der Zellwand negativen Einfluss auf das Infektionsverhalten ausübt. Erstaunlich ist hierbei die Tatsache, dass für die Δ FgBox4-Mutanten sowohl ein avirulenter Phänotyp auf Mais wie auch ein virulenter Phänotyp auf Weizen nachgewiesen werden konnte. Generell infiziert *F. graminearum* gleichermaßen Weizen und Mais, was sich in der Symptomatik der Ährenbleiche (engl. *Fusarium head blight*; FHB) sowie der Kolbenfäule (engl. *cob rot*) äußert (McMullen et al., 1997). Der Phänotyp der selektiven Virulenz, wie er bei den Δ FgBox4-Mutanten auftritt, ist selten. Für *F. graminearum* ist er bisher nur für Δ Fgac1, einer Adenylatcyclase (FGSG_01234) defizienten Mutante, beschrieben (Bormann et al., 2014). Die in der Bildung der Infektionskissen gestörte Δ Fgac1 zeigte jedoch nicht wie die Δ FgBox4-Mutanten auf Mais, sondern Weizen einen avirulenten Phänotypen. Die Tatsache, dass sich die Zusammensetzung der pflanzlichen Zellwand bei verschiedenen Zelltypen sowie Arten signifikant unterscheidet (Hazen et al., 2003), gestaltet auch den Infektionsprozess je nach Wirtspflanze einfacher oder komplexer. Ein Ergebnis, welches durch die offenbar unterschiedlichen Infektionsstrategien von *F. graminearum* bei den Wirtspflanzen Weizen und Mais bestätigt wird. So ist Δ Fgac1 trotz des Verlustes der für die Weizeninfektionen essentiellen Infektionskissen und des Mycotoxin Deoxynivalenol zur erfolgreichen Maisinfektion in der Lage (Bormann et al., 2014). Aufgrund der Fähigkeit zur Infektion von Weizenpflanzen sowie mit dem Wildtyp vergleichbaren Infektionsstrukturen der Δ FgBox4-Mutanten scheint der avirulente Phänotyp auf Mais somit nicht in Verbindung mit eventuellen Störungen der Infektionskissen, bedingt durch Defizite der Zellwandstabilität, zu stehen. Im Gegensatz zur Weizeninfektion (Boenisch und Schäfer, 2011) ist der exakte Infektionsverlauf von *F. graminearum* bei Mais unklar. Es gibt jedoch Hinweise dafür, dass *F. graminearum* die Maiskolben über die Maisgriffel infiziert und sich darüber von unten her kommend bis zu den Karyopsen ausbreitet (unveröffentlichte Daten, Prof. Dr. Wilhelm Schäfer, Arbeitsgruppe Molekulare Phytopathologie, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie (IPM), Universität Hamburg). Eine genaue Aussage über etwaige betroffene Mechanismen innerhalb der Δ FgBox4-Mutanten

während der Maisinfektion zu treffen, ist daher äußerst schwierig. Bekannt ist aber, dass Mais über eine Vielzahl an Pflanzenabwehrmechanismen verfügt. Infektionsstudien von *F. graminearum* auf Mais zeigen, dass es zu einer erhöhten Produktion von PR-Proteinen (engl. *Pathogenesis-Related Proteins*), Peroxidasen, GLPs (engl. *Germin-like Proteins*), Zellwandlysierenden Proteinen und reaktiven Sauerstoffspezies innerhalb der Abwehrreaktion der Maispflanze kommt (Campo et al., 2004; Pechanova und Pechan, 2015; Shen et al., 2018). Insbesondere die zellwandlysierenden Proteine und ROS könnten eine mögliche Ursache der Avirulenz auf Mais sein, da deren direkter Angriffspunkt die Zellwand ist. Zusätzlicher Zellwandstress auf die bereits geschwächte Zellwand der Δ FgBox4-Mutanten könnte letztlich zum Zusammenbruch der Zellintegrität und zum avirulenten Phänotypen auf Mais führen.

4.3 Nachweis globaler Defizite der Δ FgRAD6-Mutanten auf die Aspekte Wachstum, sexuelle Entwicklung und Virulenz

Im Gegensatz zu den Genloci FGSG_02552 und FGSG_04444, welche für zwei der F-Box-Proteine von *F. graminearum* kodieren, wurde mit dem Genlokus FGSG_12683 ein Gen ausgewählt, das für eines der Ubiquitin-konjugierenden Enzyme (E2/Ubc2) kodiert. Aufgrund von Sequenzanalysen des Gens FGSG_12683 war es möglich, dieses als ein Homolog des Gens RAD6 (engl: *Radiation sensitivity protein6*) von *Saccharomyces cerevisiae* zu identifizieren, welches für das 172 Aminosäure lange Ubiquitin-konjugierende Enzym (E2/Ubc2) kodiert (Jentsch et al., 1987; Reynolds, Weber und Prakash, 1985). RAD6 liegt in Eukaryoten hochkonserviert vor und besitzt die Fähigkeit zur Komplex-Bildung mit Ubiquitin-Ligasen (Bailly, Prakash und Prakash, 1997). Aus *S. cerevisiae* ist bereits bekannt, dass mindestens drei Ubiquitin-Ligasen (E3) zu den Ubc2 Bindungspartnern gehören (Game und Chernikova, 2009). Die erste Ubiquitin-Ligase ist Ubr1, welche in Assoziation mit RAD6 Proteine anhand der "N-End Rule"-Methode für deren Abbau markiert (Bartel et al., 1990). Im Komplex mit der zweiten Ubiquitin-Ligase, RAD18, vermittelt RAD6 die Ubiquitinierung von PCNA (engl. *Proliferating Cell Nuclear Antigen*), das letztlich für die Postreplikations-Reparatur (engl. *postreplication repair*: PRR) der DNA verantwortlich ist (Hoegge et al., 2002). Die dritte Ubiquitin-Ligase, mit welcher RAD6 einen Komplex bildet, ist Bre1. In Verbindung mit Bre1 und Lge1 (Hwang et al., 2003;

Robzyk et al., 2000) ist dieser Komplex für die Ubiquitinierung von Histon H2B verantwortlich, welcher wiederum entscheidenden Einfluss auf die Methylierung des Histon H3 und den Elongationsprozess während der Transkription ausübt (Rowley et al., 1993). Weil RAD6/Ubc2 über eine solche Vielzahl an Bindungspartnern verfügt und an diversen zellulären Prozessen beteiligt ist, kann bei RAD6/Ubc2 von einem multifunktionalen Protein gesprochen werden. RAD6/Ubc2 ist daher unter anderem an der DNA-Reparatur, der meiotischen Rekombination, der Sporulation und dem Proteinabbau beteiligt (Game et al., 1980; Jentsch et al., 1987; Montelone et al., 1981; Raboy et al., 1999; Sung et al., 1990;). Die Deletion des RAD6 Gens in *S. cerevisiae* äußerte sich in Mutanten mit pleiotropen Phänotypen. So wiesen die Mutanten neben einer erhöhten Sensitivität gegenüber DNA-Schädigung auch Defizite in der schadensinduzierten Mutagenese auf, zeigten eine Steigerung der spontanen Mutageneserate, eine verlangsamte Wachstumsrate und eine Störung der Sporulation (Prakash, 1994). Aufgrund der Sequenzhomologie von FgRAD6 zum RAD6 Gen von *S. cerevisiae* und der Tatsache, dass dieses Protein bei Eukaryoten hoch konserviert ist, ist davon auszugehen, dass auch die Deletion von FgRAD6 einen bedeutsamen Einfluss auf den Organismus hat.

4.3.1 Die Charakterisierung des Ubiquitin-konjugierenden Enzyms

FGSG_12683 identifizierte dieses als RAD6 Homolog in *F. graminearum*

Wie in *S. cerevisiae* führte die Deletion von RAD6 auch in *F. graminearum* zu erheblichen Störungen. So waren neben dem allgemeinen Wachstum und der sexuellen sowie asexuellen Fortpflanzung auch die Sekundärmetabolit-Biosynthese, die Infektionsstruktur-Bildung und die Virulenz selbst betroffen. Von den drei charakterisierten Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgRAD6 zeigte Δ FgRAD6 die drastischsten phänotypischen Veränderungen. Dieses deckt sich auch mit der erhöhten Anzahl an regulierten Proteinen im Vergleich zu den Mutanten Δ FgBox2 und Δ FgBox4. Die erhöhte Anzahl an phänotypischen Veränderungen und der veränderten Proteinabundanz lassen die Vermutung von einem Zusammenhang zwischen beiden Faktoren zu. Dies wiederum lässt letztlich den Schluss zu, dass FgRAD6 ein bisher nicht näher beschriebener globaler Regulator von *F. graminearum* ist. Darüber hinaus konnte zum ersten Mal nachgewiesen werden, dass das RAD6 Homolog FgRAD6 neben dem bereits bekannten Einfluss auf die

UV-Resistenz, die Wachstumsmorphologie sowie die Fortpflanzung signifikant *F. graminearum* beeinflusst. Die Ergebnisse zeigen, dass FgRAD6 ebenfalls essentiellen Einfluss auf die Ausbildung von Infektionsstrukturen und auf die Sekundärmetabolit-Biosynthese ausübt. Trotz der Bedeutung, die FgRAD6 auf die Bildung von Infektionsstrukturen und die Virulenz hat, wurde FgRAD6 nach bisherigem Erkenntnisstand innerhalb dieser Arbeit zum ersten als Virulenzfaktor beschrieben.

4.3.1.1 Deletion von FgRAD6 führt zu einer Zellzyklus-Progression innerhalb der Δ FgRAD6-Mutanten

Wie für die RAD6-Deletionsmutanten in *S. cerevisiae* beschrieben (Lawrence und Christensen, 1979; Prakash, 1981), zeigten auch die Δ FgRAD6-Mutanten einen kleineren Koloniedurchmesser und eine verlangsamte Koloniepolarisation, welche sich jedoch über die Zeit in nur geringfügigem Verlust der Zellviabilität äußerte. Diese Art von Phänotyp wird entweder durch metabolische Wachstumsdefekte oder durch Defekte innerhalb spezifischer Stadien des Zellteilungszyklus (engl. *Cell Division Cycle*; CDC) hervorgerufen (Ellison et al., 1991). Auf der Grundlage der Ergebnisse von Enserink und Kolodner (2012), welche RAD6 als einen essentiellen Regulator der Aktivität der Zellzyklusmaschinerie ausweist, ist auch im Fall der Deletion von FgRAD6 von einem Defekt auf den Zellzyklus auszugehen. So steuert RAD6 in *S. cerevisiae* wahrscheinlich im Komplex mit Bre1 und Lge1 die Transkriptionsrate wichtiger Cycline wie CLN1, CLN2, CLB5 und CLB6 (Zimmermann et al., 2011) und ist dadurch ein wichtiger Regulator des Zellzykluseintritts. Durch den Zusammenhang von freiem Ubiquitin und der Zellzyklus-Progression beruht die Steuerung des Zellzyklus wahrscheinlich auf der Aktivität von RAD6 durch Änderungen des Levels an frei verfügbarem Ubiquitin. Bereits bekannt ist, dass es unter fallenden intrazellulären Ubiquitin-Konzentrationen zu der Aktivierung einer Ubiquitin-Stressantwort und der Transkription von Proteasom-assoziierten de-ubiquitinierenden Enzymen (engl. *Deubiquitinating enzymes*; DUBs) kommt. Diese spalten Ubiquitin von anderen Proteinen ab und stellen es so wieder zur Verfügung (Reyes-Turcu, Ventii und Wilkinson, 2009). In diesem Zusammenhang gehen Enserink und Kolodner (2012) davon aus, dass eine weitere Konsequenz der begrenzten Ubiquitinverfügbarkeit eine verringerte RAD6-Aktivität ist, die daraufhin zu einer verlangsamten Zellzyklus-Progression führt. Diese Vermutung stützt sich auf die Tatsache, dass die Verfügbarkeit freien Ubiquitins während

verschiedener Arten von Zellstress wie Hitzeschock (Berry et al., 2011) abnimmt und weiter zur Hemmung des Eintritts in den Zellzyklus durch verringerte Transkriptkonzentrationen der Cycline CLN1 und CLN2 führt (Rowley et al., 1993) führt. Unter Verwendung des von *F. graminearum* zur Verfügung stehenden Proteasoms der Δ FgRAD6-Mutanten wird die Annahme von Enserink und Kolodner (2012) über eine Verbindung von RAD6 und frei verfügbarem Ubiquitin bestätigt. So zeigt das Proteasom eine auffällig erhöhte Anzahl an hochregulierten Proteasom-assoziierten deubiquitinierenden Enzymen. Geht man davon aus, dass FgRAD6 an der Kontrolle der intrazellulären Ubiquitinkonzentration beteiligt ist, würde eine niedrige oder komplett unterbundene Aktivität, wie sie bei der Deletion von FgRAD6 der Fall ist, auf einen Ubiquitinmangel verweisen. Aufgrund des Mangels versuchen die Δ FgRAD6-Mutanten daher über die Hochregulation von DUB's verstärkt gebundenes Ubiquitin wieder zu Verfügung zu stellen und so die intrazelluläre Konzentration an freiem Ubiquitin zu erhöhen. Neben der Hochregulation der DUB's zeigte die Proteomanalyse der Δ FgRAD6-Mutanten eine weitere interessante Auffälligkeit. Gingen Enserink und Kolodner (2012) davon aus, dass bei einem Ubiquitinmangel nur die Aktivität von RAD6 herunterreguliert wird, konnten über die Proteomanalyse der Δ FgRAD6-Mutante weitere herunterregulierte Ubiquitin-konjugierende Enzyme (E2/Ubc2) identifiziert werden. Der Vergleich mit den zwei weiteren Deletionsmutanten Δ FgBox2 und Δ FgBox4, in denen keine dieser Ubiquitin-konjugierende Enzyme (E2/Ubc2) signifikant reguliert vorliegt, zeigt, dass diese Regulation auf die Deletion von FgRAD6 zurückzuführen ist. Dank der Proteomanalyse in *F. graminearum* kann somit die Theorie von Enserink und Kolodner (2012) bestätigt werden, dass RAD6 einen intrazellulären molekularen Ubiquitinsensor ist. Die Tatsache, dass die Proteomanalyse auch dazu beitragen konnte, etwaige weitere in den Zellzyklus involvierte Ubiquitin-konjugierende Enzyme (E2/Ubc2) aufzudecken, spricht für das Potential und die Qualität, die diese Methode geboten hat und in weiteren Untersuchungen bieten wird.

4.3.1.2 Nachweis des direkten Einflusses der FgRAD6 vermittelten Histon-Ubiquitinierung auf die Reproduktion von *F. graminearum*

Die Betrachtung von RAD6-Homologen und deren analoge Funktionen wie zum Beispiel der DNA-Reparaturmechanismus in anderen Pilzen, Insekten sowie Säugetieren ist ein

signifikanter Beleg für deren Konservierung über die verschiedenen Arten hinweg (Koken et al., 1991; Roest et al., 1996; Soshi et al., 1996; Singh, Goel und Klar, 1998). Neben dem DNA-Reparaturmechanismus gibt es Hinweise auf weitere ebenfalls hoch konserviert vorliegende Funktionen. So konnte neben den Sporulations-Defekten Deletionsmutanten von RAD6 in *S. cerevisiae* auch eine Störung der postmeiotischen Chromosomenkondensation von HRB6-Deletionsmutanten, ein RAD6-Homolog in Mäusen, beobachtet werden (Roest et al., 1996). Diese Störung der Chromosomenkondensation resultiert in einer abnormalen Spermatogenese und der Unfruchtbarkeit der männlichen Nachkommen. Diese Erkenntnis lässt Spekulationen darüber zu, ob die Ursache der gestörten sexuellen sowie asexuellen Fortpflanzung der Δ FgRAD6-Mutanten ebenfalls mit der Deletion des RAD6-Homologs in Verbindung steht. Bereits bekannt ist, dass die Monoubiquitinierung von Histon H2B Einfluss auf Genaktivierung und Transkriptionselongation ausübt (Henry et al., 2003; Turner et al., 2002). Weitere Studien weisen auf eine Beteiligung der H2B Ubiquitinierung an der Differenzierung von Stammzellen (Karpiuk et al., 2012), der Apoptose (Walter, Matter und Fahrenkrog, 2010) sowie Reproduktion von *S. cerevisiae*. Für *S. cerevisiae* wird angenommen, dass der Ursprung der Sporulationsdefekte der RAD6-Deletionmutanten auf Störungen der Histon-Interaktion beruht. So wurde nachgewiesen, dass RAD6 im Komplex mit Bre1 die Ubiquitinierung der Histone H2A sowie H2B vermittelt (Hwang et al., 2003; Wood et al., 2003) und durch die Histon-Modifikation unter anderem indirekten Einfluss auf die Meiose wie auch Mitose ausübt (Robzyk et al., 2000; Yamashita, Shinohara und Shinohara, 2004). Mit den hier vorliegenden Proteom- und Ubiquitomdaten des Wildtyps und der Deletionsmutanten ist eine Überprüfung der Theorie, dass es sich bei RAD6 um einen Regulator der Histone H2B und H2A handelt, möglich. Die Proteomdaten der Δ FgRAD6-Mutanten zeigen eine im Vergleich zum Wildtypen nicht signifikant veränderte Regulation der Histone H2A oder H2B. Deutliche Unterschiede konnten jedoch im Vergleich zu den Δ FgBox2- und Δ FgBox4-Mutanten festgestellt werden, welche die Hochregulation beider Histone zeigten. Die Hochregulation der Histone in den F-Box-Deletionsmutanten könnte hierbei stressinduziert sein. Bekannt ist, dass es unter Stressbedingungen zur Stressvermittelten Modifikation wie auch Regulation von Histonen kommt (Bungard et al., 2010; Luo et al., 2017). Die drastischen phänotypischen Veränderungen der Δ FgRAD6-Mutanten lassen eine Stresssituation vermuten, wobei das Ausbleiben einer zum Wildtypen

veränderten Regulation der Histone H2B und H2A auf eine Störung hindeuten würden. Die Ubiquitomdaten decken sich mit den Proteomdaten und bestätigen letztlich die Vermutung, dass es sich bei FgRAD6 um einen Histon-Regulator handelt. So zeigten die Ubiquitomdaten, dass bei den Δ FgRAD6-Mutanten im Gegensatz zum Wildtypen und den Δ FgBox2- und Δ FgBox4-Mutanten keine Ubiquitinierung des Histon H2B stattfindet. Dieses Ergebnis ist eine weitere Bestätigung dafür, dass es sich wie bei HRB6 der Maus auch bei FgRAD6 um ein Homolog von dem in *S. cerevisiae* identifizierten RAD6 handeln muss. Dass FgRAD6 zum RAD6 vergleichbare Funktion innerhalb der sexuellen Fortpflanzung in *F. graminearum* übernimmt, ist wahrscheinlich. Darüber, ob dies ebenfalls die asexuelle Fortpflanzung umfasst, kann jedoch keine Aussage getroffen werden. Ebenso kann nicht ausgeschlossen werden, dass weitere Defizite bei der Proteinabundanz als eine zusätzliche Ursache für die gestörte sexuelle wie auch asexuelle Fortpflanzung der Δ FgRAD6-Mutanten verantwortlich sind.

Um die Frage zu klären, ob weitere Faktoren für die gestörte Reproduktion verantwortlich sind, wurde in einen nächsten Schritt das Proteom der Δ FgRAD6-Mutanten auf weitere mit der Fortpflanzung von *F. graminearum* assoziierten Proteine abgeglichen (Lee et al., 2010; Son et al., 2011). So ist bereits durch Genexpressionsanalysen bekannt, dass eine erhöhte Anzahl von Genen, welche mit der Lipidbiosynthese wie auch β -Oxidation assoziiert werden, während des vegetativen Wachstums und der sexuellen Entwicklung von *Fusarium graminearum* einer erhöhten Expression unterliegen (Sikhakolli et al., 2012). Für den β -Oxidation Biosyntheseweg wurden in diesem Zusammenhang insgesamt zwölf als mit der Fortpflanzung assoziierte Proteine beschrieben. Für neun dieser Proteine war es anhand der Proteomdaten möglich, eine im Vergleich zum Wildtypen signifikant veränderte Regulation nachzuweisen. Der Nachweis von sieben herunterregulierten Proteinen bei der β -Oxidation lässt hierbei auf eine Störung des gesamten Biosyntheseweges schließen. Eine Annahme, welche durch die anschließende Analyse der Proteine des Lipidbiosyntheseweges bekräftigt wird. Die Analyse zeigte eine erhöhte Anzahl von Proteinen des Lipid-Biosynthesewegs, welche bei den Δ FgRAD6-Mutanten signifikant hochreguliert werden. Die gesteigerte Aktivität des Lipid-Biosynthesewegs bei den Δ FgRAD6-Mutanten offenbart den Versuch, den Mangel des normalerweise aus der β -Oxidation hervorgehenden Acetyl-CoA, das als Ausgangssubstrat der Fettsäurebiosynthese

dient, auszugleichen. Auf der Grundlage der Ergebnisse der Proteomanalyse muss von einer Störung der β -Oxidation bei den Δ FgRAD6-Mutanten ausgegangen werden, die neben der gestörten Ubiquitinierung von Histonen ebenfalls einen Anteil an der gestörten Fortpflanzung der Mutanten hat.

4.3.1.3 Erhöhte Expression von Enzymen des Aurofusarin-Biosyntheseweges führen zur gesteigerten Pigmentierung der Δ FgRAD6-Mutanten

Der Aurofusarin-Biosyntheseweg umfasst nach bisherigem Erkenntnisstand ein Gencluster aus mindestens elf Leserahmen (FGSG_02320 – FGSG_02330) und setzt sich aus fünf enzymatischen Einzelschritten zusammen (Hoffmeister und Keller, 2007; Frandsen et al., 2011). Im Gegensatz zu den Δ FgBox2-Mutanten, welche über keine Pigmentierung des Myzels verfügten, wiesen die Δ FgRAD6-Mutanten eine im Vergleich zum Wildtypen deutlich intensivere rote Pigmentierung des Myzels auf. Wie bereits aus der Analyse der Δ FgBox2-Mutanten und weiteren Studien (Malz et al., 2005; Kim et al., 2006) bekannt ist, können einzelne Defekte bei der Biosynthese bereits gravierenden Einfluss auf die Synthese und damit Myzel-Färbung haben (Frandsen et al., 2006). Im Umkehrschluss muss davon ausgegangen werden, dass eine gesteigerte Aktivität der einzelnen enzymatischen Schritte einen gegenteiligen Effekt auf die Myzel-Färbung ausübt. Die Überexpression von GIP2 (aurR1), einem Transkriptionsfaktor und mutmaßlichen Regulator der Aurofusarinbiosynthese in *F. graminearum*, konnte dies bereits bestätigen (Kim et al., 2006). Gemeinhin gilt die Hypothese, dass die Aurofusarin-Biosynthese wie auch die Bildung anderer Pigmente (Kawamura, Tsujimoto und Tsuge, 1999; Langfelder et al., 2003; Mayorga und Timberlake, 1992) mit bestimmten Entwicklungsstadien von *F. graminearum* assoziiert wird und negativ mit dem vegetativen Myzelwachstum korreliert (Kim et al., 2006). Diese Hypothese ist mit den aus der phänotypischen Analyse der Δ FgRAD6-Mutanten gewonnenen Ergebnissen vereinbar. So wiesen die Überexpressionsmutanten des Gens FGSG_02320 (GIP2/aurR1) einen zu den Δ FgRAD6-Mutanten ähnlichen Phänotyp auf, welcher sich in einer gesteigerten roten Pigmentierung und radialer Wachstumsreduzierung äußerte. Die größtenteils übereinstimmenden Phänotypen der in ihrer Aurofusarin-Produktion gesteigerten Δ GIP2-Überexpressionsmutanten mit denen der Δ FgRAD6-Mutanten machen eine erhöhte Aktivität des Aurofusarin-Biosynthesewegs auch in den Δ FgRAD6-Mutanten wahrscheinlich. Die Auswertung der Regulation der einzelnen

Proteine des Aurofusarin-Biosynthese-Clusters bestätigte diese Annahme und zeigte, dass acht der insgesamt elf an der Aurofusarin-Biosynthese beteiligten Proteine bei den Δ FgRAD6-Mutanten hochreguliert wurden. Unter den hochregulierten Proteinen fanden sich neben aurT, aurR2, aurC, aurJ, aurF und aurS auch die als Schlüsselenzym der Aurofusarin-Biosynthese angesehene Polyketidsynthase PKS12 und die von Kim et al. (2005) ebenfalls für die Aurofusarinsynthese beschriebene essentielle Laccase GIP1. Auffällig ist hierbei jedoch, dass sich unter den acht signifikant hochregulierten Proteinen des Aurofusarin-Biosyntheseweges nicht das von Kim et al., 2006 als mutmaßlicher positiver Regulator der Biosynthese postulierte GIP2/aurR1 (FGSG_02320) befindet. Die offenbar von GIP2 unabhängige Expression des Aurofusarin-Genclusters sowie die daraus resultierende gesteigerte Aurofusarinproduktion in den Δ FgRAD6-Mutanten lassen daher nur den Schluss zu, dass es sich bei GIP2 nicht um den einzigen essentiellen Regulator des Biosynthesewegs handeln kann. So muss weiter kritisch darüber diskutiert werden, ob *F. graminearum* über weitere etwaige übergeordnete regulatorische Mechanismen der Aurofusarin-Biosynthese verfügt und ob es sich bei FgRAD6 um einen solchen handelt. Eine gesteigerte Aurofusarin-Biosynthese erhöht sicherlich die Wettbewerbsfähigkeit des Organismus aufgrund der antibiotischen Eigenschaften (Malz et al., 2005). Es muss jedoch davon ausgegangen werden, dass negative Einflüsse wie die gravierenden morphologischen Defizite sowie die systemischen Störungen innerhalb von entscheidenden Biosynthesewegen überwiegen und zu einer verringerten Infektionseffizienz der Δ FgRAD6-Mutanten führen.

4.3.1.4 Defizite innerhalb des Lipidstoffwechsels führen zur gestörten ATP-Versorgung und Avirulenz der Δ FgRAD6-Mutanten

Die innerhalb der phänotypischen Analyse der Δ FgRAD6-Mutanten nachgewiesenen morphologischen Veränderungen sowie Beeinträchtigungen einer Vielzahl an essentiellen Biosynthesewegen machen Defizite auch innerhalb der Virulenz wahrscheinlich. Die Analyse des Infektionsverhaltens bestätigte diese Vermutung und zeigte einen negativen Einfluss auf die Virulenz für die Δ FgRAD6-Mutanten. Hierbei sind sowohl Weizen wie auch Mais betroffen, zwei der weltweit am häufigsten kultivierten Gräser überhaupt. Weiter ist bemerkenswert, dass die Δ FgRAD6-Mutanten nicht wie die ebenfalls untersuchten

Δ FgBox2-Mutanten eine verringerte Virulenz aufzeigen, sondern über einen komplett avirulenten Phänotyp verfügen. Auf Grundlage der morphologischen Ergebnisse wurde zwar davon ausgegangen, dass es durch das verlangsamte radiale Wachstum sowie der verzögerten Auskeimung der Konidien zu einer Verringerung der Virulenz kommt, diese dadurch jedoch nicht komplett zusammenbricht. Es scheint daher eher so, dass weitere bisher unbekannte Faktoren für die Avirulenz verantwortlich sind. Schon länger wird vermutet, dass verschiedene extrazelluläre Enzyme, welche von pathogenen Pilzen sekretiert werden, ebenfalls an der Virulenz beteiligt sind (Wanjiru, Zhensheng und Buchenauer, 2002). Eine Vermutung, welche in Bezug auf *Fusarium graminearum* durch Voigt, Schäfer und Salomon (2005) untersucht wurde. Voigt et al. (2005) konnte zeigen, dass eine Lipase, die von *Fusarium graminearum* sekretiert wird, ein bedeutender Virulenzfaktor ist. Die Deletion der Lipase 1 (FgFGL1) in *F. graminearum* führte neben einer im Vergleich zum Wildtypen erhöhten DON-Produktion auch zu einer reduzierten Virulenz. Der Abgleich des Proteoms der FgRAD6-Deletionsmutanten auf eine veränderte Regulation dieser Lipase offenbarte, dass FgFGL1 tatsächlich stark herunterreguliert vorliegt. So lag die Regulation von FgFGL1 in den Δ FgRAD6-Deletionmutanten unter dem 170-fachen des Niveaus des Wildtypen. Das Ergebnis lässt darauf schließen, dass es zu einer gestörten Synthese von FgFGL1 innerhalb der Δ FgRAD6-Mutanten kommt. Anhand der phänotypischen Übereinstimmung der FgRAD6-Mutanten mit dem der Δ FgFGL1-Mutanten ist davon auszugehen, dass der Mangel an FgFGL1 in Verbindung mit der Deletion von FgRAD6 gebracht werden kann.

In einen nächsten Schritt wurde das Proteom auf veränderte Proteine des Fettsäurestoffwechsels hin untersucht. Es konnte eine hohe Anzahl differentiell regulierter Proteine des Fettsäurestoffwechsels in den Δ FgRAD6-Mutanten nachgewiesen werden. Dies bestätigt nicht nur die Annahme, dass FgRAD6 ein Regulator von FgFGL1 ist, sondern zeigt vielmehr, dass es sich bei FgRAD6 um einen bisher unbekanntem allgemeinen Regulator des Fettsäurestoffwechsels in *F. graminearum* zu handeln scheint. Unter den regulierten Proteinen fanden sich sowohl Proteine der Fettsäurebiosynthese sowie des Fettsäureabbaus (β -Oxidation). Interessant ist hierbei, dass die jeweiligen Proteine der beiden Stoffwechselwege gegensätzlich reguliert zu sein scheint. So waren die herunterregulierten Proteine überwiegend mit der β -Oxidation assoziiert, wohingegen die

hochregulierten Proteine überwiegend der Fettsäurebiosynthese angehörten. Unter den herunterregulierten Proteinen der β -Oxidation befanden sich die Schlüsselenzyme wie die Acyl-CoA-Dehydrogenase, Thiolase sowie Enoyl-CoA-Hydratase. Bei den hochregulierten Proteinen der Fettsäurebiosynthese fanden sich neben den Schlüsselenzymen wie der β -Ketoacyl-Synthase, der Acetyl-CoA-Carboxylase auch die Stearoyl-CoA-Desaturase-1. Im Menschen sind β -Oxidationsdefekte häufig erblich bedingt (Andresen et al., 1999) und sind Ursache für signifikante klinische Erkrankungen. Neben Fastenkoma und Hypoglykämie kommt es bei Betroffenen auch zu chronischer Muskelschwäche oder Kardiomyopathie (Roe und Coates, 1995). Störungen innerhalb der β -Oxidation haben somit dramatischen Einfluss auf den gesamten Organismus. Die Ergebnisse, dass es gleichzeitig zu einer Aktivierung der Fettsäurebiosynthese wie auch Inhibierung des Fettsäureabbaus in den Δ FgRAD6-Mutanten kommt, bestätigt nochmals die Vermutung, dass es sich bei FgRAD6 um einen essentiellen Regulator des gesamten Fettsäurestoffwechsels handeln muss. Eine Eigenschaft, die bisher für keines der RAG6 Homologe in anderen Pilzen beschrieben wurde. In diesem Zusammenhang sind auch die Δ FgRAD6 Ubiquitomdaten überaus interessant. Sie stimmen nicht nur mit den bisherigen Vermutungen einer veränderten Regulation des Fettsäurestoffwechsels überein, sondern werfen ein ganz neues Licht auf die Regulation essentieller Stoffwechselwege in *F. graminearum*. So konnte erstmals in *F. graminearum* als auch für einen Vertreter des Reiches der Pilze gezeigt werden, dass die Regulation der Fettsäurebiosynthese im direkten Zusammenhang mit dem Ubiquitinierungs-Status der einzelnen mit der Fettsäurebiosynthese assoziierten Proteinen steht. So weisen die im Proteom signifikant hochregulierte β -Ketoacyl-Synthase (FGSG_05321), die Acetyl-CoA-Carboxylase (FGSG_06580) und Stearoyl-CoA-Desaturase-1 (FGSG_06184) auch im Ubiquitom eine im Vergleich zum Wildtyp signifikante Erhöhung auf. Die Erhöhung liegt bei der β -Ketoacyl-Synthase über dem 9-fachen des Niveaus des Wildtyps, im Fall der Acetyl-CoA-Carboxylase sogar über dem 200-fachen des Niveaus des Wildtyps und bei der Stearoyl-CoA-Desaturase-1 bei über dem 79-fachen des Niveaus des Wildtyps. Der einzige weitere Nachweis für einen regulatorischen Einfluss des Prozesses der Ubiquitinierung auf die Aktivität von Proteinen des Fettsäurestoffwechsels stammt aus Säugetierzellen (Qi et al., 2006). Die Studie untersuchte den Zustand des Fastens anhand von HEK293T (engl. *Human Embryonic Kidney cells*). So kommt es während des Fastens zu einer durch die Ubiquitin-Ligase COP1 (engl. *Constitutive Photomorphogenic Protein 1*)

vermittelten Ubiquitinierung der Acetyl-CoA-Carboxylase, was letztlich zu dessen Inaktivierung und Unterbrechung der Fettsäurebiosynthese führt. Ergebnisse, die im Widerspruch zu den Proteom- und Ubiquitomdaten aus Δ FgRAD6 stehen, welche eine eindeutige Verbindung zwischen der Ubiquitinierung der Acetyl-CoA-Carboxylase und dessen gesteigerte Aktivität aufzeigen. Eine mögliche Erklärung bietet die Eigenschaft des Ubiquitins selbst. Es ist fähig zur Bildung von Monomeren- sowie Polymeren-Konjugation, welches eine Monoubiquitinierung, Multiubiquitinierung wie auch Polyubiquitinierung des Zielsubstrates ermöglicht (Haglund und Dikic, 2005; Welchman et al., 2005). Diese Eigenschaft bildet die Grundlage der Vielseitigkeit der Regulierung, die sich keinesfalls nur auf die Degradation des ubiquitinierten Proteins beschränken muss. Nachgewiesen ist der Einfluss der Monoubiquitinierung und Multi-Monoubiquitinierung des Zielsubstrates auf zelluläre Prozesse wie DNA-Reparatur, Genexpression und Endozytose (Hicke, 2001; Di Fiore et al., 2003; Haglund, Di Fiore und Dikic, 2003; Mukhopadhyay und Riezman, 2007). Die Degradation des Zielsubstrates durch das 26S-Proteasom wird im Allgemeinen durch die Polyubiquitinierung von Lysinen auf den Positionen K11 und K48 vermittelt (Thrower et al., 2000; Williamson et al., 2008;). Auf Grundlage dieser Erkenntnisse ist es wahrscheinlich, dass es sich bei der von Qi et al., (2006) beschriebenen Ubiquitinierung der Acetyl-CoA-Carboxylase um eine Polyubiquitinierung handelt, wohingegen es in den Δ FgRAD6-Mutanten zu einer Mono- oder Multi-Monoubiquitinierung der β -Ketoacyl-Synthase, Acetyl-CoA-Carboxylase sowie Stearoyl-CoA-Desaturase-1 kommt. Dadurch, dass Ubiquitin durch den Trypsinverdau nach Arginin gespalten wird und nur jeweils ein einziger Gly-Gly-Dipeptidrest auf dem konjugierten Lysin des Zielproteins zurückbleibt, kann mittels der vorliegenden Ubiquitindaten nicht zwischen Monoubiquitinierung oder Polyubiquitinierung unterschieden werden. Nachweisbar hingegen ist der Zustand der Multiubiquitinierung des jeweiligen Proteins. Nach der MS/MS-Analyse verfügen die β -Ketoacyl-Synthase und Stearoyl-CoA-Desaturase-1 über mehrere Diglycin-modifizierte Lysine. Die Multiubiquitinierung deckt sich mit den Ergebnissen der Proteomdaten, die anstelle einer Herunterregulation eine Hochregulation dieser beiden Proteine zeigt. Die Acetyl-CoA-Carboxylase wies hingegen nur ein Diglycin-modifiziertes Lysin auf. In Bezug auf die Proteomdaten, welche eine Hochregulation anstatt einer Degradation der Acetyl-CoA-Carboxylase in den FgRAD6-Mutanten zeigte, ist davon auszugehen, dass es sich hierbei um eine Monoubiquitinierung handelt. Keines der in den Δ FgRAD6-Mutanten

herunterregulierten Proteine der β -Oxidation fand sich im Ubiquitom, was gegen eine Ubiquitin-abhängige Regulation spricht. Gemeinhin akzeptiert gilt die Theorie, dass hohe nucleozytosolische Acetyl-CoA-Konzentrationen als Signal für einen Wachstums- oder Energiezufuhrzustand stehen, wodurch es zu gefördertem Umsatz für die Lipidsynthese und die Histonacetylierung kommt. Kommt es zum Fastenzustand, wird Acetyl-CoA bevorzugt in die Mitochondrien eingeschleust, um den Erhalt der mitochondrialen Respiration zu gewährleisten (Shi und Tu, 2015). Weiter sind Fettsäuren eine wichtige Quelle des mitochondrialen Acetyl-CoA-Pools (McGarry und Foster, 1980). Durch die Coenzym A Synthese werden bei Acetyl-CoA-Mangel mit CoA aktivierte Fettsäuren (Acyl-CoA) über das Carnitin-Shuttle Acyl-CoA für die weitere Acetyl-CoA-Produktion durch die β -Oxidation bereitgestellt (Jackowski und Leonardi, 2014; Leonardi et al., 2010). Die Proteomdaten weisen auf eine Hochregulation der Pantothenatkinase FGSG_16991, dem ersten Enzym bei der Biosynthese von Coenzym A, hin, zeigen jedoch auch eine Herunterregulation des für den mitochondrialen Transport benötigten Carnitin-Acylcarnitin-Transporters FGSG_09633. Pilze verfügen über zwei zusätzliche Wege der cytosolischen Acetyl-CoA-Bereitstellung. So generieren *S. cerevisiae* und *C. albicans* zytoplasmatisches Acetyl-CoA mittels der Acetyl-CoA-Synthetasen aus Acetat (Starai und Escalante-Semerena, 2004). In Abwesenheit von externen Acetyl-CoA-Quellen wie Ethanol, Acetat oder Fettsäuren wird auch die ATP-Citrat-Lyase für die Synthese von Acetyl-CoA verwendet (Carman, Vylkova und Lorenz, 2008; Hynes und Murray, 2010). Anhand der Proteomdaten konnte ermittelt werden, dass es zur gesteigerten Aktivität dieser beiden Alternativen Acetyl-CoA-Biosynthesewege in den Δ FgRAD6-Mutanten kommt. So zeigten die Proteomdaten eine Hochregulation der Acetyl-CoA-Synthetasen FGSG_00330 und FGSG_01743 wie auch der ATP-Citrat-Lyasen FGSG_06039 sowie FGSG-12857. Obwohl die Hochregulation bei der ATP-Citrat-Lyase FGSG_06039 mit einem Log₂-Wert von 1,34 unter dem Log₂-Verhältnis von + 1,5 liegt, ist durch die gemeinsame Hochregulation der ebenfalls an der Biosynthese beteiligten Enzyme davon auszugehen, dass es sich nicht um eine willkürliche, sondern gerichtete Regulation handelt.

Alle Ergebnisse weisen darauf hin, dass es im Zytosol durch die gesteigerte Fettsäure- und Aurofusarin-Biosynthese zu einem erhöhten Acetyl-CoA-Bedarf kommt, welcher durch die gesteigerte Aktivität der zytosolischen Enzyme Acetyl-CoA-Synthetasen und ATP-Citrat-

Lyasen gedeckt wird. Entgegen dem intakten zytosolischen Acetyl-CoA-Metabolismus muss anhand der vorliegenden Proteomdaten von einem Acetyl-CoA-Mangel in der Mitochondrialenmatrix ausgegangen werden, welcher zum einen auf der Herunterregulation der β -Oxidation wie auch dem gestörten mitochondrialen Acetyl-CoA-Transport beruht. Acetyl-CoA ist ein entscheidender Metabolit im Energiestoffwechsel und involviert in die Biosynthese vieler zellulärer Komponenten (Lee et al., 2011). In erster Linie dient es jedoch dem mitochondrialen Tricarbonsäurezyklus (TCA) als Ausgangssubstrat, was es daher unerlässlich für das Überleben und geregelte Wachstum eukaryotischer Zellen macht (Lehninger et al., 1993). Deletionsmutanten des Gens *citA*, welche für das erste Enzym des Tricarbonsäurezyklus, der Citrat-Synthase kodiert, führten in *Aspergillus nidulans* zum verringerten Wachstum auf Glukose (Murray und Hynes, 2010). Die Deletion der mitochondrialen Citrate-Synthase *Cit1* in *S. cerevisiae* führten zu einem temperaturempfindlichen Wachstumsphänotypen und schnell voranschreitenden Verlust der Lebensfähigkeit (Lee, Hoe und Maeng, 2007). Die Erkenntnisse legen nahe, dass es in den Δ FgRAD6-Mutanten durch die verringerte Bereitstellung von mitochondrialen Acetyl-CoA zu einer verringerten Aktivität des TCA kommt, was wiederum zu einer reduzierten mitochondrialen Respiration und gestörten Energiestoffwechsel führt. Die Defizite des Energiestoffwechsels, der Herunterregulation des Virulenzfaktor FgL1 und des Zellzyklus bilden die gemeinsame Ursache der Avirulenz der Δ FgRAD6-Mutanten.

Eine Aussage über das Proteom bezüglich einer veränderten DON-Biosynthese innerhalb der Deletionsmutanten zu treffen, ist nicht möglich, da dieses nur während der frühen Phase des Infektionsprozesses gebildet wird. Das Proteom wurde aus einer *in vitro* Mycelkultur gewonnen. Die Sekundärmetabolit-Cluster-Analyse mit den signifikant veränderten Proteinen des Wildtyps und den Deletionsmutanten bestätigte dies und zeigte für das Trichothecen-Cluster nur ein einziges detektiertes Protein, welches nicht signifikant reguliert wurde.

5 Zusammenfassung

Der nekrotrophe filamentöse Ascomycet *Fusarium graminearum* ist ein weltweit vorkommendes Gräserpathogen. Als Erreger von Pflanzenkrankheiten wie der Ährenbleiche wie auch der Kolbenfäule ist er für die Infektion zweier der bedeutendsten Nutzpflanzen der Welt, Weizen und Mais, verantwortlich. Neben den erheblichen ökonomischen Folgen bergen die infizierten und durch Mykotoxine belasteten Nutzpflanzen auch Gefahren für Mensch und Tier. Frühere Arbeiten befassten sich mit den noch weitgehend unbekanntem molekularen Mechanismen, die zur Initiierung der Infektion sowie Ausbildung der speziellen Infektionsstrukturen führen. cDNA-Bibliotheken von Laufhyphen, Infektionskissen und in Kultur gewachsenem Myzel lieferten die ersten umfassenden Einblicke in die Genregulationsprozesse während des Infektionsprozesses und zeigten eine hohe Anzahl transkriptionell regulierter Gene des Ubiquitin-Proteasom-System (UPS). Das UPS übernimmt neben der Hauptaufgabe der Ubiquitin-vermittelten Proteindegradation auch wichtige regulatorische Funktionen. Studien des UPS in pathogenen Pilzen sind äußerst selten und der Einfluss des UPS auf die einzelnen Entwicklungsstadien daher nur unzureichend bis gar nicht untersucht.

Die im Rahmen dieser Dissertation durchgeführte Deletion ausgewählter Gene des UPS mit anschließender Proteom-, Ubiquitin- und Funktionsanalyse der Deletionsmutanten diente der Aufklärung der Rolle des UPS auf Prozesse wie Entwicklung, Wachstum und Infektion von *F. graminearum*. Erstmals wurde hierfür in einem pflanzenpathogenen Pilz die Kombination aus LC-MS/MS-Proteomanalyse und LC-MS/MS-Ubiquitomanalyse zur Ermittlung des Zusammenhanges zwischen veränderter Proteinexpression und Ubiquitinierungsstatus eines Proteins etabliert. Die deletierten Gene kodieren für die zwei F-Box-Proteine FgBox2 und FgBox4 sowie für das Ubiquitin-konjugierende Enzym FgRAD6. Von den insgesamt 4535 detektierten Proteinen konnten so 2858 als in den Deletionsmutanten signifikant verändert identifiziert werden. Bezogen auf die Proteinabundanz und Proteinexpression zeigten sich erhebliche Unterschiede. So wurden 134 signifikante Proteine in den Δ FgBox4-Mutanten, 659 signifikante Proteine in Δ FgBox2-Mutanten und 2065 signifikante Proteine in den Δ FgRAD6-Mutanten nachgewiesen. Auf Grundlage der Proteom- und Ubiquitomdaten sowie der Charakterisierung der einzelnen Deletionsmutanten war es im Verlauf der Arbeit möglich, mehrere Mechanismen in

F. graminearum zu identifizieren, deren Regulation direkt oder indirekt mit Komponenten des UPS assoziiert sind. So ist das F-Box-Protein FgBox2 unter anderem an der Regulation des zellulären Redox-Status beteiligt, was sich in FgBox2-defizienten Mutanten in der Akkumulation von intrazellulären reaktiven Sauerstoffspezies, einer gestörten oxidativen Stressantwort und dem Einbruch der mitochondrialen Respiration äußerte. Trotz der scheinbar unveränderten Morphologie der Δ FgBox4-Mutanten konnte gezeigt werden, dass FgBox4 Einfluss auf die Zellwandarchitektur nimmt und mitverantwortlich ist für die Aufrechterhaltung der Zellwandstabilität unter Stressbedingungen. Neben der Identifizierung von FGSG_12683 als Homolog des RAD6 in *S. cerevisiae* konnte in den Mutanten erstmals gezeigt werden, dass die Aktivität essentieller Stoffwechselwege wie dem Lipidstoffwechsel direkt in Abhängigkeit zum Ubiquitinierungsstatus der jeweiligen Schlüsselenzyme wie der Acetyl-CoA-Carboxylase steht. Alle Deletionsmutanten zeigten Defizite innerhalb der Reproduktion und Virulenz. Alle aus der Arbeit gewonnenen Erkenntnisse beschreiben das UPS als ein übergeordnetes regulatorisches System, welches entscheidenden Einfluss auf die Abundanz unterschiedlichster Proteine hat.

5 Summary

The necrotrophic filamentous ascomycete *Fusarium graminearum* is a grass pathogen found worldwide. It is responsible for the infection of the two most important agricultural crops, wheat and maize. It causes plant diseases such as *Fusarium Head Blight* and cop rot. In addition to the considerable economic consequences the infected crops which are contaminated with mycotoxins can also be harmful to humans and animals. Previous work dealt with the still largely unknown molecular mechanisms that lead to the initiation of infection as well as formation of the special infection structures. cDNA libraries of runner hyphae, infection cushions, and cultured mycelia provided the first comprehensive insights into gene regulation during the infection process and revealed a high number of transcriptionally regulated genes of the ubiquitome proteasome system (UPS). In addition to the main task of ubiquitin-mediated protein degradation, the UPS also performs important regulatory functions. Studies of the UPS in pathogenic fungi are extremely rare and the influence of the UPS on the individual stages of fungal development has found little attention in research so far.

The deletion of selected genes from the UPS, followed by proteomic, ubiquitomic, and functional analysis of the deletion mutants, served to elucidate the role of the UPS in processes such as development, growth and infection of *F. graminearum*. For the first time, the combination of LC-MS / MS proteome analysis and LC-MS / MS ubiquitome analysis was used to elucidate the relationship between altered protein expression and ubiquitination status of a protein in a phytopathogenic fungus. The deleted genes encode two F-box proteins FgBox2 and FgBox4 as well as the ubiquitin-conjugating enzyme FgRAD6. From the 4535 detected proteins, 2858 could be identified as significantly altered in the deletion mutants. Tremendous differences in protein abundance and protein expression could be found between the mutants and the wildtype. In the Δ FgBox4 mutants 134 significant changed proteins were detected, whereas in the Δ FgBox2 mutants 659 and in the Δ FgRAD6 mutants 2065 significant changed proteins were found. Based on the proteome and ubiquitome data and the phenotypical characterization of the deletion mutants we were able to identify several mechanisms in *F. graminearum* whose regulations are directly or indirectly associated with components of the UPS. For example, the F-box protein FgBox2 is involved in the regulation of cellular redox status. These FgBox2 deficient mutants showed an altered phenotype as well as accumulation of intracellular reactive oxygen species, a disturbed oxidative stress response, and collapse of mitochondrial respiration. Despite the seemingly unchanged morphology of the Δ FgBox4 mutants, it could be shown that the FgBox4 protein has an influence on the cell wall architecture and is partly responsible for the cell wall maintenance and stability under stress conditions. In addition to the identification of FGSG_12683 as homologue of RAD6 in *S. cerevisiae*, we showed for the first time that the activity of essential metabolic pathways such as lipid metabolism is directly related to the ubiquitination status of the respective key enzymes such as acetyl-CoA carboxylase. All deletion mutants showed deficits in reproduction and virulence. This work's findings describe the UPS as a superordinate regulatory system which has a decisive influence on the abundance of various proteins.

6 Literaturverzeichnis

- Alqahtani S.D., Assiri H.A., Al-Abbasi F.A., El-Halawany A.M., Al-Abd A.M.** (2017) Rubrofusarin and toralactone sensitize resistant mcf-7adr cell line to paclitaxel via inhibiting p-glycoprotein efflux activity. *Cancer Res.* Vol. 77, Page: 1205-1205.
- Andresen B.S., Olpin S., Poorthuis B.J., Scholte H.R., Vianey-Saban C., Wanders R., Ijlst L., Morris A., Pourfarzam M., Bartlett K., Baumgartner E.R., deKlerk J.B., Schroeder L.D., Corydon T.J., Lund H., Winter V., Bross P., Bolund L., Gregersen N.** (1999) Clear correlation of genotype with disease phenotype in very-long-chain acyl-CoA dehydrogenase deficiency. *Am. J. Hum. Genet.* Vol. 64, Page: 479-94.
- Andreyev A.Y., Kushnareva, Y.E. und Starkov A.A.** (2005) Mitochondrial metabolism of reactive oxygen species. *Biochemistry.* Vol. 70, Page: 200-214.
- Asada K.** (1999) The water-water cycle in chloroplasts: Scavenging of active oxygen species and dissipation of excess photons. *Annu. Rev. Plant Biol.* Vol. 50, Page: 601-639.
- Atir-Lande A., Gildor T. und Kornitzer D.** (2005) Role for the SCFCDC4 ubiquitin ligase in *Candida albicans* morphogenesis. *Mol. Biol. Cell.* Vol. 16, Page: 2772-2785.
- Avila-Adame C. und Köller W.** (2003) Impact of alternative respiration and target-site mutations on responses of germinating conidia of *Magnaporthe grisea* to Qo-inhibiting fungicides. *Pest Manag. Sci.* Vol. 59, Page: 303-309.
- Babior B.M.** (2000) Phagocytes and oxidative stress. *Am. J. Med.* Vol. 109, Page: 33-44.
- Bacon J.S.D., Jones D., Farmer V.C., Webley D.M.** (1968). The occurrence of α -(1 + 3) glucan in *Cryptococciis*, *Schizosaccharomyces* and *Polyporus* species, and its hydrolysis by a *Streptomyces* culture filtrate lysing cell walls of *Cryptococciis*. *Biochim. Biophys. Acta.* Vol. 158, Page: 313-315.
- Bai C., Richman R. und Elledge S.J.** (1994) Human cyclin F. *EMBO J.* Vol. 13, Page: 6087-6098.
- Bai G. und Shaner G.** (1994) Scab of wheat: prospects of control. *Plant Dis.* Vol. 78, Page: 760-766.

Bai C., Sen P., Hofmann K., Ma L., Goebel M., Harper J. W. und Elledge S. J. (1996) SKP1 connects cell cycle regulators to the ubiquitin proteolysis machinery through a novel motif, the F-box. *Cell*. Vol. 86, Page: 263-274.

Bailly V., Prakash S. und Prakash L. (1997) Domains required for dimerization of yeast Rad6 ubiquitin-conjugating enzyme and Rad18 DNA binding protein. *Mol. Cell Biol.* Vol. 17: 4536-4543.

Baker P.M. und Roberts J.C. (1996) Studies in mycological chemistry. Part XXI. The structure of aurofusarin, a metabolite of some *Fusarium* species. *J. Chem. Soc. C*. Page: 2234-2237

Baker R.A., Tatum J.H. und Nemeč S. (1990) Antimicrobial activity of naphthoquinones from *Fusaria*. *Mycopathologia*. Vol. 111, Page: 9-15.

Balaban R.S., Nemoto S. und Finkel, T. (2005) Mitochondria, oxidants, and aging. *Cell*. Vol. 120, Page: 483-495.

Bao M.Z., Schwartz M.A., Cantin G.T., Yates J.R. III, Madhani H.D. (2004) Pheromone-dependent destruction of the Tec1 transcription factor is required for MAP kinase signaling specificity in yeast. *Cell*. Vol. 119, Page: 991-1000.

Barbosa I.P. und Kimmelmeier C. (1993) Chemical Composition of the Hyphal Wall from *Fusarium graminearum*. *Exp. Mycol.* Vol. 17, Page: 274-283.

Barna B., Fodor J., Harrach B. D., Pogány M. Király Z. (2012) The Janus face of reactive oxygen species in resistance and susceptibility of plants to necrotrophic and biotrophic pathogens. *Plant Physiol. Biochem.* Vol. 59, Page: 37-43.

Bartel B., Wunning I., Varshavsky A. (1990) The recognition component of the N-end rule pathway. *EMBO J.* Vol. 9, Page: 3179-89.

Bartnicki-Garcia S. (1968) Cell wall chemistry, morphogenesis, and taxonomy of fungi. *Annu. Rev. Microbiol.* Vol. 22, Page: 87-108.

Bartnicki-Garcia S., Bracker C.E., Gierz G., López-Franco R., Lu H. (2000) Mapping the growth of fungal hyphae: orthogonal cell wall expansion during tip growth and the role of turgor. *Biophys. J.* Vol. 79, Page: 2382-2390.

Bates S., Hughes H.B., Munro C.A., Thomas W.P., MacCallum D.M., Bertram G., Atrih A., Ferguson M.A., Brown A.J., Odds F.C., Gow N.A.R. (2006) Outer chain N-glycans are required for cell wall integrity and virulence of *Candida albicans*. *J. Biol. Chem.* Vol. 281, Page: 90-98.

Beauvais A., Bozza S., Kniemeyer O., Formosa C., Balloy V., Henry C., Roberson R.W., Dague E., Chignard M., Brakhage A.A., Romani L., Latgéet J.P. (2013) Deletion of the α -(1,3)-glucan synthase genes induces a restructuring of the conidial cell wall responsible for the avirulence of *Aspergillus fumigatus*. *PLoS Pathog.* Vol. 9.

Beckman K.B. und Ames B.N. (1998). The free radical theory of aging matures. *Physiol. Rev.* Vol. 78, Page: 547-581.

Beddington J. (2010) Global food and farming futures. *Philos. Trans. Royal Soc. B.* Vol 365, Page: 2767.

Berdy J. (1980) Recent advances in and prospects for antibiotic research. *Process Biochem.* Vol. 15, Page: 28-35.

Berdy J., Aszalos A., Boatian M., McNitt K.L. (1980) CRC Handbook of antibiotic compounds III. Quinone and similar antibiotics. CRC Press, Boca Raton, FL.

Berry D.B., Guan Q., Hose J., Haroon S., Gebbia M., Heisler L.E., et al. (2011) Multiple means to the same end: the genetic basis of acquired stress resistance in yeast. *PLOS Genet.* Vol. 7.

Beyer M. und Verreet J.A. (2005) Germination of *Gibberella zeae* ascospores as affected by age of spores after discharge and environmental factors. *Eur. J. Plant. Pathol.* Vol. 111, Page: 381-389

Boenisch M.J. und Schäfer W. (2011) *Fusarium graminearum* forms mycotoxin producing infection structures on wheat. *BMC Plant Biol.* Vol. 11:110.

Bönnighausen J., Gebhard D., Kröger C., Hadelers B., Tumforde T., Lieberei R., Bergemann J., Schäfer W., Bormann J. (2015) Disruption of the GABA shunt affects mitochondrial respiration and virulence in the cereal pathogen *Fusarium graminearum*. *Mol. Microbio.* Vol 98, Page: 1115-1132.

- Bormann J., Boenisch M.J., Brückner E., Firat D., Schäfer W.** (2014) The Adenylyl Cyclase Plays a Regulatory Role in the Morphogenetic Switch from Vegetative Pathogenic Lifestyle of *Fusarium graminearum* on Wheat. PLoS ONE. Vol. 9.
- Bouché N., Fait A., Bouchez D., Møller S.G., Fromm H.** (2003) Mitochondrial succinic-semialdehyde dehydrogenase of the gamma-aminobutyrate shunt is required to restrict levels of reactive oxygen intermediates in plants. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. Vol. 100, Page: 6843-6848.
- Bown A.W. und Shelp B.J.** (1997) **The Metabolism and Functions of [gamma]-Aminobutyric Acid.** Plant Physiol. Vol 115, Page: 1-5. **Bok J.W., Noordermeer D., Kale S.P. und Keller N.P.** (2006) Secondary metabolic gene cluster silencing in *Aspergillus nidulans*. Mol. Microbio. Vol. 61, Page: 1636-1645.
- Boyer J., Badis G., Fairhead C., Talla E., Hantraye F., Fabre E., Fischer G., Hennequin C. et al.** (2004) Large-scale exploration of growth inhibition caused by overexpression of genomic fragments in *Saccharomyces cerevisiae*. Genome Biol. Vol. 5, R72.
- Brand A. und Gow N.A.R.** (2009) Mechanisms of hypha orientation of fungi. Curr. Opin. Microbiol. Vol. 12, Page: 350-357.
- Brown A.J.P., Haynes K. und Quinn J.** (2009) Nitrosative and oxidative stress responses in fungal pathogenicity. Curr. Opin. Microbiol. Vol. 12, Page: 384-391.
- Butler M.J., Day A.W., Henson J.M., Money N.P.** (2001) Pathogenic properties of fungal melanins. Mycologia. Vol. 93, Page: 1-8.
- Butler D.K., All O., Goffena J., Loveless T., Wilson T., Toenjes K.A.** (2006) The GRR1 gene of *Candida albicans* is involved in the negative control of pseudohyphal morphogenesis. Fungal Genet. Biol. Vol. 43, Page: 573-82.
- Branco A., Pinto A.C., Braz-Filho R., Silva E.F., Grynberg N.F., Echevarria A.** (2008) Rubrofusarin, a natural polyketide as new human topoisomerase II-inhibitor. Rev. Bras. Farmacogn. Vol. 18, Page: 703-708.
- Brand M. und Nicholls D.** (2011) Assessing mitochondrial dysfunction in cells. Biochem. J. Vol. 435, Page: 297-312.

Bungard D., Fuerth B.J, Zeng P-Y., Faubert B., Maas N.L., Viollet B. Carling D., Thompson C.B., Jones R.G. Berger S.L. (2010) Signaling Kinase AMPK Activates Stress-Promoted Transcription via Histone H2B Phosphorylation. *Science*. Vol. 329, Page: 1201-1205.

Burke A., Gasdaska P., Hartwell A., Hartwell L. (1989) Dominant Effects of Tubulin Overexpression in *Saccharomyces cerevisiae*. *Mol. Cell. Biol.* Vol. 9, Page: 1049-1059.

Bush D.A., Horisberger M., Horman I., Wursch P. (1974) The Wall Structure of *Schizosaccharomyces pombe*. *J. Gen. Microbiol.* Vol. 81, Page: 199-206.

Cabiscol E., Piulats E., Echave P., Herrero E., Ros J. (2000) Oxidative stress promotes specific protein damage in *Saccharomyces cerevisiae*. *J. Biol. Chem.* Vol. 275, Page: 27393-27398.

Campo S., Carrascal M., Coca M., Abián J., San Segundo B. (2004) The defense response of germinating maize embryos against fungal infection: a proteomics approach. *Proteomics*. Vol. 4, Page: 383-396.

Cantu D., Schaack J. und Patel M. (2009) Oxidative Inactivation of Mitochondrial Aconitase Results in Iron and H₂O₂-Mediated Neurotoxicity in Rat Primary Mesencephalic Cultures. *PLoS ONE*. Vol. 4.

Cardozo T. und Pagano M. (2004) The SCF ubiquitin ligase: insights into a molecular machine. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* Vol. 5, Page: 739-751.

Carman A.J., Vylkova S. und Lorenz M.C. (2008) Role of acetyl coenzyme A synthesis and breakdown in alternative carbon source utilization in *Candida albicans*. *Eukaryot. Cell*. Vol. 7, Page: 1733-1741.

Castro L.A., Robalinho R.L., Cayota A., Meneghini R., Radi R. (1998) Nitric oxide and peroxynitrite-dependent aconitase inactivation and iron-regulatory protein-1 activation in mammalian fibroblasts. *Arch. Biochem. Biophys.* Vol. 359, Page: 215-224.

Cavinder B., Sikhakolli U., Fellows K.M., Trail F. (2012) Sexual Development and Ascospore Discharge in *Fusarium graminearum*. *J. Vis. Exp.* Vol. 61, 3895

Chakraborty S. (2005) Potential impact of climate change on plant-pathogen interactions. *Australas. J. Plant Pathol.* Vol. 34, Page: 443-448.

- Chance B., Sies H. und Boveris A.** (1979) Hydroperoxid e metabolism in mammalian organs. *Physiol. Rev.* Vol. 59, Page: 527-605.
- Chen C.J., Yu J.J., Bi C.W., Zhang Y.N., Xu J.Q., Wang J.X., Zhou M.G.** (2009) Mutations in a β -tubulin confer resistance of *Gibberella zeae* to benzimidazole fungicides. *Phytopathology.* Vol. 99, Page: 1403-11.
- Ciechanover A.** (1998) The ubiquitin–proteasome pathway: on protein death and cell life. *EMBO J.* Vol. 17, Page: 7151-7160.
- Chou S., Huang L. und Liu H.** (2004) Fus3-regulated Tec1 degradation through SCFCdc4 determines MAPK signaling specificity during mating in yeast. *Cell.* Vol. 119, Page: 981-990.
- Christianson T.W., Sikorski R.S., Dante M., Shero J.H., Hieter P.** (1992) Multifunctional yeast high-copy-number shuttle vectors. *Gene.* Vol. 110, Page:119-122.
- Claydon N. und Groves J.F.** (1982) Insecticidal Secondary Metabolic Products from the Entomogenous Fungus *Verticillium lecanii*. *J. Invertebr. Pathol.*Vol. 40, Page: 413-418.
- Colot H.V., Park G., Turner G.E., Ringelberg C., Crew C.M., Litvinkova L., Weiss R.L., Borkovich K.A., Dunlap J.C.** (2006) A high-throughput gene knockout procedure for *Neurospora* reveals functions for multiple transcription factors.*Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 103, Page:10352-10357.
- Conaway R.C., Brower C.S. und Conaway J.W.** (2002) Emerging roles of ubiquitin in transcription regulation. *Science.* Vol. 296, Page: 1254-1258.
- Cornforth J.W., Ryback G., Robinson P.M., Park D.** (1971) Isolation and Characterization of a fungal vacuolation factor (bikaverin). *J. Chem. Soc.C.* Vol. 71, Page: 2786-2788.
- Coronado J.E., Mneimneh S., Epstein S.L., Qiu W.G., Lipke P.N.** (2007) Conserved processes and lineage-specific proteins in fungal cell wall evolution. *Eukaryot. Cell.* Vol 6, Page: 2269-2277.
- Cumagun C.J.R. und Miedaner T.** (2004) Segregation for aggressiveness and deoxynivalenol production of a population of *Gibberella zeae* causing head blight of wheat. *Eur. J. Plant Pathol.* Vol. 110, Page: 789-799

Cuomo C. A., Güldener U., Xu J.R., Trail F., Turgeon B.G., Di Pietro A., Walton J.D., Ma L.J., Baker S.E., Rep M., Adam G., Antoniw J., Baldwin T., Calvo S., Chang Y.L., Decaprio D., Gale L.R. et al. (2007) The *Fusarium graminearum* genome reveals a link between localized polymorphism and pathogen specialization. *Science*. Vol. 317, Page: 1400–1402.

Delledonne M., Zeier J., Marocco A., Lamb C. (2001) Signal interaction between nitric oxide and reactive oxygen intermediates in the plant hypersensitive disease resistance response. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. Vol. 98, Page: 13454-13459.

Demain A.L. und Fang A. (2000) The natural functions of secondary metabolites. *Adv. Biochem. Eng. Biotechnol.* Vol 69, Page: 1-39.

Deniaud E., Baguet J., Chalard R., Blanquier B., Brinza L., Meunier J., Michallet M.C., Laugraud A., Ah-Soon C., Wierinckx A., Castellazzi M., Lachuer J., Gautier C., Marvel J., Leverrier Y. (2009) Overexpression of Transcription Factor Sp1 Leads to Gene Expression Perturbations and Cell Cycle Inhibition. *PLoS ONE*. Vol. 4.

Desler C., Lau Hansen T., Frederiksen J.B., Marcker M.L., Singh K.K. und Rasmussen L.J. (2012) Is There a Link between Mitochondrial Reserve Respiratory Capacity and Aging? *J. Aging. Res.* Vol. 2012, Pages 9.

Di Fiore P.P., Polo S. und Hofmann K. (2003). When ubiquitin meets ubiquitin receptors: a signalling connection. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* Vol. 4, Page: 491-497.

D’Mello J.P.F., Placinta C.M. und Macdonald A.M.C. (1999) *Fusarium* Mycotoxins: A Review of Global Implications for Animal Health, Welfare and Productivity. *Anim. Feed. Sci. Technol.* Vol 80, Page: 183-205.

Doshi P., Bossie C.A., Doonan J.H., May G.S., Morris N.R. (1991) Two alphanubulin genes of *Aspergillus nidulans* encode divergent proteins. *Mol. Gen. Genet.* Vol. 225, Page: 129-141.

Dreyfuss M.M. und Chapela I.H. (1994) Potential of fungi in the discovery of novel, low molecular weight pharmaceuticals. In: Gullo. *The Discovery of Natural Products with Therapeutic Potential*. Chapter 3, Page: 49-80.

- Droge W.** (2002) Free radicals in the physiological control of cell function. *Physiol. Rev.* Vol. 82, Page: 47-95.
- Dubin H. J., Gilchrist L., Reeves L., McNab A.** (1997) *Fusarium* head scab: Global status and prospects. *CIMMYT*. Pages 130.
- Duveiller E., Singh R. und Nicol J.** (2007) The challenges of maintaining wheat productivity: Pests, diseases, and potential epidemics. *Euphytica*. Vol. 157, Page: 417-430.
- Duyvesteijn R.G., van Wijk R., Boer Y., Rep M., Cornelissen B.J., Haring M.A.** (2005) Frp1 is a *Fusarium oxysporum* F-box protein required for pathogenicity on tomato. *Mol. Microbiol.* Vol. 57, Page: 1051-63.
- Elble R. und Tye B-K.** (1991) Both activation and repression of a-mating-type-specific genes in yeast require transcription factor Mcml. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. Vol. 88, Page: 10966-10970.
- Ellison K.S., Gwozd T., Prendergast J.A., Paterson M.C., Ellison M.J.** (1991) A site-directed approach for constructing temperature-sensitive ubiquitin-conjugating enzymes reveals a cell cycle function and growth function for RAD6. *J. Biol. Chem.* Vol. 266, Page: 24116-24120.
- Elstner E.F.** (1982) Oxygen activation and oxygen toxicity. *Annu. Rev. Plant. Physiol.* Vol 33, Page: 73-96.
- Elthon T.E. und McIntosh L.** (1987) Identification of the alternative terminal oxidase of higher plant mitochondria. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. Vol. 84, Page: 8399-8403.
- Ene I.V., Walker L.A., Schiavone M., Lee K.K., Martin-Yken H., Dague E., Gow N.A.R., Munro C.A., Brown A.J.P.** (2015) Cell wall remodeling enzymes modulate fungal cell wall elasticity and osmotic stress resistance. *mBio*. Vol. 6.
- Enkhbayar P., Kamiya M., Osaki M., Matsumoto T., Matsushima N.** (2004) Structural principles of leucine-rich repeat (LRR) proteins. *Proteins*. Vol. 54, Page: 394-403.
- Enserink J.M. und Kolodner R.D.** (2012) What makes the engine hum: Rad6, a cell cycle supercharger. *Cell Cycle*. Vol. 11, Page: 249-52.

- Espinet C., de la Torre M.A., Aldea M., Herrero E.** (1995) An efficient method to isolate yeast genes causing overexpression-mediated growth arrest. *Yeast*. Vol. 11, Page: 25-32.
- Evans T., Rosenthal E.T., Youngblom J., Distel D., Hunt T.** (1983) Cyclin: a protein specified by maternal mRNA in sea urchin eggs that is destroyed at each cleavage division. *Cell*. Vol. 33, Page 389.
- Feldman R.M.R., Correll C.C., Kaplan K.B., Deshaies R.J.** (1997) A complex of Cdc4p, Skp1p, and Cdc53p/cullin catalyzes ubiquitination of the phosphorylated CDK inhibitor Sic1p. *Cell*. Vol. 91, Page: 221-230.
- Finley D.** (2009) Recognition and Processing of Ubiquitin-Protein Conjugates by the Proteasome. *Annu. Rev. Biochem.* Vol. 78, Page: 477-513.
- Flint D.H., Tuminello J.F., Emptage M.H.** (1993) The inactivation of Fe-S cluster containing hydro-lyases by superoxide. *J. Biol. Chem.* Vol. 268, Page: 22369-22376.
- Fontaine T., Simenel C., Dubreucq G., Adam O., Delepierre M., Lemoine J., Vorgias C.E., Diaquin M., Latgé J.P.** (2000) Molecular Organization of the Alkali-insoluble Fraction of *Aspergillus fumigatus* Cell Wall. *J. Biol. Chem.* Vol. 275, Page: 27594-27607.
- Forman H.J. und Kennedy J.A.** (1974) Role of superoxide radical in mitochondrial dehydrogenase reactions. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* Vol. 60, Page: 1044-1050.
- Forman H.J. und Boveris A.** (1982) Superoxide radical and hydrogen peroxide in mitochondria. *Free Radic. Biol.* Vol. 5, Page: 65-89.
- François, J.M.** (2006) A simple method for quantitative determination of polysaccharides in fungal cell walls. *Nat. Protoc.* Vol. 1, Page: 2995-3000.
- Frandsen R.J., Nielsen N.J., Maolanon N., Sørensen J.C., Olsson S., Nielsen J., Giese H.** (2006) The biosynthetic pathway for aurofusarin in *Fusarium graminearum* reveals a close link between the naphthoquinones and naphthopyrones. *Mol. Microbiol.* Vol. 61, Page: 1069-1080.
- Frandsen R.J., Albertsen K.S., Stougaard P., Sørensen J.L., Nielsen K.F., Olsson S., Giese H.** (2010) Methylenetetrahydrofolate reductase activity is involved in the plasma membrane

redox system required for pigment biosynthesis in filamentous fungi. *Eukaryot. Cell.* Vol. 9, Page: 1225-1235.

Frandsen R.J., Schutt C., Lund B.W., Staerk D., Nielsen J., Olsson S., Giese H. (2011) Two novel classes of enzymes are required for the biosynthesis of aurofusarin in *Fusarium graminearum*. *J. Biol. Chem.* Vol. 286, Page: 10419-10428.

Free S.J. (2013) Fungal Cell Wall Organization and Biosynthesis. *Adv. Genet.* Vol. 81, Page: 34-71.

Fuchs U., Manns I., und Steinberg G. (2005). Microtubules are dispensable for the initial pathogenic development but required for long-distance hyphal growth in the corn smut fungus *Ustilago maydis*. *Mol. Biol. Cell.* Vol. 16, Page: 2746-2758.

Fujikawa T., Sakaguchi A., Nishizawa Y., Kouzai Y., Minami E., Yano S., Koga H., Meshi T., Nishimiura M. (2012) Surface α -1,3-glucan facilitates fungal stealth infection by interfering with innate immunity in plants. *PLOS Pathog.* Vol. 8.

Fukamizo T. Honda Y. Toyoda H. Ouchi S. Goto S. (1996) Chitinous Component of the Cell Wall of *Fusarium oxysporum*, Its Structure Deduced from Chitosanase Digestion. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* Vol. 60, Page: 1705-1708.

Game J.C., Lamb T.J., Braun R.J., Resnick M., Roth R.M. (1980) The role of radiation (rad) genes in meiotic recombination in yeast. *Genetics.* Vol. 94, Page: 51-68.

Game J.C. und Chernikova S.B. (2009) The role of RAD6 in recombinational repair, checkpoints and meiosis via histone modification. *DNA Repair (Amst).* Vol. 8, Page: 470-82.

Gangloff S.P., Marguet D. und Lauquin G.J. (1990) Molecular cloning of the yeast mitochondrial aconitase gene (ACO1) and evidence of a synergistic regulation of expression by glucose plus glutamate. *Mol. Cell. Biol.* Vol. 10, Page: 3551-3561.

García I., Tajadura V., Martín V., Takashi T., Sánchez Y. (2006) Synthesis of α -glucans in fission yeast spores is carried out by three α -glucan synthase paralogues, Mok12p, Mok13p and Mok14p. *Mol. Microbiol.* Vol. 59, Page: 836–853.

- García-Rodríguez, L. J., Trilla, J. A., Castro, C., Valdivieso, M. H., Duran, A., Roncero, C.** (2000) Characterization of the chitin biosynthesis process as a compensatory mechanism in the *fks1* mutant of *Saccharomyces cerevisiae*. *FEBS Letters* 478 (1-2), Page: 84-88
- Gardiner D.M., Kazan K. und Manners J.M.** (2009) Novel Genes of *Fusarium graminearum* That Negatively Regulate Deoxynivalenol Production and Virulence. *Mol. Plant. Microbe. Interact.* Vol. 22, Page: 1588-1600.
- Gardner P.R.** (2002) Aconitase: sensitive target and measure of superoxide. *Methods. Enzymol.* Vol. 349, Page: 9-23.
- Gardner P. R., Nguyen D. D. und White C. W.** (1994) Aconitase is a sensitive and critical target of oxygen poisoning in cultured mammalian cells and in rat lungs. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 91, Page: 12248-12252.
- Garrett K. A., Dendy S. P., Frank E. E., Rouse M. N., Travers S. E.** (2006) Climate Change Effects on Plant Disease: Genomes to Ecosystems. *Annu. Rev. Phytopathol.* Vol. 44, Page: 489-509.
- Gastebois A., Clavaud C., Aïmanianda V., Latgé, J.P.** (2009) *Aspergillus fumigatus*: cell wall polysaccharides, their biosynthesis and organization. *Future Microbiol.* Vol. 4, Page: 583-595.
- Gdanetz K. und Trail F.** (2017) The Wheat Microbiome Under Four Management Strategies, and Potential for Endophytes in Disease Protection. *Phytobiomes J.* Vol. 1, Page: 158-168.
- Gebhard D., Bönnighausen J., Bergemann J., Schäfer W., Bormann J.** (2016). A Highly Efficient Method for Measuring Oxygen Consumption Rate in *Fusarium graminearum*. *Bio. Protoc.* Vol. 6.
- Gilbert J. und Fernando W.G.D.** (2004) Epidemiology and biological control of *Gibberella zae/Fusarium graminearum*. *Can. J. Plant Pathol.* Vol. 26, Page: 464-472.
- Glickman M.H. und Ciechanover A.** (2002) The ubiquitin-proteasome proteolytic pathway: destruction for the sake of construction. *Physiol. Rev.* Vol. 82, Page: 373-428.
- Gonçalves A.P. und Videira A.** (2015) Mitochondrial type II NAD(P)H dehydrogenases in fungal cell death. *Microb. Cell.* Vol. 2, Page :68-73.

- Gonzalez-Fernandez R., Aloria K., Valero-Galvan J., Redondo I., Arizmendi J.M., Jorri-
Novo J.V.** (2014) Proteomic analysis of mycelium and secretome of different *Botrytis*
cinereal wild-type strains. *J. Proteomics*. Vol. 97, Page: 195-221.
- Goswami R. S. und Kistler H. C.** (2004) Heading for disaster: *Fusarium graminearum* on
cereal crops. *Mol. Plant. Pathol.* Vol. 5, Page: 515-525.
- Goswami R.S., Xu J.R., Trail F., Hilburn K., Kistler H.C.** (2006) Genomic analysis of host-
pathogen interaction between *Fusarium graminearum* and wheat during early stages of
disease development. *Microbiology*. Vol. 152, Page: 1877-1890.
- Gow N.A.R., Brown A.J., Odds F.C.** (2002) Fungal morphogenesis and host invasion. *Curr.*
Opin. Microbiol. Vol. 5, Page: 366-371.
- Gow N.A.R, van de Veerdonk F.L., Brown A.J., Netea M.G.** (2012) *Candida albicans*
morphogenesis and host defence: discriminating invasion from colonization. *Nat. Rev.*
Microbiol. Vol. 10, Page: 112-122.
- Gow N.A.R., Latge J.P. und Munro C.A.** (2017) The Fungal Cell Wall: Structure, Biosynthesis,
and Function. *Microbiol. Spectr.* Vol. 5.
- Grahl N., Dinamarco T.M., Willger S.D., Goldman G.H., Cramer R.A.** (2012) *Aspergillus*
fumigatus mitochondrial electron transport chain mediates oxidative stress homeostasis,
hypoxia responses, and fungal pathogenesis. *Mol. Microbiol.* Vol. 84, Page: 383-399.
- Green C.E. und Phillips R.L.** (1975) Plant regeneration from tissue cultures of maize. *Crop*
Sci. Vol. 15, Page: 417-421.
- Grün C.H., Hochstenbach F., Humbel B.M., Verkleij A.J., Sietsma J.H., Klis F.M., Kamerling
J.P., Vliegthart J.F.G.** (2005) The structure of cell wall α -glucan from fission yeast.
Glycobiology. Vol. 15, Page: 245-257.
- Guo M., Chen Y., Du Y., Dong Y., Guo W., Zhai S., Zhang H., Dong S., Zhang Z., Wang Y.,
Wang P., Zheng X.** (2011) The bZIP transcription factor MoAP1 mediates the oxidative
stress response and is critical for pathogenicity of the rice blast fungus *Magnaporthe*
oryzae. *PLOS Pathog.* Vol.7.

- Guo M., Gao F., Zhu X., Nie X., Pan Y., Gao Z.** (2015) MoGrr1, a novel F-box protein, is involved in conidiogenesis and cell wall integrity and is critical for the full virulence of *Magnaporthe oryzae*. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* Vol. 99, Page: 8075-8088.
- Gutman M. und Silamn N.** (1975) The steady state activity of succinate dehydrogenase in the presence of opposing effectors. *Mol. Cell. Biochem.* Vol. 30, Page: 51-58.
- Haglund K., Di Fiore P.P. und Dikic I.** (2003) Distinct monoubiquitin signals in receptor endocytosis. *Trends. Biochem. Sci.* Vol. 28, Page: 598-603.
- Haglund K., Sigismund S., Polo S., Szymkiewicz I., Di Fiore P.P., Dikic I.** (2003) Multiple monoubiquitination of RTKs is sufficient for their endocytosis and degradation. *Nat. Cell. Biol.* Vol. 5, Page: 461-466.
- Haglund K. und Dikic I.** (2005) Ubiquitylation and cell signaling. *EMBO J.* Vol. 24, Page: 3353-3359.
- Hampton M.B., Kettle A.J. und Winterbourn C.C.** (1998) Inside the neutrophil phagosome: Oxidants, myeloperoxidase and bacterial killing. *Blood.* Vol. 92, Page: 3007-3017.
- Han Y.K., Kim J.D., Lee S.H., Yun S.H., Lee Y.W.** (2007) A novel F-box protein involved in sexual development and pathogenesis in *Gibberella zeae*. *Mol. Microbiol.* Vol. 63, Page: 768-779.
- Hanuske-Abel H.M.1, Park M.H., Hanuske A.R., Popowicz A.M., Lalande M., Folk J.E.** (1994) Inhibition of the G1-S transition of the cell cycle by inhibitors of deoxyhypusine hydroxylation. *Biochim. Biophys. Acta.* Vol. 1221, Page: 115-124.
- Hancock J.T., Desikan R. und Neill S.J.** (2001) Role of Reactive Oxygen Species in Cell Signaling Pathways *Biochem. Soc. Trans.* Vol. 29, Page: 345-350.
- Hansberg W., Salas-Lizana R. und Domínguez L.** (2012) Fungal catalases: Function, phylogenetic origin and structure. *Arc. Biochem. Biophys.* Vol. 525, Page: 170-180.
- Hazen S.P., Hawley R.M., Davis G.L., Henrissat B., Walton J.D.** (2003) Quantitative trait loci and comparative genomics of cereal cell wall composition. *Plant Physiol.* Vol. 132, Page: 263-271.

- Heller J. und Tudzynski P.** (2011) Reactive oxygen species in phytopathogenic fungi: Signaling, development and disease. *Annu. Rev. Phytopathol.* Vol. 49, Page: 369-390.
- Hematy K., Cherk C. und Somerville S.** (2009) Host-pathogen warfare at the plant cell wall. *Curr. Opin. Plant Biol.* Vol 12, Page: 406-413.
- Henry K.W.1, Wyce A., Lo W.S., Duggan L.J., Emre N.C., Kao C.F., Pillus L., Shilatifard A., Osley M.A., Berger S.L.** (2003) Transcriptional activation via sequential histone H2B ubiquitylation and deubiquitylation, mediated by SAGA-associated Ubp8. *Genes Dev.* Vol. 17, Page: 2648-63.
- Herrero S., Takeshita N. und Fischer R.** (2014) F-Box Protein RcyA Controls Turnover of the Kinesin-7 Motor KipA in *Aspergillus nidulans*. *Eukaryotic Cell.* Vol. 13, Page: 1085-1094.
- Hershko A. und Ciechanover A.** (1998) The ubiquitin system. *Annu Rev Biochem.* Vol. 67, Page: 425-79.
- Hicke L.** (2001) Protein regulation by monoubiquitin. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* Vol. 2, Page: 195-201.
- Hochstenbach F., Klis F.M., van den Ende H., van Donselaar E., Peters P.J., Klausner R.D.** (1998) Identification of a putative alpha-glucan synthase essential for cell wall construction and morphogenesis in fission yeast. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 95, Page: 9161-9166.
- Ho M.S., Tsai P-I. und Chien C-T.** (2006) F-box proteins: the key to protein degradation. *J. Biomed. Sci.* Vol. 13, Page: 181-191.
- Hoegel C., Pfander B., Moldovan G.L., Pyrowolakis G., Jentsch S.** (2002) RAD6-dependent DNA repair is linked to modification of PCNA by ubiquitin and SUMO. *Nature.* Vol. 419, Page: 135-141.
- Hoffmeister D. und Keller N.P.** (2007) Natural products of filamentous fungi: Enzymes, genes, and their regulation. *Nat. Prod. Rep.* Vol. 24, Page: 393-416.
- Hogan L.H. und Klein B.S.** (1994) Altered expression of surface α -1,3-glucan in genetically related strains of *Blastomyces dermatitidis* that differ in virulence. *Infect. Immun.* Vol. 62, Page: 3543–3546.

- Hohmann S.** (2002) Osmotic stress signaling and osmoadaptation in yeasts. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* Vol. 66, Page: 300-372.
- Horio T. und Oakley B.R.** (2005) The role of microtubules in rapid hyphal tip growth of *Aspergillus nidulans*. *Mol. Biol. Cell.* Vol. 16, Page: 918–926.
- Howard R. J. und Ferrari M. A.** (1989) Role of melanin in appressorium function. *Exp. Mycol.* Vol. 13, Page: 403-418.
- Howard R.J. Ferrari M.A., Roach D.H., Money N.P.** (1991) Penetration of hard substrates by a fungus employing enormous turgor pressures. *Proc. Natd. Acad. Sci. USA.* Vol. 88, Page: 11281-11284.
- Hranueli D., Peric N., Borovicka B., Bogdan S., Cullum J., Waterman P.G., Hunter I.S.** (2001) Molecular biology of polyketide biosynthesis. *Food Technol. Biotechnol.* Vol. 39, Page: 203-213.
- Hwang W.W., Venkatasubrahmanyam S., Ianculescu A.G., Tong A., Boone C., Madhani H.D.** (2003) A conserved RING finger protein required for histone H2B monoubiquitination and cell size control. *Mol. Cell.* Vol. 11, Page: 261-266.
- Hyams J.S. und Lloyd C.W.** (1993). *Microtubules*. New York: Wiley-Liss. Page: 343–365.
- Hynes M.J. und Murray S.L.** (2010) ATP-citrate lyase is required for production of cytosolic acetyl coenzyme A and development in *Aspergillus nidulans*. *Eukaryot. Cell.* Vol. 9, Page: 1039-1048.
- Jackowski S. und Leonardi R.** (2014) Deregulated coenzyme A loss of metabolic flexibility and diabetes. *Biochem. Soc. Trans.* Vol. 42, Page: 1118-1122.
- Jenkinson C.B., Jones K., Zhu J., Dorhmi S., Khang C.H.** (2017) The appressorium of the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae* remains mitotically active during post-penetration hyphal growth. *Fungal Genet. Biol.* Vol. 98, Page: 35-38.
- Jentsch S., McGrath J.P. und Varshavsky A.** (1987) The yeast DNA repair gene RAD6 encodes a ubiquitin-conjugating enzyme. *Nature.* Vol. 329, Page: 131-134.
- Johnson E.S., Ma P.C., Ota I.M., Varshavsky A.A.** (1995) Proteolytic pathway that recognizes ubiquitin as a degradation signal. *J. Biol. Chem.* Vol. 270, Page: 17442-17456.

- Jones P.A. und Baylin S.B.** (2002) The fundamental role of epigenetic events in cancer. *Nat. Rev. Genet.* Vol. 3, Page: 415-428.
- Jonkers W. und Rep M.** (2009) Lessons from fungal F-box proteins. *Eukaryot. Cell.* Vol. 8, Page: 677-695.
- Jonkers W., Van Kan J.A., Tijm P., Lee Y.W., Tudzynski P., Rep M., Michielse C.B.** (2011) The FRP1 F-box gene has different functions in sexuality, pathogenicity and metabolism in three fungal pathogens. *Mol. Plant. Pathol.* Vol. 12, Page: 548-63.
- Joseph-Horne T., Hollomon D.W. und Wood P.M.** (2001) Fungal respiration: a fusion of standard and alternative components. *Biochim. Biophys. Acta.* Vol. 1504, Page: 179-195.
- Juliano B.O und Bechtel D.B** (1985) The grain and its gross composition. In *Rice: Chemistry and Technology*, 2nd Edition, Page: 17-58.
- Kafri M., Metzli-Raz E., Jona G., Barkaiet N.** (2015) The Cost of Protein Production. *Cell Rep.* Vol. 14, Page: 22-31.
- Kaiser P., Flick K., Wittenberg C., Reed S. I.** (2000) Regulation of transcription by ubiquitination without proteolysis: Cdc34/ SCF(Met30)-mediated inactivation of the transcription factor Met4. *Cell.* Vol. 102, Page: 303-314.
- Kanetsuna F., Carbonell L.M., Gil F., Azuma I.** (1974) Chemical and ultrastructural studies on the cell walls of the yeastlike and mycelial forms of *Histoplasma capsulatum*. *Mycopathol. Mycol. Appl.* Vol. 54, Page: 1-13.
- Karpiuk O.1, Najafova Z., Kramer F., Hennion M., Galonska C., König A., Snaidero N., Vogel T., Shchebet A., Begus-Nahrman Y., Kassem M., Simons M., Shcherbata H., Beissbarth T., Johnsen S.A.** (2012) The histone H2B monoubiquitination regulatory pathway is required for differentiation of multipotent stem cells. *Molecular Cell.* Vol. 46, Page: 705-713.
- Kawamura C., Tsujimoto T. und Tsuge T.** (1999) Targeted disruption of a melanin biosynthesis gene affects conidial development and UV tolerance in the Japanese pear pathotype of *Alternaria alternata*. *Mol. Plant-Microbe Interact.* Vol. 12, Page: 59-63.

- Keller N.P. und Hohn T.M.** (1997) Metabolic Pathway Gene Clusters in Filamentous Fungi. *Fungal Genet. Biol.* Vol. 21, Page: 17-29.
- Keller N.P., Turner G. und Bennett J.W.** (2005) Fungal secondary metabolism - from biochemistry to genomics. *Nat. Rev. Microbiol.* Vol. 3, Page: 937-947.
- Kim J.E., Han K.H., Jin J., Kim H., Kim J.C., Yun S.H., Lee Y.W.** (2005) Putative polyketide synthase and laccase genes for biosynthesis of aurofusarin in *Gibberella zeae*. *Appl. Environ. Microbiol.* Vol. 71, Page: 1701-1708.
- Kim J.E., Jin J., Kim H., Kim J.C., Yun S.H., Lee, Y.W.** (2006) GIP2, a putative transcription factor that regulates the aurofusarin biosynthetic gene cluster in *Gibberella zeae*. *Appl. Environ. Microbiol.* Vol. 72, Page: 1645-1652.
- Kim H.T., Kim K.P., Lledias F., Kisselev A.F., Scaglione K.M., Skowrya D., Gygi S.P., Goldberg A.L.** (2007) Certain pairs of ubiquitin-conjugating enzymes (E2s) and ubiquitin-protein ligases (E3s) synthesize nondegradable forked ubiquitin chains containing all possible isopeptide linkages. *J. Biol. Chem.* Vol. 282, Page: 17375–17386.
- Kipreos E.T. und Pagano M.** (2000) The F-box protein family. *Genome Biol.* Vol. 1.
- Kleemann J., Rincon-Rivera L.J., Takahara H., Neumann U., Ver Loren van Themaat E., van der Does H.C., Hacquard S., Stüber K., Will I., Schmalenbach W., Schmelzer E., O'Connell R.J.** (2012) Sequential delivery of host-induced virulence effectors by appressoria and intracellular hyphae of the phytopathogen *Colletotrichum higginsianum*. *PLoS Pathog.* Vol. 8.
- Klimpel K.R. und Goldman W.E.** (1988) Cell walls from avirulent variants of *Histoplasma capsulatum* lack α -(1,3)-glucan. *Infect. Immun.* Vol. 56, Page: 2997-3000.
- Klis F.M.** (1994) Review: Cell Wall assembly in Yeast. *Yeast.* Vol. 10, Page: 851-869.
- Klis F.M., Sosinska G.J., de Groot P.W., Brul S.** (2009) Covalently linked cell wall proteins of *Candida albicans* and their role in fitness and virulence. *FEMS Yeast Res.* Vol. 9, Page: 1013-1028.
- Klotz L.** (2002) Oxidant-induced signaling: effects of peroxynitrite and singlet oxygen. *Biol. Chem.* Vol. 383, Page: 443-456

- Koken M.H.M., Reynolds P., Jaspers-Dekker I., Prakash L., Prakash S., Bootsma D., Hoeijmakers J.** (1991) Structural and functional conservation of two human homologs of the yeast DNA repair gene RAD6. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 88, Page: 8865-8869.
- Konzack S., Rischitor P.E., Enke C., Fischer R.** (2005) The role of the kinesin motor KipA in microtubule organization and polarized growth of *Aspergillus nidulans*. *Mol. Biol. Cell.* Vol. 16, Page: 497-506.
- Kornitzer D. und Ciechanover A.** (2000) Modes of regulation of ubiquitin-mediated protein degradation. *J. Cell Physiol.* Vol. 182, Page: 1-11.
- Kotik A.N. und Trufanova V.A.** (1998) Detection of naphthoquinone fusariotoxin aurofusarin in wheat. *Mikol. Fitopatol.* Vol. 32, Page: 58–61.
- Krappmann S., Jung N., Medic B., Busch S., Prade R.A. Braus G.H.** (2006) The *Aspergillus nidulans* F-box protein GrrA links SCF activity to meiosis. *Mol. Microbiol.* Vol. 61, Page: 76-88.
- Kumar S. und Punekar N.S.** (1997) The metabolism of 4-aminobutyrate (GABA) in fungi. *Mycol Res.* Vol. 101, Page: 403-409.
- Langfelder K., Streibel M., Jahn B., Hasse G., Brakhage A. A.** (2003) Biosynthesis of fungal melanins and their importance for human pathogenic fungi. *Fungal Genet. Biol.* Vol. 38, Page: 143-158.
- Latgé J.P. und Calderone R.** (2005) The fungal cell wall. In *The Mycota I. Growth, Differentiation and Sexuality.* Kües U., and Fischer R. (eds). Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag. Page: 73-104.
- Latgé, J.P.** (2007) The cell wall: a carbohydrate amour for the fungal cell. *Mol. Microbiol.* Vol. 66, Page: 279-290.
- Latgé, J.P.** (2010) Tasting the fungal cell wall. *Cellular Microbiol.* Vol. 12, Page: 863-872.
- Latgé, J.P. und Beauvais A.** (2014) Functional duality of the cell wall. *Curr. Opin. Microbiol.* Vol. 20, Page: 111-117

- Lawrence, C.W. und Christensen, R.B.** (1979) Metabolic suppressors of trimethoprim and ultraviolet light sensitivities of *Saccharomyces cerevisiae* rad6 mutants. J. Bacteriol. Vol. 139, Page: 866-887.
- Leach J., Lang B.R. und Yoder C.** (1982) Methods for Selection of Mutants and *in vitro* tro Culture of *Cochliobolus heterostrophus*. J. Gen. Microbiol. Vol. 128, Page: 1719-1729.
- Lecker S.H., Goldberg A.L. und Mitch W.E.** (2006) Protein degradation by the ubiquitin-proteasome pathway in normal and disease states. J. Am. Soc. Nephrol. Vol. 17, Page: 1807-19.
- Lee Y.J., Hoe K.L. und Maeng P.J.** (2007) Yeast cells lacking the CIT1-encoded mitochondrial citrate synthase are hypersusceptible to heat- or aging-induced apoptosis. Mol. Biol. Cell. Vol. 18, Page: 3556-67
- Lee J., Park C., Kim J.-C., Kim J.-E., Lee Y.-W.** (2010) Identification and functional characterization of genes involved in the sexual reproduction of the ascomycete fungus *Gibberella zeae*. Biochem. Biophys. Res. Commun. Vol. 401, Page: 48-52.
- Lee S., Son H., Lee J., Min K., Choi G.J., Kim J.C., Lee Y.W.** (2011) Functional Analyses of Two Acetyl Coenzyme A Synthetases in the Ascomycete *Gibberella zeae*. Eukaryot. Cell. Vol. 10, Page: 1043-1052.
- Leeper F.J. und Staunton J.** (1984) The biosynthesis of rubrofusarin, a polyketide naphthopyrone from *Fusarium culmorum*: ¹³C N.M.R. assignments and incorporation of ¹³C- and ²H-labelled acetates. J. Chem. Soc. Perkin. Trans. Vol. 12, Page: 2919-2925.
- Leonardi R., Rehg J.E., Rock C.O., Jackowski S.** (2010) Pantothenate kinase 1 is required to support the metabolic transition from the fed to the fasted state. PLoS One. Vol. 5.
- Lesage G. und Bussey H.** (2006) Cell Wall Assembly in *Saccharomyces cerevisiae*. Microbiol. Mol. Biol. Rev. Vol. 70, Page: 317-343.
- Leslie J.F. und Summerell B.A.** (2006) The *Fusarium* Laboratory Manual. Blackwell Professional, Arnes, Iowa, USA.
- Lipford J. R., Smith G. T., Chi Y., Deshaies R. J.** (2005) A putative stimulatory role for activator turnover in gene expression. Nature. Vol. 438, Page: 113-116.

- Liu P., Kao T.P. und Huang H.** (2008) CDK1 promotes cell proliferation and survival via phosphorylation and inhibition of FOXO1 transcription factor. *Oncogene*. Vol. 27, Page: 4733–4744.
- Liu T.B. und Xue C.** (2011) The Ubiquitin-Proteasome System and F-box Proteins in Pathogenic Fungi. *Mycobiology*. Vol. 39, Page: 243-248.
- Liu T.B., Wang Y., Stukes S., Chen Q., Casadevall A., Xue C.** (2011) The F-Box protein Fbp1 regulates sexual reproduction and virulence in *Cryptococcus neoformans*. *Eukaryot. Cell*. Vol. 10, Page: 791-802.
- Loschen G., Azzi A., Richter C., Flohe L.** (1974) Superoxide radicals as precursors of mitochondrial hydrogen peroxide. *FEBS Lett*. Vol. 42, Page: 68-72.
- Luo M., Cheng K., Xu Y., Yang S., Wu K.** (2017) Plant Responses to Abiotic Stress Regulated by Histone Deacetylases. *Front. Plant Sci*. Vol. 8, Page: 2147.
- Ma Z. und Michailidis T.J.** (2005); Advances in understanding molecular mechanisms of fungicide resistance and molecular detection of resistant genotypes in phytopathogenic fungi. *Crop Prot*. Vol. 24, Page: 853-863.
- Ma L., Zhai Y., Feng D., Chan T.C., Lu Y., Fu X., Wang J., Chen Y., Li J., Xu K., Liang C.** (2010). Identification of novel factors involved in or regulating initiation of DNA replication by a genome-wide phenotypic screen in *Saccharomyces cerevisiae*. *Cell Cycle*. Vol. 9, Page: 4399-410
- Madgwick J.W., West J.S., White R.P., Semenov M.A., Townsend J.A.; Turner J.A., Fit B.D.L.** (2011) Impacts of climate change on wheat anthesis and fusarium ear blight in the UK. *Eur. J. Plant. Pathol*. Volume 130, Page: 117-131
- Maier F.J., Miedaner T., Hadeler B., Felk A., Salomon S., Lemmens M., et al.** (2006) Involvement of trichothecenes in fusarioses of wheat, barley and maize evaluated by gene disruption of the trichodiene synthase (Tri5) gene in three field isolates of different chemotype and virulence. *Mol. Plant Pathol*. Vol. 7, Page: 449-461.

- Malz S.** (2004) Durchgeführt im Rahmen der Dissertation: "Untersuchungen zur Physiologie des getreidepathogenen Pilzes *Fusarium graminearum* Schwabe durch gezielte Gendisruption".
- Malz S., Grell M.N., Thrane C., Maier F.J., Rosager P., Felk A., Albertsen K.S., Salomon S., Bohn L., Schäfer W.** (2005) Identification of a gene cluster responsible for the biosynthesis of aurofusarin in the *Fusarium graminearum* species complex. *Fungal Genet. Biol.* Vol. 42, Page: 420-433.
- Margaret S.H, Pei-I T. und Chien C-T.** (2006) F-box proteins: the key to protein degradation. *J. Biomed. Sci.* Vol. 13, Page: 181–191.
- Markell S.G. und Francl L.J.** (2003) *Fusarium* head blight inoculum: Species prevalence and *Gibberella zeae* spore type. *Plant Dis.* Vol. 87, Page: 814-820.
- Marroquin-Guzman M., Hartline D., Wright J.D., Elowsky C., Bourret T.J., Wilson R.A.** (2017) The *Magnaporthe oryzae* nitrooxidative stress response suppresses rice innate immunity during blast disease. *Nat. Microbiol.* Vol. 2: 17054.
- Martinez-Rocha A.L., Woriedh M., Chemnitz J., Willingmann P., Kröger C., Haderler B., Hauber J. und Schäfer W.** (2016) Posttranslational hypusination of the eukaryotic translation initiation factor-5A regulates *Fusarium graminearum* virulence. *Sci. Rep.* Vol. 6: 24698.
- Marzluf G. A.** (1997) Genetic regulation of nitrogen metabolism in the fungi. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* Vol. 61, Page: 17-32.
- Mauro C. und Dietrich S.M.C.** (1981) Effect of culture conditions on the cell wall composition of *Mucor javanicus* Wehmer (Zygomycetes). *Rickia.* Vol. 9, Page: 107-111.
- Mayorga M.E. und Timberlake W.E.** (1992) The developmentally regulated *Aspergillus nidulans* wA gene encodes a polyketide homologous to polyketide and fatty acid synthases. *Mol. Gen. Genet.* Vol. 235, Page: 205-212.
- McClelland E.E., Ramagopal U.A., Rivera J., Cox J., Nakouzi A., Prabu M.M., Almo S.C., Casadevall A.** (2016) A Small Protein Associated with Fungal Energy Metabolism Affects the Virulence of *Cryptococcus neoformans* in Mammals. *PLoS Pathog.* Vol 12.

- McGarry J.D. und Foster D.W.** (1980) Regulation of hepatic fatty acid oxidation and ketone body production. *Annu. Rev. Biochem.* Vol. 49, Page: 395-420.
- McMullen M., Jones R. und Gallenberg D.** (1997) Scab of wheat and barley: A re-emerging disease of devastating impact. *Plant Dis.* Vol- 81, Page: 1340-1348.
- Mead O., Thynne E., Winterberg B. und Solomon P.S.** (2013) Characterising the Role of GABA and Its Metabolism in the Wheat Pathogen *Stagonospora nodorum*. *PLoS One.* Vol. 8.
- Medentsev A.G. und Akimenko V.K.** (1998) Naphthoquinone metabolites of the fungi. *Phytochemistry.* Vol. 47, Page: 935-959.
- Medentsev A.G., Kotik A.N., Trufanova V.A., Akimenko V.K.** (1993) Identification of aurofusarin in *Fusarium graminearum* isolates, causing a syndrome of worsening of egg quality in chickens. *Prikl. Biokhim. Mikrobiol.* Vol. 29, Page: 542-6.
- Mendenhall M.D., Richardson H.E. und Reed S.I.** (1988) Dominant negative protein kinase mutations that confer a G1 arrest phenotype. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 85, Page: 4426-4430.
- Mendenhall M.D. und Hodge A.E.** (1998) Regulation of Cdc28 Cyclin-Dependent Protein Kinase Activity during the Cell Cycle of the Yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* Vol. 62, Page: 1191-1243.
- Mentges M. und Bormann J.** (2015) Real-time imaging of hydrogen peroxide dynamics in vegetative and pathogenic hyphae of *Fusarium graminearum*. *Sci. Rep.* Vol. 5:14980.
- Meriga B., Reddy B.K., Rao K.R., Reddy L.A., Kishor P.B.K.** (2004) Aluminium-induced production of oxygen radicals, lipid peroxidation and DNA damage in seedlings of rice (*Oryza sativa*). *J. Plant Physiol.* Vol. 161, Page: 63-68.
- Miedaner T., Reinbrecht C. und Schilling A.G.** (2000) Association among aggressiveness, fungal colonization, and mycotoxin production of 26 isolates of *Fusarium graminearum* in winter rye head blight. *J. Plant Dis. Protect.* Vol. 107, Page: 124–134.
- Miedaner T., Cumagun C.J.R. und Chakraborty S.** (2008) Population Genetics of Three Important Head Blight Pathogens *Fusarium graminearum*, *F. pseudograminearum* and *F. culmorum*. *J. Phytopathology.* Vol. 156, Page: 129-139.

Mitch W.E. und Goldberg A.L. (1996) Mechanisms of muscle wasting. The role of the ubiquitin-proteasome pathway. *N. Engl. J. Med.* Vol. 335, Page: 1897-905.

Møller I.M. und Lin W. (1986) Membrane-bound NAD(P)H dehydrogenases in higher plant cells. *Annu. Rev. Plant. Physiol.* Vol. 37: 309-334.

Moncada S., Palmer R.M. und Higgs E.A. (1991) Nitric oxide: physiology, pathophysiology, and pharmacology. *Pharmacol. Rev.* Vol. 43, Page: 109-142.

Montelone B.A., Prakash S. und Prakash L. (1981) Recombination and mutagenesis in *rad6* mutants of *Saccharomyces cerevisiae*: Evidence for multiple functions of the RAD6 gene. *Mol. Gen. Genet.* Vol. 184, Page: 410-415.

Moreira L.M., Lyon J.P., Lima A., Codognoto L., da Hora Machado A.E., de S. Tiago F., Araújo D.M.S., Silva E.L., Hioka N., Rodrigues M.R., Bonacinh J.A., dos Santos S.C., Romanij A.P., Moisés de Oliveirak H.P. (2017) Quinquangulin and rubrofusarin. *Orbital: E-J. Chem.* Vol. 9.

Mukhopadhyay D. und Riezman H. (2007) Proteasome-independent functions of ubiquitin in endocytosis and signaling. *Science.* Vol. 315, Page: 201-205.

Muratani M. und Tansey W. P. (2003) How the ubiquitin-proteasome system controls transcription. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* Vol. 4, Page: 192-201.

Nagygyörgy E.D., Kovács B., Leiter E., Miskei M., Pócsi I., Hornok L., Adám A.L. (2014) Toxicity of abiotic stressors to *Fusarium* species: differences in hydrogen peroxide and fungicide tolerance. *Acta Microbiol. Immunol. Hung.* Vol. 61, Page: 189-208.

Natorff R., Piotrowska M. und Paszewski A. (1998) The *Aspergillus nidulans* sulphur regulatory gene *sconB* encodes a protein with WD40 repeats and an F-box. *Mol. Gen. Genet.* Vol. 257, Page: 255-63.

Nguyen T.V., Schäfer W. und Bormann J. (2012) The Stress-Activated Protein Kinase FgOS-2 Is a Key Regulator in the Life Cycle of the Cereal Pathogen *Fusarium graminearum*. *Mol. Plant-Microbe Interact.* Vol. 9, Page: 1142-1156.

Nicholson R.L. und Hammerschmidt R. (1992) Phenolic compound and their role in disease resistance. *Annu. Rev. Phytopathol.* Vol 30, Page: 369-389.

- Nikolaou E., Agrafioti I., Stumpf M., Quinn J., Stansfield I., Brown A.J.** (2009) Phylogenetic diversity of stress signalling pathways in fungi. *BMC Evol. Biol.* Vol 9. Page: 44.
- Nirenberg H.I.** (1981) A simplified method for identifying *Fusarium* spp. *Can. J. Bot.* Vol. 59, Page:1599-1609.
- Noctor G. und Foyer C.H.** (1998) Ascorbate and glutathione: keeping active oxygen under control. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* Vol. 49, Page: 249-279.
- Orlean P.** (2012) Architecture and Biosynthesis of the *Saccharomyces cerevisiae* Cell Wall. *Genetics.* Vol. 192, Page: 775-818.
- Ottosen S., Herrera F.J und Triezenberg S.J.** (2002) Transcription. Proteasome parts at gene promoters. *Science.* Vol. 296, Page: 479-81.
- Ou C.Y., Pi H. und Chien C.T.** (2003) Control of protein degradation by E3 ubiquitin ligases in *Drosophila* eye development. *Trends Genet.* Vol. 19, Page: 382-389.
- Paccanaro M.C. Sella L., Castiglioni C., Giacomello F., Martínez-Rocha A.L., D'Ovidio R., Schäfer W., Favaron F.** (2017) Synergistic Effect of Different Plant Cell Wall-Degrading Enzymes Is Important for Virulence of *Fusarium graminearum*. *Mol. Plant-Microbe Interact.* Vol. 30, Page: 886-895.
- Paper J.M., Scott-Craig J.S., Adhikari N.D., Cuomo C.A., Walton J.D.** (2007) Comparative proteomics of extracellular proteins in vitro and in planta from the pathogenic fungus *Fusarium graminearum*. *Proteomics.* Vol. 7, Page: 3171-3183.
- Parry D.W., Jenkinson P. und McLeod L.** (1995) *Fusarium* ear blight (scab) in small grain cereals-A review. *J. Plant Pathol.* Vol. 44, Page: 207-238.
- Pechanova O. und Pechan T.** (2015) Maize-Pathogen Interactions: An Ongoing Combat from a Proteomics Perspective. *Int. J. Mol. Sci.* Vol. 30, Page: 28429-28448.
- Peng J., Schwartz D., Elias J.E., Thoreen C.C., Cheng D., Marsischky G., Roelofs J., Finley D., Gygi S.P.** (2003) Proteomics approach to understanding protein ubiquitination. *Nat. Biotechnol.* Vol. 21, Page: 921-926.
- Pérez P. und Ribas J.C.** (2013) Fungal Cell Wall Analysis. *Laboratory Protocols in Fungal Biology.* Page: 175-196.

Perez-Nadales E., Nogueira M.F., Baldin C., Castanheira S., El Ghalid M., Grund E., Lengeler K., Marchegiani E., Mehrotra P.V., Moretti M., Naik V., Osés-Ruiz M., Oskarsson T., Schäfer K., Wasserstrom L., Brakhage A.A., Gow N.A., Kahmann R., Lebrun M.H., Perez-Martin J., Di Pietro A., Talbot N.J., Toquin V., Walther A., Wendland J. (2014) Fungal model systems and the elucidation of pathogenicity determinants. *Fungal Genet. Biol.* Vol. 70, Page: 42-67.

Pestka J.J. und Smolinski A.T. (2005) Deoxynivalenol: toxicology and potential effects on humans. *J. Toxicol. Environ. Health.* Vol. 8, Page: 39-69.

Petch, T. (1936) *Gibberella zeae* (Schwein). *Ann. Mycol.* Vol. 34, Page: 257-260.

Pickart C.M. und Eddins M.J. (2004) Ubiquitin: structures, functions, mechanisms. *Biochim. Biophys. Acta.* Vol. 1695, Page: 55-72.

Pines J. (1991) Cyclins: wheels within wheels. *Cell Growth Differ.* Vol. 2, Page: 305.

Pollard T.D. und Cooper J.A. (2009) Actin, a central player in cell shape and movement. *Science.* Vol. 326, Page: 1208-1212.

Poppenberger B., Berthiller F., Lucyshyn D., Sieberer T., Schuhmacher R., Krska R., Kuchler K., Glössl J., Luschnig C., Adam G. (2003) Detoxification of the Fusarium Mycotoxin Deoxynivalenol by a UDP-glucosyltransferase from *Arabidopsis thaliana*. *J. Biol. Chem.* Vol. 278, Page: 47905–47914.

Prakash L. (1981) Characterization of postreplication repair in *Saccharomyces cerevisiae* and effects of rad6, rad18, rev3 and rad52 mutations. *Mol. Gen. Genet.* Vol. 184, Page: 471-478.

Prakash L. (1994) The RAD6 gene and protein of *Saccharomyces cerevisiae*. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* Vol. 726, Page: 267-273.

Proctor R.H., Hohn T.M. und McCormick S.P. (1995) Reduced virulence of *Gibberella zeae* caused by disruption of a trichthecine toxin biosynthetic gene. *Mol. Plant-Microbe Interact.* Vol. 8, Page: 593-601.

Pusztahelyi T., Holb I.J. und Pócsi I. (2015) Secondary metabolites in fungus-plant interactions. *Front. Plant Sci.* Vol. 6, Page: 573.

- Qi L., Heredia J.E., Altarejos J.Y., Screamon R., Goebel N., Niessen S., Macleod I.X., Liew C.W., Kulkarni R.N., Bain J., Newgard C., Nelson M., Evans R.M., Yates J.** (2006) TRB3 Links the E3 Ubiquitin Ligase COP1 to Lipid Metabolism. *Science*. Vol. 312, Page: 1763-1766.
- Raboy B., Marom A., Dor Y., Kulka R.G.** (1999) Heat-induced cell cycle arrest of *Saccharomyces cerevisiae*: involvement of the RAD6/UBC2 and WSC2 genes in its reversal. *Mol. Microbiol.* Vol. 32, Page: 729-739.
- Ram A.F. und Klis F.M.** (2006) Identification of fungal cell wall mutants using susceptibility assays based on Calcofluor white and Congo red. *Nat. Protoc.* Vol. 1, Page: 2253-2256.
- Ramesh S. und Mathivanan N.** (2009) Screening of marine actinomycetes isolated from the Bay of Bengal, India for antimicrobial activity and industrial enzymes. *World J. Microbiol. Biotechnol.* Vol. 25, Page: 2103-2111
- Rappleye C.A., Engle J.T. und Goldman W.E.** (2004) RNA interference in *Histoplasma capsulatum* demonstrates a role for alpha-(1,3)-glucan in virulence. *Mol. Microbiol.* Vol. 53, Page: 153-65.
- Rappleye C.A., Engle J.T. und Goldman W.E.** (2004) RNA interference in *Histoplasma capsulatum* demonstrates a role for-(1,3)-glucan in virulence. *Mol. Microbiol.* Vol. 53, Page: 153-165.
- Rappleye C.A., Eissenberg L.G. und Goldman W.E.** (2007) *Histoplasma capsulatum* alpha-(1,3)-glucan blocks innate immune recognition by the beta-glucan receptor. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 104, Page: 1366-1370.
- Reid L.M. und Hamilton R.I.** (1996) Effects of inoculation position, timing, macroconidial concentration, and irrigation on resistance of maize to *Fusarium graminearum* infection through kernels. *Can. J. Plant Pathol.* Vol. 18, Page: 279–285.
- Reid L.M., Mather D.E., und Hamilton R.I.** (1996) Distribution of deoxynivalenol in *Fusarium graminearum*-infected maize ears. *Phytopathology.* Vol. 86, Page: 110-114.
- Renault H., El Amrani A., Palanivelu R., Updegraff E.P., Yu A., Renou J.P., et al.** (2011) GABA accumulation causes cell elongation defects and a decrease in ex-pression of genes

encoding secreted and cell wall-related proteins in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physio.* Vol. 52, Page: 894-908.

Reyes-Turcu F.E., Ventii K.H. und Wilkinson K.D. (2009) Regulation and cellular roles of ubiquitin-specific deubiquitinating enzymes. *Annu. Rev. Biochem.* Vol. 78, Page: 363-97.

Reynolds P., Weber S. und Prakash, L. (1985) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 82, Page: 168-172.

Ribichich K.F., Lopez S.E. und Vegetti A.C. (2000) Histopathological Spikelet Changes Produced by *Fusarium graminearum* in Susceptible and Resistant Wheat Cultivars. *Plant Dis.* Vol. 84, Page: 794-802

Robertson K.D. (2005) DNA methylation and human disease. *Nat. Rev. Genet.* Vol. 6, Page: 597–610.

Robzyk K., Recht J. und Osley M. A. (2000) Rad6-dependent ubiquitination of histone H2B in yeast. *Science.* Vol. 287, Page: 501-504.

Rocha O., Ansari K. und Doohan F.M. (2005) Effect of trichothecene mycotoxins on eukaryotic cells: a review. *Food addit. Contam.* Vol. 22, Page: 369-378.

Rock K.L., Gramm C., Rothstein L., Clark K., Stein R., Dick L., Hwang D., Goldberg A.L. (1994). Inhibitors of the proteasome block the degradation of most cell proteins and the generation of peptides presented on MHC class I molecules. *Cell.* Vol. 78, Page: 761-771.

Roe C.R. und Coates P.M. (1995) Mitochondrial fatty acid oxidation disorders. The metabolic and molecular bases of inherited disease. Scriver CR, Beaudet AL, Sly WS, Valle D (eds) Mc-Graw-Hill, New York. Page: 1501-1533.

Roest H.P., van Klaveren J., de Wit J., van Gurp C.G., Koken M.H., Vermey M., van Roijen J.H., Hoogerbrugge J.W., Vreeburg J.T., Baarends W.M., Bootsma D., Grootegoed J.A., Hoeijmakers J.H. (1996) Inactivation of the HR23B ubiquitin-conjugating DNA repair enzyme in mice causes male sterility associated with chromatin modification. *Cell.* Vol. 86, Page: 799-810.

Rottmann M., Dieter S., Brunner H., Rupp S. (2003) A screen in *Saccharomyces cerevisiae* identified CaMCM1, an essential gene in *Candida albicans* crucial for morphogenesis. *Mol. Microbiol.* Vol. 47, Page: 943-959.

Rouillon A., Barbey R., Patton E. E., Tyers M., Thomas D. (2000) Feedback-regulated degradation of the transcriptional 1838 X. Varelas et al. activator Met4 is triggered by the SCF(Met30)complex. *EMBO J.* Vol. 19, Page: 282-294.

Rowley A., Johnston G.C., Butler B., Werner-Washburne M., Singer R.A. (1993) Heat shock-mediated cell cycle blockage and G1 cyclin expression in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *Mol. Cell. Biol.* Vol. 13, Page: 1034-1041.

Roxas V.P., Lodhi S.A., Garrett D.K., Mahan J.R., Allen R.D. (2000) Stress tolerance in transgenic tobacco seedlings that overexpress glutathione S-transferase/glutathione peroxidase. *Plant Cell Physiol.* Vol. 41, Page: 1229-1234

Sadowski M., Suryadinata R., Tan A.R., Roesley S.N., Sarcevic B. (2012) Protein monoubiquitination and polyubiquitination generate structural diversity to control distinct biological processes. *IUBMB Life.* Vol. 64, Page: 136-142.

Saito H. und Tatebayashi K. (2004) Regulation of the osmoregulatory HOG MAPK cascade in yeast. *J Biochem.* Vol. 136, Page: 267-272.

Samson R.A., Frisvad J.C. und Hoekstra E.S. (2000) Introduction to Food- and Airborn fungi. Sixth edition. Printed by American Society Microbiology.

San-Blas G. und San-Blas F. (1977) *Paracoccidioides brasiliensis*: cell wall structure and virulence. A review. *Mycopathologia.* Vol. 62, Page: 77-86.

Sakamoto K.M. (2002) Ubiquitin-dependent proteolysis: its role in human diseases and the design of therapeutic strategies. *Mol. Genet. Metab.* Vol. 77, Page: 44-56.

Saunders D.G., Aves S.J. und Talbot N.J. (2010) Cell Cycle–Mediated Regulation of Plant Infection by the Rice Blast Fungus. *Plant Cell.* Vol. 22, Page: 497-507.

Scandroglio F., Tórtora V., Radi R. und Castro L. (2014) Metabolic control analysis of mitochondrial aconitase: influence over respiration and mitochondrial superoxide and hydrogen peroxide production. *Free Radic. Res.* Vol. 48, Page: 684-693.

- Scharf D.H., Heinekamp T. und Brakhage A.A.** (2014) Human and plant fungal pathogens: the role of secondary metabolites. *PLoS Pathog.* Vol. 10.
- Schatz P.J., Pillus L., Grisafi P., Solomon F., Botstein D.** (1986) Two functional alphas-tubulin genes of the yeast *Saccharomyces cerevisiae* encode divergent proteins. *Mol. Cell. Biol.* Vol. 6, Page: 3711-3721.
- Schieber M. und Chandel N.S.** (2014) ROS function in redox signaling and oxidative stress. *Curr. Biol.* Vol. 24, Page: R453-462.
- Schmidt-Heydt M., Baxter E., Geisen R., Magan N.** (2007) Physiological relationship between food preservatives, environmental factors, ochratoxin and *otapksPv* gene expression by *Penicillium verrucosum*. *Int. J. Food Microbiol.* Vol. 119, Page: 277-283.
- Schoffemeer E.A.M., Klis F.M., Sietsma J.H., Cornelissen B.J.C.** (1999) The Cell Wall of *Fusarium oxysporum*. *Fungal Genet. Biol.* Vol. 27, page: 275-282
- Schwabe S.H.** (1839) *Fusarium graminearum*. *Flora Anhaltina.* Vol. 2, Page: 285.
- Segal L.M. und Wilson R.A.** (2018) Reactive oxygen species metabolism and plant-fungal interactions. *Fungal Genet. Biol.* Vol. 110, Page: 1-9.
- Seiler S., Nargang F.E., Steinberg G., Schliwa M.** (1997) Kinesin is essential for cell morphogenesis and polarized secretion in *Neurospora crassa*. *EMBO J.* Vol. 16, Page: 3025-3034.
- Seong K., Hou Z., Tracy M., Kistler H.C., Xu J.R.** (2005) Random Insertional Mutagenesis Identifies Genes Associated with Virulence in the Wheat Scab Fungus *Fusarium graminearum*. *Phytopathology.* Vol. 95, Page: 744-50.
- Shah K., Kumar R. G., Verma S., Dubey R. S.** (2001) Effect of cadmium on lipid peroxidation, superoxide anion generation and activities of antioxidant enzymes in growing rice seedlings. *Plant Sci.* Vol. 161, Page: 1135-1144.
- Shen Q., Liu L., Wang L., Wang Q.** (2018) Indole primes plant defense against necrotrophic fungal pathogen infection *PLoS One.* Vol. 13
- Shi L. und Tu B.P.** (2015) Acetyl-CoA and the regulation of metabolism: mechanisms and consequences. *Curr. Opin. Cell Biol.* Vol. 33, Page: 125-131.

- Shibata S., Morishita E., Takeda T., Sakata K.** (1966) The structure of aurofusarin. *Tetrahedron Lett.* Vol. 7, Page: 4855-4860.
- Sieber C M.K., Lee W., Wong P., Münsterkötter M., Mewes H.W. et al.** (2014) The *Fusarium graminearum* Genome Reveals More Secondary Metabolite Gene Clusters and Hints of Horizontal Gene Transfer. *PLoS ONE.* Vol.9.
- Sikhakolli U.R., López-Giráldez F., Li N., Common R., Townsend J.P., Trail F.** (2012) Transcriptome analyses during fruiting body formation in *Fusarium graminearum* and *Fusarium verticillioides* reflect species life history and ecology. *Fungal Genet. Biol.* Vol. 49, Page:663-73.
- Singh J., Goel V. und Klar A.J.S.** (1998) A novel function of the DNA repair gene rhp6 in mating-type silencing by chromatin remodeling in fission yeast. *Mol. Cell. Biol.* Vol. 18, Page: 5511-5522.
- Skowrya D., Craig K. L., Tyers M., Elledge S. J., Harper J. W.** (1997) F-box proteins are receptors that recruit phosphorylated substrates to the SCF ubiquitin-ligase complex. *Cell.* Vol. 91, Page: 209-219.
- Son H., Seo Y.S., Min K., Park A.R., Lee J., Jin J.M., Lin Y., Cao P.J., Hong S.Y., Kim E.K., Lee S-H., Cho A., Lee S., [...], Lee Y-W.** (2011) A phenome-based functional analysis of transcription factors in the cereal head blight fungus, *Fusarium graminearum*. *PLoS Pathog.* Vol7.
- Song Y.C., Li H., Ye Y.H., Shan C.Y., Yang Y.M., Tan, R.X.** (2004) Endophytic naphthopyrone metabolites are co-inhibitors of xanthine oxidase, SW1116 cell and some microbial growths. *FEMS Microbiol. Lett.* Vol. 241, Page: 67-72.
- Soshi T., Sakuraba Y., Kafer E., Inoue H.** (1996) The mus- 8 gene of *Neurospora crassa* encodes a structural and functional homolog of the Rad6 protein of *Saccharomyces cerevisiae*. *Curr. Genet.* Vol. 30, Page: 224-231.
- Southern E. M.** (1975) Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. In: *J. Mol. Biol.* Vol. 98, Page: 503–517.

- Spielewoy N., Flick K., Kalashnikova T. I., Walker J. R., Wittenberg C.** (2004) Regulation and recognition of SCFGrr1 targets in the glucose and amino acid signaling pathways. *Mol. Cell. Biol.* Vol. 24, Page: 8994–9005.
- Starai V.J. und Escalante-Semerena J.C.** (2004) Acetyl-coenzyme A synthetase (AMP forming). *Cell. Mol. Life Sci.* Vol. 61, Page: 2020-2030.
- Sun Z. W., und Allis C. D.** (2002) Ubiquitination of histone H2B regulates H3 methylation and gene silencing in yeast. *Nature.* Vol. 418, Page: 104-108.
- Sutton J.C.** (1982) Epidemiology of wheat head blight and maize ear rot caused by *Fusarium graminearum*. *Can. J. Plant Pathol. Rev. Can. Phytopathol.* Vol. 4, Page: 195-209.
- Suzuki Y.J., Forman H.J. und Sevanian A.** (1997) Oxidants as stimulators of signal transduction. *Free Radic. Biol. Med.* Vol. 22, Page: 269-285.
- Sweetlove L.J., Heazlewood J.L., Herald V., Holtzapffel R., Day D.A., Leaver C.J., Millar A.H.** (2002). The impact of oxidative stress on *Arabidopsis* mitochondria. *Plant J.* Vol. 32; Page: 891-904.
- Thomson R.H.** (1971) Naturally Occurring Quinones. London: Academic. Page: 198–336.
- Thrower J.S., Hoffman L., Rechsteiner M., Pickart, C.M.** (2000) Recognition of the polyubiquitin proteolytic signal. *EMBO J.* Vol. 19, Page: 94-102.
- Tiedemann A.** (1997). Evidence for a primary role of active oxygen species in induction of host cell death during infection of bean leaves with *Botrytis cinerea*. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* Vol. 50, Page: 151-66.
- Tokunaga F., Sakata S., Saeki Y., Satomi Y., Kirisako T., Kamei K., Nakagawa T., Kato M., Murata S., Yamaoka S., Yamamoto M., Akira S., Takao T., Tanaka K., Iwai K.** (2009) Involvement of linear polyubiquitylation of NEMO in NF-kappaB activation. *Nat. Cell Biol.* Vol. 11, Page: 123-132.
- Toone W.M. und Jones N.** (1999) AP-1 transcription factors in yeast. *Curr. Opin. Genet. Dev.* Vol. 9, Page: 55-61.

- Torres M.A., Onouchi H., Hamada S., Machida C., Hammond-Kosack K.E., Jones J.D.** (1998) Six *Arabidopsis thaliana* homologues of the human respiratory burst oxidase (gp91phox). *Plant J.* Vol. 14, Page: 365-70.
- Trail F.** (2009) For blighted waves of grain: *Fusarium graminearum* in the postgenomics era. *Plant Physiol.* Vol. 149, Page: 103-110.
- Tretter L. und Adam-Vizi V.** (2004) Generation of reactive oxygen species in the reaction catalyzed by alpha-ketoglutarate dehydrogenase. *J. Neurosci.* Vol. 24, Page: 7771-8.
- Tuch B. B., Galgoczy D. J., Hernday A. D., Li H., Johnson A. D.** (2008) The evolution of combinatorial gene regulation in fungi. *PLoS Biol.* Vol. 2, Page: 352-364.
- Turner S.D., Ricci A.R., Petropoulos H., Genereaux J., Skerjanc I.S., Brandl C.J.** (2002) The E2 ubiquitin conjugase Rad6 is required for the ArgR/Mcm1 repression of ARG1 transcription. *Mol. Cell. Biol.* Vol. 22, Page: 4011-4019.
- Turrens J. F.** (2003) Mitochondrial formation of reactive oxygen species. *J. Physiol.* Vol. 552, Page: 335-344.
- Uhlig S., Torp M. und Heier B.T.** (2006) Beauvericin and enniatins A, A1, B and B1 in Norwegian grain: a survey. *Food Chem.* Vol. 94, Page: 193-201.
- Uhlig S., Jestoi M., Kristin Knutsen A., Heier B.T.** (2006) Multiple regression analysis as a tool for the identification of relations between semi-quantitative LC-MS data and cytotoxicity of extracts of the fungus *Fusarium avenaceum* (syn. *F. arthrosporioides*). *Toxicol.* Vol. 48, Page: 567-579.
- Vanlerberghe G.C.** (2013) Alternative oxidase: a mitochondrial respiratory pathway to maintain metabolic and signaling homeostasis during abiotic and biotic stress in plants. *Int J. Mol. Sci.* Vol. 14, Page: 6805-6847.
- Varelas X., Stuart D., Ellison M.J., Ptak C.** (2006) The Cdc34/SCF Ubiquitination Complex Mediates *Saccharomyces cerevisiae* Cell Wall Integrity. *Genetics.* Vol. 174, Page: 1825-1839.
- Vejdovszky K., Hahn K., Braun D., Warth B., Marko D.** (2017) Synergistic estrogenic effects of *Fusarium* and *Alternaria* mycotoxins in vitro. *Arch. Toxicol.* Vol. 91, Page: 1447–1460.

- Vera-Estrella R., Barkla B.J., Higgins V.J., Blumwald E.** (1994) Plant Defense Response to Funga1 Pathogens' Activation of Host-Plasma Membrane H⁺-ATPase by Elicitor-Induced Enzyme Dephosphorylation. *Plant Physiol.* Vol. 104, Page: 209-215.
- Verma S. und Dubey R. S.** (2003) Lead toxicity induces lipid peroxidation and alters the activities of antioxidant enzymes in growing rice plants. *Plant Sci.* Vol. 164, Page: 645-655,
- Voges D., Zwickl P. und Baumeister W.** (1999). The 26S proteasome: a molecular machine designed for controlled proteolysis. *Annu. Rev. Biochem.* Vol. 68, Page: 1015-1067.
- Voigt C.A., Schäfer W. und Salomon S.** (2005) A secreted lipase of *Fusarium graminearum* is a virulence factor required for infection of cereals. *Plant J.* Vol. 42, Page: 364-375.
- Wallace R.B., Shaffer J., Murphy R.F., Bonner J., Hirose T., Itakura K.** (1979) Hybridization of synthetic oligodeoxyribonucleotides to phi chi 174 DNA: the effect of single base pair mismatch. *Nucleic Acids Res.* Vol. 10, Page: 3543-3557.
- Walter D., Matter A. und Fahrenkrog B.** (2010) Bre1p-mediated histone H2B ubiquitylation regulates apoptosis in *Saccharomyces cerevisiae*. *J Cell Sci.* Vol. 123, Page: 1931-1939.
- Wang J.X., Zhou M.G., Lu Y.J., Ye Z.Y.** (2002) Dynamics of resistant population of *Fusarium graminearum* to carbendazim and substitutable fungicide screening. *J. Nanjing Agric. Univ.* Vol. 25, Page: 43-47.
- Wang L., Mogg C., Walkowiak S., Joshi M., Subramaniam R.** (2014) Characterization of NADPH oxidase genes NoxA and NoxB in *Fusarium graminearum*. *Can. J. Plant Pathol.* Vol. 36, Page: 12-21.
- Wang Y., Yang L., Xu H., Li Q., Ma Z., Chu C.** (2005) Differential proteomic analysis of proteins in wheat spikes induced by *Fusarium graminearum*. *Proteomics.* Vol. 5, Page: 4496–4503.
- Wanjiru W.M., Zhensheng K. und Buchenauer H.** (2002) Importance of cell wall degrading enzymes produced by *Fusarium graminearum* during infection of wheat heads. *Eur. J. Plant Pathol.* Vol. 108, Page: 803–810

- Warit S., Zhang N., Short A., Walmsley R.M., Oliver S.G., Stateva L.I.** (2000). Glycosylation deficiency phenotypes resulting from depletion of GDP-mannose pyrophosphorylase in two yeast species. *Mol. Microbiol.* Vol. 36, Page: 1156-1166.
- Welchman R.L., Gordon C. und Mayer R.J.** (2005) Ubiquitin and ubiquitin-like proteins as multifunctional signals. *Nat. Rev. Mol. Cell. Biol.* Vol. 6, Page:599-609.
- Willems A.R., Schwab M. und Tyers M.** (2004) A hitchhiker's guide to the cullin ubiquitin ligases: SCF and its kin. *Biochim. Biophys. Acta.* Vol. 1695, Page: 133-170.
- Williamson A., Wickliffe K.E., Mellone B.G., Song L., Karpen G.H., Rape M.** (2009) Identification of a physiological E2 module for the human anaphase-promoting complex. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 106, Page: 18213–18218.
- Winston F., Dollard C., und Ricupero-Hovasse S.L.** (1995) Construction of a set of convenient *Saccharomyces cerevisiae* strains that are isogenic to S288C. *Yeast.* Vol. 11, Page: 53-55.
- Wood A., Krogan N.J., Dover J., Schneider J., Heidt J., Boateng M.A., Dean K., Golshani A., Zhang Y., Greenblatt J.F., Johnston M., Shilatifard A.** (2003) Bre1, an E3 ubiquitin ligase required for recruitment and substrate selection of Rad6 at a promoter. *Mol. Cell.* Vol. 11, Page: 267-74.
- Yamashita K., Shinohara M. und Shinohara A.** (2004) Rad6-Bre1-mediated histone H2B ubiquitylation modulates the formation of double-strand breaks during meiosis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 101, Page: 11380-5.
- Yoshimi A., Miyazawa K. und Abe K.** (2017) Function and Biosynthesis of Cell Wall α -1,3-Glucan in Fungi. *J. Fungi.* Vol. 3.
- Yu J.H. und Keller N.** (2005) Regulation of secondary metabolism in filamentous fungi. *Annu. Rev. Phytopathol.* Vol. 43, Page:437-58.
- Zadoks J.C., Chang T.T und Konzak C.F.** (1974) A decimal code for the growth stages of cereals. *Weed Res.* Vol. 14, Page: 415-421.

- Zain M. E., Razak A.A., El-Sheikh H.H., Soliman H.G., Khalil A.M.** (2009) Influence of growth medium on diagnostic characters of *aspergillus* and *penicillium* species. *Afr. J. Microbiol. Res.* Vol. 3, Page: 280-286.
- Zaninotto F., La Camera S., Polverari A., Delledonne M.** (2006) Cross talk between reactive nitrogen and oxygen species during the hypersensitive disease resistance response. *Plant Physiol.* Vol. 141, Page: 379-383.
- Zhao Z., Liu H., Luo Y., Zhou S., An L1, Wang C., Jin Q., Zhou M., Xu J.R.** (2014) Molecular evolution and functional divergence of tubulin superfamily in the fungal tree of life. *Sci. Rep.* Vol.4, Page: 6746.
- Zheng D., Zhang S., Zhou X., Wang C., Xiang P., et al.** (2012) The FgHOG1 Pathway Regulates Hyphal Growth, Stress Responses, and Plant Infection in *Fusarium graminearum*. *PLoS ONE.* Vol. 7.
- Zhou W., Kolb F. L., und Riechers D.E.** (2005) Identification of proteins induced or upregulated by *Fusarium* head blight infection in the spikes of hexaploid wheat (*Triticum aestivum*). *Genome.* Vol. 48, Page: 770-780.
- Zhou W., Eudes F. und Laroche A.** (2006). Identification of differentially regulated proteins in response to a compatible interaction between the pathogen *Fusarium graminearum* and its host, *Triticum aestivum*. *Proteomics.* Vol. 6, Page: 4599-4609.
- Zimmermann C., Chymkowitch P., Eldholm V., Putnam C.D., Lindvall J.M., Omerzu M., Bjørås M., Kolodner R.D., Enserink J.M.** (2011) A chemical-genetic screen to unravel the genetic network of CDC28/CDK1 links ubiquitin and Rad6-Bre1 to cell cycle progression. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* Vol. 108, Page: 18748-53.

7 Anhang

7.1 Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppen an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in den Deletionsmutanten Δ FgBox2, Δ FgBox4 und Δ FgUbc2.

7.1-A Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppen an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in der Deletionsmutante Δ FgBox2.

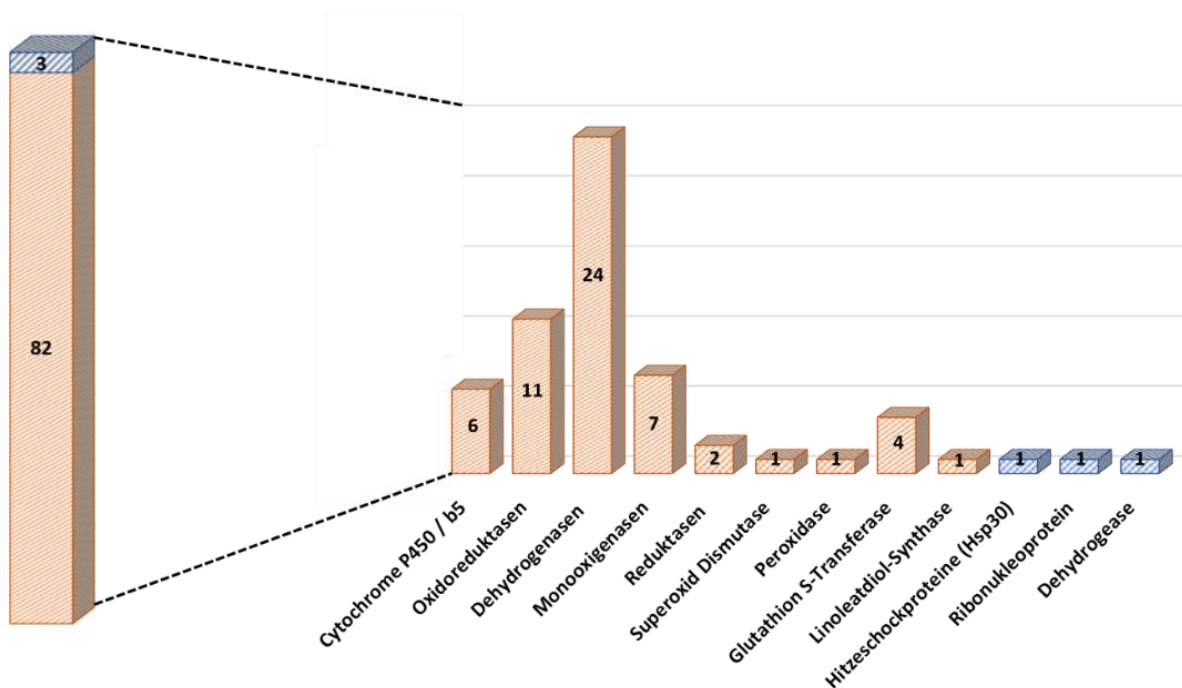


Abbildung 51: Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppe (reaktive Sauerstoffspezies) an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in den Δ FgBox2-Mutanten. Für die signifikant herunterregulierten Proteine wurden nur solche mit einem Log2-Schwellenwert unterhalb von -1,5 verwendet. Für die signifikant hochregulierten Proteine wurden nur solche überhalb des Log2-Schwellenwertes von +1,5 für die weitere Auswertung berücksichtigt. Signifikant runterregulierte Proteine sind mit roten Balken und die hochregulierten Proteine mit blauen Balken gekennzeichnet.

7.1-B Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppen an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in der Deletionsmutante Δ FgBox4.

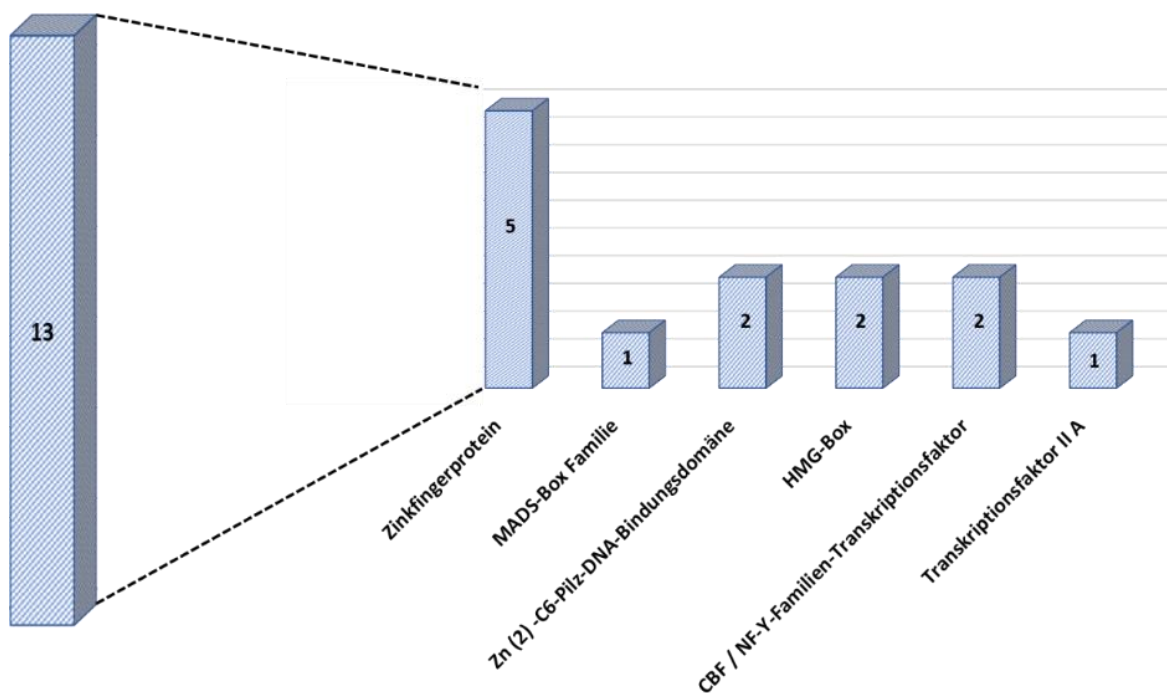


Abbildung 52: Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppe (Transkriptionsfaktoren) an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in den Δ FgBox4-Mutanten. Für die signifikant herunterregulierten Proteine wurden nur solche mit einem Log2-Schwellenwert unterhalb von -1,5 verwendet. Für die signifikant hochregulierten Proteine wurden nur solche überhalb des Log2-Schwellenwertes von +1,5 für die weitere Auswertung berücksichtigt. Signifikant herunterregulierte Proteine sind mit roten Balken und die hochregulierten Proteine mit blauen Balken gekennzeichnet

7.1-C Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppen an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in der Deletionsmutante $\Delta FgUbc2$.

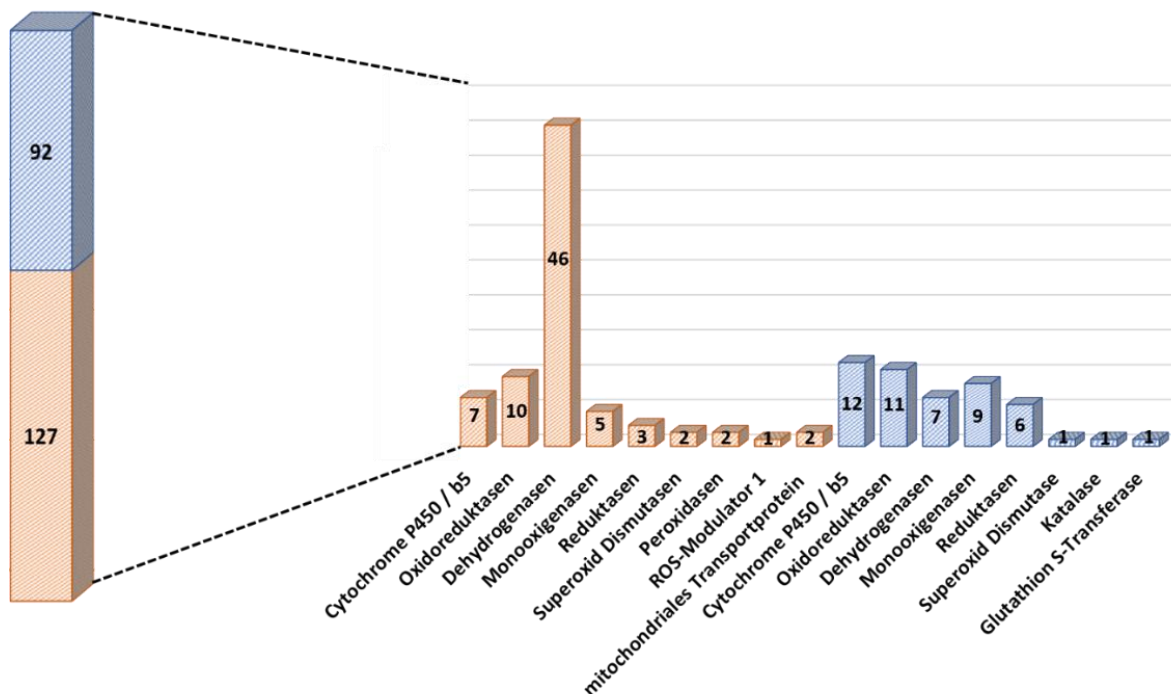


Abbildung 53: Detaillierte Betrachtung der anteilig größten Gruppe (reaktiven Sauerstoffspezies) an signifikant zum Wildtypen regulierten Proteinen in den $\Delta FgUbc2$ -Mutanten. Für die signifikant herunterregulierten Proteine wurden nur solche mit einem Log₂-Schwellenwert unterhalb von -1,5 verwendet. Für die signifikant hochregulierten Proteine wurden nur solche überhalb des Log₂-Schwellenwertes von +1,5 für die weitere Auswertung berücksichtigt. Signifikant runterregulierte Proteine sind mit roten Balken und die hochregulierten Proteine mit blauen Balken gekennzeichnet.

7.2 Auflistung der insgesamt 2858 zum Wildtyp 8.1 signifikant veränderten Proteine der Δ FgBox2-, Δ FgBox4- und Δ FgRAD6-Deltionsmutanten.

Tabelle 14: Auflistung der insgesamt 2858 zum Wildtyp 8.1 signifikant veränderten Proteine der Δ FgBox2-, Δ FgBox4- und Δ FgRAD6-Deltionsmutanten. Die Werte sind als zum Logarithmus zur Basis 2 angegeben. Die Signifikanz eines detektierten Proteins ist mit + angegeben.

Protein	Annotation (InterPro Datenbank)	Log ₂	Log	Log ₂	Signifikanz		
		Δ FgBox2/WT	Δ FgBox4/WT	Δ FgRAD6/WT	Δ FgBox2	Δ FgBox4	Δ FgRAD6
FGSG_16843	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-terminal;IPR012132 Glucose-methanol-choline oxidoreductase	-1,34	-0,36	-10,93	+		+
FGSG_04637	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	-0,47	0,84	-9,62			+
FGSG_10542	n.d.	-1,91	-0,04	-9,31	+		+
FGSG_03619	n.d.	-10,69	0,07	-8,54	+		+
FGSG_09483	IPR006139 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, catalytic domain;IPR006140 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD-binding;IPR006236 D-3-phosphoglycerate dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,78	-0,67	-8,39			+
FGSG_08601	IPR001272 Phosphoenolpyruvate carboxykinase, ATP-utilising;IPR008210 Phosphoenolpyruvate carboxykinase, N-terminal;IPR013035 Phosphoenolpyruvate carboxykinase, C-terminal;IPR015994 Phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP), conserved site	-6,08	0,09	-8,08	+		+
FGSG_03620	n.d.	-9,23	0,10	-8,07	+		+
FGSG_00806	IPR000209 Peptidase S8/S53, subtilisin/kexin/sedolisin;IPR009020 Proteinase inhibitor, propeptide;IPR010259 Proteinase inhibitor I9, subtilisin propeptide;IPR015500 Peptidase S8, subtilisin-related;IPR022398 Peptidase S8, subtilisin, His-active site;IPR023827 Peptidase S8, subtilisin, Asp-active site;IPR023828 Peptidase S8, subtilisin, Ser-active site	2,31	2,49	-7,91	+	+	+
FGSG_10543	n.d.	-1,23	-0,65	-7,80			+
FGSG_10909	IPR001107 Band 7 protein;IPR001972 Stomatin	0,53	0,26	-7,62			+
FGSG_05906	IPR002921 Lipase, class 3	-0,70	-0,32	-7,49			+
FGSG_10064	IPR003033 SCP2 sterol-binding domain	-0,65	0,30	-7,41			+
FGSG_07774	n.d.	-5,85	-3,67	-7,40	+	+	+
FGSG_08049	IPR011051 Cupin, RmlC-type;IPR014710 RmlC-like jelly roll fold	1,33	-0,62	-7,08	+		+
FGSG_02668	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002007 Haem peroxidase, animal;IPR010255 Haem peroxidase;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site;IPR019791 Haem peroxidase, animal, subgroup	-10,13	0,42	-6,98	+		+
FGSG_01026	IPR022185 Protein of unknown function DUF3712	-1,79	0,67	-6,55	+		+
FGSG_02018	IPR007461 Ysc84 actin-binding domain	0,27	-0,33	-6,53			+
FGSG_02147	IPR000834 Peptidase M14, carboxypeptidase A;IPR003146 Proteinase inhibitor, carboxypeptidase propeptide;IPR009020 Proteinase inhibitor, propeptide	-3,44	0,19	-6,50	+		+
FGSG_02206	IPR006035 Ureohydrolase;IPR020855 Ureohydrolase, manganese-binding site;IPR023696 Ureohydrolase domain	-2,62	-0,21	-6,42	+		+
FGSG_17417	IPR002937 Amine oxidase	-3,05	-1,47	-6,37	+		+
FGSG_00704	IPR001753 Crotonase, core	-1,13	-0,14	-6,27			+
FGSG_16907	n.d.	-4,07	-0,67	-6,24	+		+
FGSG_10547	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	-2,88	0,45	-6,24	+		+
FGSG_06480	IPR000132 Nitrilase/cyanide hydratase, conserved site;IPR003010 Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase	-0,49	0,87	-6,20			+
FGSG_06449	IPR002529 Fumarylacetoacetase, C-terminal;IPR005959	-1,65	0,04	-6,18	+		+

	Fumarylacetoacetase;IPR011234 Fumarylacetoacetase, C-terminal-related;IPR015377 Fumarylacetoacetase, N-terminal					
FGSG_10303	IPR013879 Protein of unknown function DUF1761	-0,24	0,66	-6,18		+
FGSG_02291	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-3,24	-0,42	-6,07	+	+
FGSG_10790	IPR011199 Cytochrome b5;IPR006090 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, type 1;IPR006091 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, central domain;IPR006092 Acyl-CoA dehydrogenase, N-terminal;IPR009075 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase C-terminal;IPR009100 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase;IPR013786 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase, N-terminal	-1,36	0,12	-6,07	+	+
FGSG_06450	IPR005708 Homogentisate 1,2-dioxygenase;IPR011051 Cupin, RmlC-type	-0,70	0,45	-6,01		+
FGSG_09684	IPR001155 NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, N-terminal;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-3,05	-0,41	-5,85	+	+
FGSG_04953	IPR001764 Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal;IPR002772 Glycoside hydrolase, family 3, C-terminal;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,20	0,81	-5,78		+
FGSG_02911	n.d.	0,08	-0,64	-5,75		+
FGSG_10433	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-5,86	-0,98	-5,75	+	+
FGSG_02069	IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR006179 5'-Nucleotidase/apyrase;IPR008334 5'-Nucleotidase, C-terminal	-0,05	-0,59	-5,73		+
FGSG_10776	IPR006913 Glutathione-dependent formaldehyde-activating family, GFA;IPR011057 Mss4-like;IPR014185 Glutathione-dependent formaldehyde-activating enzyme	-2,07	-0,40	-5,71		+
FGSG_08684	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70	-1,06	-0,71	-5,66		+
FGSG_10545	IPR005645 Serine hydrolase FSH	-0,96	-0,16	-5,65		+
FGSG_03911	IPR015141 Phospholipase A2, prokaryotic/fungal;IPR016090 Phospholipase A2	1,32	1,09	-5,62		+
FGSG_12920	IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel;IPR013097 Stress responsive alpha-beta barrel	-0,51	0,20	-5,60		+
FGSG_00177	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	1,58	-1,17	-5,57	+	+
FGSG_04109	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain	-3,01	-0,76	-5,56		+
FGSG_04728	IPR004113 FAD-linked oxidase, C-terminal;IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR016164 FAD-linked oxidase-like, C-terminal;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2;IPR016170 Vanillyl-alcohol oxidase, C-terminal subdomain 1;IPR016171 Vanillyl-alcohol oxidase, C-terminal subdomain 2	0,16	-0,77	-5,45		+
FGSG_09610	IPR013920 Protein of unknown function DUF1774, fungi	0,49	0,46	-5,34		+
FGSG_13350	n.d.	0,21	0,48	-5,34		+
FGSG_09896	IPR000918 Isocitrate lyase/phosphorylmutase;IPR006254 Isocitrate lyase;IPR015813 Pyruvate/Phosphoenolpyruvate kinase;IPR018523 Isocitrate lyase/phosphorylmutase, conserved site	-7,03	0,05	-5,33	+	+
FGSG_07000	IPR010497 Epoxide hydrolase, N-terminal	0,55	-0,36	-5,32		+
FGSG_02882	IPR006314 Dyp-type peroxidase;IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel	-2,27	-0,89	-5,32	+	+
FGSG_04413	IPR002129 Pyridoxal phosphate-dependent decarboxylase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,93	-0,38	-5,31		+
FGSG_04876	IPR004813 Oligopeptide transporter OPT superfamily	-1,47	1,01	-5,25	+	+
FGSG_10853	IPR002155 Thiolase;IPR013751 3-Oxoacyl-[acyl-carrier-protein (ACP)] synthase III;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR020613 Thiolase, conserved site;IPR020615 Thiolase, acyl-enzyme intermediate active site;IPR020617 Thiolase, C-terminal	-4,10	0,09	-5,20	+	+
FGSG_04214	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-	-0,92	-0,33	-5,18		+

	like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain					
FGSG_00198	IPR010281 Protein of unknown function DUF885	-0,69	-1,03	-5,17		+
FGSG_11697	IPR008146 Glutamine synthetase, catalytic domain;IPR008147 Glutamine synthetase, beta-Grasp;IPR014746 Glutamine synthetase/guanido kinase, catalytic domain	0,12	0,09	-5,17		+
FGSG_07375	IPR001952 Alkaline phosphatase;IPR017849 Alkaline phosphatase-like, alpha/beta/alpha;IPR017850 Alkaline-phosphatase-like, core domain	-3,30	-2,99	-5,16	+	+
FGSG_01603	IPR002018 Carboxylesterase, type B;IPR019826 Carboxylesterase type B, active site	-3,24	-0,80	-5,16	+	+
FGSG_16556	IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013118 Mannitol dehydrogenase, C-terminal;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical	1,04	1,46	-5,14		+
FGSG_03856	IPR002933 Peptidase M20;IPR011650 Peptidase M20, dimerisation;IPR017144 Peptidase M20D, amidohydrolase, predicted;IPR017439 Amidohydrolase	0,01	-0,79	-5,13		+
FGSG_00497	n.d.	0,00	0,76	-5,04		+
FGSG_17337	IPR001199 Cytochrome b5;IPR006089 Acyl-CoA dehydrogenase, conserved site;IPR006090 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, type 1;IPR006091 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, central domain;IPR006092 Acyl-CoA dehydrogenase, N-terminal;IPR009075 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase C-terminal;IPR009100 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase;IPR013786 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase, N-terminal;IPR018506 Cytochrome b5, heme-binding site	-2,55	-0,34	-4,98	+	+
FGSG_01698	IPR003010 Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase	-1,02	-1,17	-4,97		+
FGSG_10565	n.d.	-6,83	0,68	-4,95	+	+
FGSG_06127	IPR006139 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, catalytic domain;IPR006140 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,36	-0,10	-4,87		+
FGSG_05379	IPR002067 Mitochondrial carrier protein;IPR018108 Mitochondrial substrate/solute carrier;IPR023395 Mitochondrial carrier domain	-2,38	0,12	-4,85		+
FGSG_12862	IPR006599 CARP motif;IPR012945 Tubulin binding cofactor C;IPR017901 C-CAP/cofactor C-like domain	-0,42	-0,36	-4,83		+
FGSG_01685	IPR001360 Glycoside hydrolase, family 1;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-4,72	1,51	-4,83	+	+
FGSG_09563	n.d.	1,05	0,39	-4,82		+
FGSG_09560	n.d.	0,42	-1,96	-4,82		+
FGSG_08172	n.d.	-3,35	0,04	-4,76	+	+
FGSG_02667	IPR018712 Domain of unknown function DUF2235	-7,33	1,18	-4,75	+	+
FGSG_02585	IPR021297 Protein of unknown function DUF2869	0,71	0,78	-4,74		+
FGSG_10982	IPR001375 Peptidase S9, prolyl oligopeptidase, catalytic domain;IPR002469 Peptidase S9B, dipeptidylpeptidase IV N-terminal	0,35	-0,34	-4,71		+
FGSG_02420	n.d.	-1,39	-0,40	-4,68		+
FGSG_10800	IPR005818 Histone H1/H5;IPR005819 Histone H5;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding	1,75	-3,48	-4,63	+	+
FGSG_09503	IPR002155 Thiolase;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR020610 Thiolase, active site;IPR020613 Thiolase, conserved site;IPR020616 Thiolase, N-terminal;IPR020617 Thiolase, C-terminal	-1,02	-0,17	-4,63		+
FGSG_07209	IPR000109 Oligopeptide transporter;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR018456 PTR2 family proton/oligopeptide symporter, conserved site	-1,73	0,75	-4,63	+	+
FGSG_07303	IPR002283 Isopenicillin N synthase;IPR005123 Oxoglutarate/iron-dependent oxygenase	-0,96	-0,02	-4,60		+
FGSG_00308	IPR018108 Mitochondrial substrate/solute carrier;IPR023395 Mitochondrial carrier domain	-0,73	-0,20	-4,55		+
FGSG_01379	n.d.	0,03	-0,25	-4,53		+
FGSG_06185	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,16	-0,54	-4,51		+
FGSG_09988	IPR001019 Guanine nucleotide binding protein (G-protein), alpha subunit;IPR002975 Fungal G-	-0,58	-0,29	-4,44		+

	protein, alpha subunit;IPR011025 G protein alpha subunit, helical insertion					
FGSG_00698	IPR003877 SPla/Ryanodine receptor SPRY	0,05	0,31	-4,43		+
FGSG_09599	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-4,77	-2,07	-4,43	+	+
FGSG_03417	IPR000960 Flavin monooxygenase FMO;IPR020946 Flavin monooxygenase-like	-4,32	-0,90	-4,42	+	+
FGSG_05384	IPR007271 Nucleotide-sugar transporter;IPR012404 Uncharacterised conserved protein UCP036436, nucleotide-sugar transporter-related	1,87	-0,17	-4,36	+	+
FGSG_17386	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR001242 Condensation domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-3,42	-0,16	-4,34	+	+
FGSG_16915	IPR000682 Protein-L-isoaspartate(D-aspartate) O-methyltransferase	-0,83	-0,95	-4,29		+
FGSG_09341	IPR001199 Cytochrome b5;IPR003953 Fumarate reductase/succinate dehydrogenase flavoprotein, N-terminal;IPR010960 Flavocytochrome c	-1,13	-0,42	-4,27		+
FGSG_10241	n.d.	-0,70	0,48	-4,24		+
FGSG_09028	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	0,80	3,18	-4,22	+	+
FGSG_05348	n.d.	-0,89	-0,30	-4,21		+
FGSG_02880	IPR000572 Oxidoreductase, molybdopterin-binding domain;IPR005066 Molybdenum cofactor oxidoreductase, dimerisation;IPR008335 Eukaryotic molybdopterin oxidoreductase;IPR014756 Immunoglobulin E-set	-2,26	-0,99	-4,21	+	+
FGSG_01802	IPR004798 Calcium/proton exchanger superfamily;IPR004837 Sodium/calcium exchanger membrane region	-0,21	-0,45	-4,17		+
FGSG_10960	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002007 Haem peroxidase, animal;IPR010255 Haem peroxidase	0,00	0,52	-4,14		+
FGSG_04105	IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR024253 Phosducin, thioredoxin-like domain	0,21	-0,66	-4,14		+
FGSG_08758	IPR004713 Calcium/proton exchanger;IPR004798 Calcium/proton exchanger superfamily;IPR004837 Sodium/calcium exchanger membrane region	0,25	-0,05	-4,14		+
FGSG_06605	IPR001764 Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal;IPR002772 Glycoside hydrolase, family 3, C-terminal;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	1,76	0,60	-4,13	+	+
FGSG_03439	IPR000262 FMN-dependent dehydrogenase;IPR008259 FMN-dependent alpha-hydroxy acid dehydrogenase, active site;IPR012133 Alpha-hydroxy acid dehydrogenase, FMN-dependent;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-1,85	-0,22	-4,13		+
FGSG_06098	IPR001518 Argininosuccinate synthase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR018223 Argininosuccinate synthase, conserved site;IPR023434 Argininosuccinate synthase, type 1 subfamily;IPR024074 Argininosuccinate synthetase, catalytic/multimerisation domain body	0,32	0,38	-4,11		+
FGSG_04732	IPR006093 Oxygen oxidoreductase covalent FAD-binding site;IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2	1,44	-0,99	-4,10	+	+
FGSG_13540	IPR011333 BTB/POZ fold	1,28	0,29	-4,05	+	+
FGSG_03936	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-1,57	-0,63	-4,03	+	+
FGSG_13630	IPR004136 2-nitropropane dioxygenase, NPD;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-0,82	0,21	-4,02		+
FGSG_08511	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-3,04	-0,48	-4,01	+	+
FGSG_00068	IPR000111 Glycoside hydrolase, clan GH-D;IPR002252 Glycoside hydrolase, family 36;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-2,46	-0,24	-4,00	+	+

FGSG_03244	IPR001753 Crotonase, core;IPR018376 Enoyl-CoA hydratase/isomerase, conserved site	0,25	-2,71	-3,96		+	+
FGSG_09062	n.d.	-0,55	-0,34	-3,94			+
FGSG_10973	n.d.	-0,35	-3,07	-3,94		+	+
FGSG_09340	IPR000782 FAS1 domain	-0,16	-1,51	-3,93			+
FGSG_02820	IPR006153 Cation/H+ exchanger	-0,59	0,72	-3,92			+
FGSG_10009	IPR003590 Leucine-rich repeat, ribonuclease inhibitor subtype	-4,14	0,06	-3,90			+
FGSG_10659	IPR004550 L-asparaginase, type II;IPR006034 Asparaginase/glutaminase;IPR020827 Asparaginase/glutaminase, conserved site	0,25	-1,04	-3,87			+
FGSG_02379	IPR006090 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, type 1;IPR006091 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, central domain;IPR006092 Acyl-CoA dehydrogenase, N-terminal;IPR009075 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase C-terminal;IPR009100 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase;IPR013786 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase, N-terminal	1,22	0,86	-3,85			+
FGSG_01884	n.d.	-0,09	-0,27	-3,85			+
FGSG_09906	IPR006861 Hyaluronan/mRNA-binding protein	0,57	0,88	-3,84			+
FGSG_05307	n.d.	0,02	-2,21	-3,84		+	+
FGSG_17663	IPR002575 Aminoglycoside phosphotransferase;IPR011009 Protein kinase-like domain	-2,65	-0,88	-3,83		+	+
FGSG_11019	IPR002182 NB-ARC;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical	-0,67	0,45	-3,82			+
FGSG_17387	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013968 Polyketide synthase, KR;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR014043 Acyl transferase;IPR016035 Acyl transferase/acyl hydrolase/lysophospholipase;IPR016036 Malonyl-CoA ACP transacylase, ACP-binding;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR020801 Polyketide synthase, acyl transferase domain;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020807 Polyketide synthase, dehydratase domain;IPR020841 Polyketide synthase, beta-ketoacyl synthase domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-1,52	-1,26	-3,82			+
FGSG_06026	IPR003131 Potassium channel, voltage dependent, Kv, tetramerisation;IPR011333 BTB/POZ fold	-0,22	-0,10	-3,80			+
FGSG_03934	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	0,58	0,88	-3,79			+
FGSG_10022	IPR007568 RTA-like protein	1,65	-0,66	-3,77			+
FGSG_09063	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like;IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-0,89	-0,20	-3,76			+
FGSG_04186	IPR002123 Phospholipid/glycerol acyltransferase	-2,90	-0,72	-3,75		+	+
FGSG_10969	n.d.	-2,03	0,48	-3,75			+
FGSG_09170	n.d.	-0,05	-0,46	-3,72			+
FGSG_04797	n.d.	-5,93	-2,29	-3,70		+	+
FGSG_09634	IPR013078 Histidine phosphatase superfamily, clade-1	-0,59	-0,43	-3,70			+
FGSG_12043	n.d.	0,72	0,46	-3,69			+
FGSG_09061	IPR006992 Amidohydrolase 2	-1,26	-0,50	-3,67		+	+
FGSG_06545	IPR003137 Protease-associated domain, PA;IPR007484 Peptidase M28	-0,93	-1,37	-3,66			+
FGSG_01027	IPR000262 FMN-dependent dehydrogenase;IPR001199 Cytochrome b5;IPR012133 Alpha-hydroxy acid dehydrogenase, FMN-dependent;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR018506 Cytochrome b5, heme-binding site	-2,96	-1,14	-3,63		+	+
FGSG_01031	IPR004307 TspO/MBR-related protein	-0,74	-0,26	-3,63			+

FGSG_00502	IPR003807 Protein of unknown function DUF202;IPR004331 SPX, N-terminal;IPR018966 VTC domain	-0,31	-0,53	-3,62			+
FGSG_04045	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR	-1,55	0,50	-3,60			+
FGSG_11162	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1;IPR000639 Epoxide hydrolase-like	2,76	-0,89	-3,60	+		+
FGSG_07160	n.d.	-0,31	-0,22	-3,59			+
FGSG_05872	IPR001753 Crotonase, core;IPR014748 Crononase, C-terminal	-1,85	-0,27	-3,59	+		+
FGSG_06851	n.d.	-2,63	-0,73	-3,56	+		+
FGSG_09633	IPR018108 Mitochondrial substrate/solute carrier;IPR023395 Mitochondrial carrier domain	-1,95	-0,60	-3,56			+
FGSG_11472	IPR000209 Peptidase S8/S53, subtilisin/kexin/sedolisin;IPR003137 Protease-associated domain, PA;IPR010435 Peptidase S8A, DUF1034 C-terminal;IPR015500 Peptidase S8, subtilisin-related;IPR022398 Peptidase S8, subtilisin, His-active site;IPR023827 Peptidase S8, subtilisin, Asp-active site;IPR023828 Peptidase S8, subtilisin, Ser-active site	0,03	0,65	-3,55			+
FGSG_08504	n.d.	0,07	1,61	-3,54		+	+
FGSG_05481	n.d.	-2,76	-0,22	-3,54	+		+
FGSG_05316	IPR001015 Ferrochelatase;IPR019772 Ferrochelatase, active site	-0,25	-0,37	-3,54			+
FGSG_08014	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	1,34	0,93	-3,54	+		+
FGSG_16665	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,13	0,19	-3,51			+
FGSG_08692	IPR009571 Actin cortical patch SUR7/pH-response regulator Pall	1,28	1,73	-3,50			+
FGSG_04296	IPR000340 Dual specificity phosphatase, catalytic domain;IPR000387 Protein-tyrosine/Dual-specificity phosphatase;IPR016130 Protein-tyrosine phosphatase, active site;IPR020422 Dual specificity phosphatase, subgroup, catalytic domain	-0,21	0,09	-3,50			+
FGSG_08857	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,38	0,31	-3,49			+
FGSG_01818	IPR007484 Peptidase M28	0,84	-1,67	-3,48			+
FGSG_11146	IPR002007 Haem peroxidase, animal;IPR010255 Haem peroxidase	4,14	-4,73	-3,47	+	+	+
FGSG_09952	IPR003807 Protein of unknown function DUF202	0,30	-0,27	-3,46			+
FGSG_11970	n.d.	0,26	0,49	-3,46			+
FGSG_07080	IPR002018 Carboxylesterase, type B;IPR019819 Carboxylesterase type B, conserved site;IPR019826 Carboxylesterase type B, active site	0,48	0,11	-3,45			+
FGSG_07861	n.d.	1,08	-0,51	-3,42			+
FGSG_16977	n.d.	-3,79	-0,35	-3,40	+		+
FGSG_10727	IPR000727 Target SNARE coiled-coil domain	-0,69	-0,40	-3,40			+
FGSG_01958	IPR001763 Rhodanese-like	-0,75	0,92	-3,38			+
FGSG_06447	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I	-2,51	0,73	-3,38	+		+
FGSG_06278	IPR000165 Glycoside hydrolase, family 15;IPR002044 Glycoside hydrolase, carbohydrate-binding;IPR008291 Glucan 1,4-alpha-glucosidase, starch-binding;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR011613 Glycoside hydrolase 15-related;IPR012341 Six-hairpin glycosidase;IPR013783 Immunoglobulin-like fold;IPR013784 Carbohydrate-binding-like fold;IPR015902 Alpha amylase	1,69	3,52	-3,37		+	+
FGSG_16743	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-	-0,96	-0,95	-3,36			+

	like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain						
FGSG_11081	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like	0,42	-0,17	-3,36			+
FGSG_11946	IPR001202 WW/Rsp5/WWP	-2,10	-1,13	-3,35		+	+
FGSG_01221	IPR005000 Aldehyde-lyase domain;IPR015813 Pyruvate/Phosphoenolpyruvate kinase	-2,13	-0,93	-3,34		+	+
FGSG_10264	IPR008146 Glutamine synthetase, catalytic domain;IPR008147 Glutamine synthetase, beta-Grasp;IPR014746 Glutamine synthetase/guanido kinase, catalytic domain	0,20	0,05	-3,31			+
FGSG_05533	IPR002625 Smr protein/MutS2 C-terminal;IPR013899 Domain of unknown function DUF1771	0,16	0,18	-3,31			+
FGSG_03748	n.d.	-3,13	-0,84	-3,31		+	+
FGSG_02400	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006408 ATPase, P-type, calcium-transporting, PMCA-type;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	0,74	0,73	-3,30			+
FGSG_07235	IPR015898 G-protein gamma domain	1,34	2,04	-3,30			+
FGSG_00893	IPR005123 Oxoglutarate/iron-dependent oxygenase	-0,46	0,37	-3,29			+
FGSG_05268	IPR000058 Zinc finger, AN1-type	0,74	0,26	-3,29			+
FGSG_07249	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-2,11	0,23	-3,28			+
FGSG_09141	IPR000101 Gamma-glutamyltranspeptidase	-0,40	-3,71	-3,27		+	+
FGSG_08897	IPR021715 Pre-mRNA splicing Prp18-interacting factor	0,23	0,04	-3,26			+
FGSG_01325	n.d.	0,49	-0,84	-3,25			+
FGSG_09515	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006069 ATPase, P-type cation exchange, alpha subunit;IPR006408 ATPase, P-type, calcium-transporting, PMCA-type;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A	0,35	-0,04	-3,25			+
FGSG_06202	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-2,48	-0,06	-3,25		+	+
FGSG_07072	IPR020999 Chitin synthesis regulation, Congo red resistance, RCR protein	0,73	0,18	-3,24			+
FGSG_02079	IPR007484 Peptidase M28	0,56	-0,17	-3,23			+
FGSG_00807	IPR006102 Glycoside hydrolase, family 2, immunoglobulin-like beta-sandwich;IPR006103 Glycoside hydrolase, family 2, TIM barrel;IPR006104 Glycoside hydrolase, family 2, N-terminal;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013812 Glycoside hydrolase, family 2/20, immunoglobulin-like beta-sandwich domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,37	-0,28	-3,22		+	+
FGSG_11879	n.d.	0,12	0,06	-3,22			+
FGSG_08943	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020842 Polyketide synthase;Fatty acid synthase, KR;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-0,60	0,42	-3,22			+
FGSG_02649	IPR007194 Transport protein particle (TRAPP) component;IPR016721 TRAPP I complex,	0,69	-0,20	-3,21			+

	Bet3;IPRO24096 NO signalling/Golgi transport ligand-binding domain							
FGSG_01449	IPRO02319 Phenylalanyl-tRNA synthetase;IPRO04530 Phenylalanyl-tRNA synthetase, class IIc, mitochondrial;IPRO05121 Phenylalanyl-tRNA synthetase, beta subunit, ferredoxin-fold anticodon-binding;IPRO06195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II	-2,70	-0,90	-3,20	+		+	
FGSG_03189	IPRO13216 Methyltransferase type 11	1,22	-0,79	-3,19	+		+	
FGSG_08359	n.d.	0,01	0,10	-3,18				+
FGSG_07520	IPRO00719 Protein kinase, catalytic domain;IPRO02290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPRO08271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPRO11009 Protein kinase-like domain;IPRO17442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPRO20635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,69	1,14	-3,18				
FGSG_01224	IPRO22024 Protein of unknown function DUF3602	0,01	-0,79	-3,17				+
FGSG_05306	IPRO00719 Protein kinase, catalytic domain;IPRO01680 WD40 repeat;IPRO02290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPRO08271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPRO11009 Protein kinase-like domain;IPRO11046 WD40 repeat-like-containing domain;IPRO11989 Armadillo-like helical;IPRO15943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPRO16024 Armadillo-type fold;IPRO17442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPRO17986 WD40-repeat-containing domain;IPRO19775 WD40 repeat, conserved site;IPRO19781 WD40 repeat, subgroup;IPRO19782 WD40 repeat 2	-2,09	-0,04	-3,17	+		+	
FGSG_01759	IPRO15590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPRO16161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPRO16162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPRO16163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-3,75	0,54	-3,17	+		+	
FGSG_01349	IPRO07130 Diacylglycerol acyltransferase	-0,93	0,30	-3,15				+
FGSG_06566	IPRO02067 Mitochondrial carrier protein;IPRO18108 Mitochondrial substrate/solute carrier;IPRO23395 Mitochondrial carrier domain	-1,64	-0,94	-3,15				+
FGSG_13617	IPRO06076 FAD dependent oxidoreductase;IPRO06181 D-amino acid oxidase, conserved site;IPRO16040 NAD(P)-binding domain;IPRO23209 D-amino-acid oxidase	-2,08	0,32	-3,13	+		+	
FGSG_05116	IPRO00608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPRO16135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like	-0,96	-0,25	-3,13				+
FGSG_10531	IPRO02668 Na dependent nucleoside transporter;IPRO08276 Concentrative nucleoside transporter;IPRO11657 Na dependent nucleoside transporter, C-terminal	-1,51	0,62	-3,13				+
FGSG_00747	IPRO02085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPRO02364 Quinone oxidoreductase/zeta-crystallin, conserved site;IPRO11032 GroES-like;IPRO13149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPRO13154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPRO16040 NAD(P)-binding domain;IPRO20843 Polyketide synthase, enoylreductase	-1,48	0,13	-3,13	+		+	
FGSG_04119	IPRO07248 Mpv17/PMP22	-1,65	-0,90	-3,12				+
FGSG_10587	IPRO00269 Copper amine oxidase;IPRO15328 Domain of unknown function DUF1965;IPRO15798 Copper amine oxidase, C-terminal;IPRO15801 Copper amine oxidase, N2/N3-terminal;IPRO16182 Copper amine oxidase, N-terminal	-3,39	-3,31	-3,12	+	+	+	
FGSG_03145	IPRO04045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPRO10987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPRO12336 Thioredoxin-like fold	-1,72	-1,20	-3,12	+		+	
FGSG_07366	n.d.	-3,07	-1,42	-3,08	+			+
FGSG_10948	n.d.	-3,21	-0,90	-3,08	+			+
FGSG_12129	IPRO00269 Copper amine oxidase;IPRO15798 Copper amine oxidase, C-terminal;IPRO15800 Copper amine oxidase, N2-terminal;IPRO15801 Copper amine oxidase, N2/N3-terminal;IPRO15802 Copper amine oxidase, N3-terminal;IPRO16182 Copper amine oxidase, N-terminal	-2,05	-0,12	-3,07	+		+	
FGSG_17258	IPRO03864 Domain of unknown function DUF221	0,28	-1,95	-3,07				+
FGSG_06006	IPRO02908 Frataxin-like;IPRO17789 Frataxin;IPRO20895 Frataxin conserved site	-1,52	-0,75	-3,07	+		+	
FGSG_04512	IPRO01757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPRO04014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPRO06068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPRO06069 ATPase, P-type cation exchange, alpha subunit;IPRO08250	0,34	0,70	-3,07				+

	ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N						
FGSG_07410	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR006034 Asparaginase/glutaminase;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	0,64	0,23	-3,07			+
FGSG_00440	IPR005000 Aldehyde-lyase domain;IPR011206 Citrate lyase, beta subunit;IPR015813 Pyruvate/Phosphoenolpyruvate kinase	-1,55	-0,78	-3,07			+
FGSG_01702	IPR007461 Ysc84 actin-binding domain	0,54	-0,11	-3,06			+
FGSG_10672	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribose dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-4,22	-0,81	-3,06	+		+
FGSG_17389	IPR016137 Regulator of G protein signalling superfamily	-6,69	0,93	-3,05	+		+
FGSG_11842	IPR023584 Ribosome recycling factor domain	-1,77	0,18	-3,05			+
FGSG_17632	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain	-2,02	-0,44	-3,04	+		+
FGSG_09722	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR011876 Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase, type 1;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like	1,64	0,28	-3,04	+		+
FGSG_02485	IPR004183 Extradiol ring-cleavage dioxygenase, class III enzyme, subunit B;IPR014436 Extradiol aromatic ring-opening dioxygenase, DODA type	-1,68	-0,37	-3,04			+
FGSG_00655	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,20	-0,10	-3,03			+
FGSG_05919	IPR004136 2-nitropropane dioxygenase, NPD;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	0,00	1,34	-3,01			+
FGSG_04302	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like;IPR008584 Protein of unknown function DUF866, eukaryotic;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR012941 Phenol hydroxylase, C-terminal dimerisation	-2,22	0,62	-3,01	+		+
FGSG_11249	IPR000834 Peptidase M14, carboxypeptidase A;IPR009020 Proteinase inhibitor, propeptide	-1,56	0,84	-2,99	+		+
FGSG_02077	IPR008427 Extracellular membrane protein, CFEM domain;IPR014005 Extracellular membrane protein, CFEM domain, fungi	-0,63	-0,08	-2,98			+
FGSG_16917	IPR013216 Methyltransferase type 11	0,01	1,66	-2,98			+
FGSG_07822	n.d.	-0,59	-0,02	-2,96			+
FGSG_09997	n.d.	-0,73	-2,08	-2,96			+
FGSG_09450	IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR016477 Fructosamine/Ketosamine-3-kinase	-0,08	-2,14	-2,94		+	+
FGSG_01528	IPR005609 Preprotein translocase Sec, Sec61-beta subunit;IPR016482 Preprotein translocase Sec, Sec61-beta subunit, eukarya	1,15	1,84	-2,88			+
FGSG_01207	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like	0,38	-0,05	-2,85			+
FGSG_02819	n.d.	-1,21	-0,57	-2,84			+
FGSG_10080	IPR001731 Tetrapyrrole biosynthesis, porphobilinogen synthase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-3,18	-0,29	-2,83	+		+
FGSG_01179	n.d.	0,17	0,13	-2,82			+
FGSG_09484	IPR000644 Cystathionine beta-synthase, core;IPR002550 Domain of unknown function DUF21	-0,26	-1,12	-2,82			+
FGSG_01606	IPR004837 Sodium/calcium exchanger membrane region;IPR005185 Protein of unknown function DUF307	0,56	0,01	-2,82			+
FGSG_02469	IPR002922 Thiamine biosynthesis Thi4 protein	-1,01	1,92	-2,82			+
FGSG_09850	IPR010490 Conserved oligomeric Golgi complex, subunit 6	-1,50	-1,11	-2,81			+
FGSG_02564	IPR000253 Forkhead-associated (FHA) domain;IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR008984 SMAD/FHA domain;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type	-1,18	-0,77	-2,80			+
FGSG_05564	IPR012576 NADH:ubiquinone oxidoreductase, B12 subunit	0,70	0,15	-2,80			+
FGSG_08579	IPR013112 FAD-binding 8;IPR013121 Ferric reductase, NAD binding;IPR013130 Flavoprotein transmembrane component;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel	1,05	1,03	-2,79			+
FGSG_13880	IPR001753 Crotonase, core	-2,05	-0,55	-2,79	+		+

FGSG_05948	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	-0,41	0,18	-2,78		+
FGSG_06649	IPR005511 Senescence marker protein-30 (SMP-30);IPR011042 Six-bladed beta-propeller, TolB-like;IPR013658 SMP-30/Gluconolactonase/LRE-like region	0,06	-0,28	-2,78		+
FGSG_16719	IPR000612 Proteolipid membrane potential modulator	2,10	0,19	-2,78		+
FGSG_09628	IPR000878 Tetrapyrrole methylase;IPR004551 Diphthine synthase;IPR014776 Tetrapyrrole methylase, subdomain 2;IPR014777 Tetrapyrrole methylase, subdomain 1	0,37	0,14	-2,78		+
FGSG_05123	n.d.	-0,49	-0,13	-2,76		+
FGSG_10035	IPR015257 Maf1 regulator;IPR017152 RNA polymerase III transcriptional repressor, MAF1	-0,24	-0,64	-2,74		+
FGSG_15780	IPR001303 Class II aldolase/adducin, N-terminal	-1,24	-1,98	-2,74		+
FGSG_02873	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-2,90	-0,28	-2,74	+	+
FGSG_06973	IPR001159 Double-stranded RNA-binding	1,39	0,16	-2,73		+
FGSG_01323	IPR007252 Nuclear pore protein 84/107	0,88	-0,33	-2,73		+
FGSG_06669	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	0,65	-0,22	-2,72		+
FGSG_06941	IPR007233 Sybindin-like protein;IPR011012 Longin-like	0,29	-0,54	-2,72		+
FGSG_07959	IPR001279 Beta-lactamase-like	0,02	0,18	-2,71		+
FGSG_16008	IPR007194 Transport protein particle (TRAPP) component;IPR024096 NO signalling/Golgi transport ligand-binding domain	0,73	0,46	-2,71		+
FGSG_06857	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like	0,17	0,00	-2,71		+
FGSG_02738	IPR011022 Arrestin-like, C-terminal	0,06	-0,46	-2,71		+
FGSG_07491	IPR004129 Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase;IPR017946 PLC-like phosphodiesterase, TIM beta/alpha-barrel domain	0,46	-1,45	-2,70		+
FGSG_01083	IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR003095 Heat shock protein DnaJ	0,27	-0,61	-2,69		+
FGSG_09882	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,53	-0,81	-2,69	+	+
FGSG_04112	IPR005024 Snf7	0,88	0,00	-2,68		+
FGSG_01469	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-1,26	0,29	-2,68		+
FGSG_03078	IPR012908 GPI inositol-deacylase PGAP1-like	1,37	0,31	-2,67		+
FGSG_08737	IPR001884 Translation elongation factor IF5A;IPR008991 Translation protein SH3-like;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR014722 Translation protein SH3-like, subgroup;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	-1,02	-0,86	-2,67		+
FGSG_08986	IPR007062 Protein phosphatase inhibitor 2 (IPP-2)	-0,47	-0,82	-2,67		+
FGSG_05140	IPR006090 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, type 1;IPR006091 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, central domain;IPR006092 Acyl-CoA dehydrogenase, N-terminal;IPR009075 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase C-terminal;IPR009100 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase;IPR013786 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase, N-terminal	-0,93	0,09	-2,66		+
FGSG_03777	IPR012135 Dihydroorotate dehydrogenase, class 1/ 2;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-1,07	-0,52	-2,66		+
FGSG_17244	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	-1,76	0,31	-2,66		+
FGSG_04837	n.d.	-1,58	-0,88	-2,66		+
FGSG_05438	IPR006762 Gtr1/RagA G protein	0,04	-0,37	-2,65		+
FGSG_16204	IPR013216 Methyltransferase type 11	-0,99	-0,28	-2,65		+
FGSG_06592	IPR000782 FAS1 domain	-3,69	1,80	-2,64	+	+
FGSG_02600	IPR004313 Acireductone dioxygenase ARD family;IPR011051 Cupin, RmlC-type;IPR014710 RmlC-like jelly roll fold	0,43	0,52	-2,64		+
FGSG_09742	IPR008972 Cupredoxin	2,22	-1,12	-2,64		+

FGSG_04363	IPR008207 Signal transduction histidine kinase, phosphotransfer (Hpt) domain	0,13	-0,45	-2,63		+
FGSG_09928	IPR000727 Target SNARE coiled-coil domain;IPR006011 Syntaxin, N-terminal;IPR010989 t-SNARE	0,60	0,57	-2,63		+
FGSG_09272	IPR011041 Soluble quinoprotein glucose/sorbosone dehydrogenase;IPR011042 Six-bladed beta-propeller, TolB-like	-0,30	-0,55	-2,63		+
FGSG_05653	IPR003864 Domain of unknown function DUF221;IPR022257 Protein of unknown function DUF3779, phosphate metabolism	-0,21	0,71	-2,63		+
FGSG_16794	IPR003010 Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase	-0,20	-0,03	-2,62		+
FGSG_17001	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,10	-0,18	-2,62		+
FGSG_05162	IPR000222 Protein phosphatase 2C, manganese/magnesium aspartate binding site;IPR001932 Protein phosphatase 2C-like;IPR015655 Protein phosphatase 2C	-2,55	-0,36	-2,62	+	+
FGSG_17407	IPR002019 Urease, beta subunit;IPR002026 Urease, alpha/gamma subunit;IPR005848 Urease, alpha subunit;IPR006680 Amidohydrolase 1;IPR008221 Urease;IPR011059 Metal-dependent hydrolase, composite domain;IPR011612 Urease alpha-subunit, N-terminal;IPR017950 Urease, alpha subunit, conserved site	-1,94	0,01	-2,62	+	+
FGSG_07377	IPR002164 Nucleosome assembly protein (NAP)	-0,36	-0,40	-2,62		+
FGSG_16879	IPR013216 Methyltransferase type 11	-0,80	0,09	-2,62		+
FGSG_16642	IPR003754 Tetrapyrrole biosynthesis, uroporphyrinogen III synthase	-0,60	-0,43	-2,61		+
FGSG_04208	IPR010828 Alcohol acetyltransferase	-1,71	-1,29	-2,60		+
FGSG_05163	IPR010816 Heterokaryon incompatibility Het-C	0,85	1,02	-2,60		+
FGSG_16229	IPR013216 Methyltransferase type 11	5,08	-1,84	-2,60	+	+
FGSG_04155	IPR000764 Uridine kinase;IPR000836 Phosphoribosyltransferase	0,01	-0,66	-2,59		+
FGSG_05060	IPR000909 Phospholipase C, phosphatidylinositol-specific, X domain;IPR001192 Phosphoinositide phospholipase C;IPR001711 Phospholipase C, phosphatidylinositol-specific, Y domain;IPR008973 C2 calcium/lipid-binding domain, CaLB;IPR017946 PLC-like phosphodiesterase, TIM beta/alpha-barrel domain	-0,77	0,21	-2,58		+
FGSG_15961	IPR000269 Copper amine oxidase;IPR015798 Copper amine oxidase, C-terminal;IPR015800 Copper amine oxidase, N2-terminal;IPR015801 Copper amine oxidase, N2/N3-terminal;IPR015802 Copper amine oxidase, N3-terminal;IPR016182 Copper amine oxidase, N-terminal	-2,89	-0,29	-2,58	+	+
FGSG_04104	IPR001632 G-protein, beta subunit;IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR016346 Guanine nucleotide-binding protein, beta subunit;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,94	1,19	-2,58		+
FGSG_01659	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1	-2,10	-0,46	-2,58	+	+
FGSG_01219	IPR009305 Protein of unknown function DUF962	1,57	1,25	-2,58		
FGSG_00549	n.d.	-0,52	-1,92	-2,57		+
FGSG_07824	n.d.	-3,04	-0,39	-2,57	+	+
FGSG_13084	IPR002610 Peptidase S54, rhomboid;IPR022764 Peptidase S54, rhomboid domain	-0,16	-0,92	-2,57		+
FGSG_16906	n.d.	-3,82	-0,49	-2,57	+	+
FGSG_09873	IPR001085 Serine hydroxymethyltransferase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR019798 Serine hydroxymethyltransferase, pyridoxal phosphate binding site	-2,38	-0,77	-2,55	+	+
FGSG_09281	IPR008733 Peroxisomal biogenesis factor 11	-0,84	-0,39	-2,54		+

FGSG_09140	IPR000120 Amidase;IPR020556 Amidase, conserved site;IPR023631 Amidase signature domain	1,15	-2,91	-2,54	+	+
FGSG_07173	IPR003673 CoA-transferase family III;IPR023606 CoA-transferase family III domain	-4,33	-0,40	-2,53	+	+
FGSG_02071	IPR002123 Phospholipid/glycerol acyltransferase	1,50	1,06	-2,52	+	+
FGSG_06697	IPR007512 Protein of unknown function DUF543	-1,06	-1,56	-2,50		+
FGSG_17704	IPR013216 Methyltransferase type 11	-0,58	0,18	-2,50		+
FGSG_08932	IPR001683 Phox homologous domain	0,19	-0,48	-2,50		+
FGSG_09429	IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel;IPR012577 NIPSNAP	-0,67	-1,21	-2,49		+
FGSG_17128	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR005886 UDP-glucose 4-epimerase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018554 Frequency clock protein	-2,54	1,32	-2,49		+
FGSG_08537	IPR001388 Synaptobrevin;IPR016444 Synaptobrevin, metazoa/fungi	-0,14	-0,68	-2,49		+
FGSG_06133	IPR001948 Peptidase M18;IPR023358 Peptidase M18, domain 2	0,64	-0,28	-2,48		+
FGSG_17573	IPR016024 Armadillo-type fold	-1,54	0,36	-2,48	+	+
FGSG_02433	IPR004099 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, dimerisation;IPR013027 FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase;IPR016156 FAD/NAD-linked reductase, dimerisation;IPR017941 Rieske [2Fe-2S] iron-sulphur domain;IPR023753 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, FAD/NAD(P)-binding domain	-0,31	-0,30	-2,48		+
FGSG_11005	n.d.	-1,38	-0,89	-2,48		+
FGSG_11074	IPR013216 Methyltransferase type 11	0,15	-1,41	-2,48		+
FGSG_10227	IPR002125 CMP/dCMP deaminase, zinc-binding;IPR015517 Cytidine deaminase;IPR016192 APOBEC/CMP deaminase, zinc-binding;IPR016193 Cytidine deaminase-like	-0,23	-0,53	-2,47		+
FGSG_13281	IPR002836 DNA-binding TFAR19-related protein	-0,25	-0,33	-2,47		+
FGSG_06388	IPR004000 Actin-like	-0,21	0,00	-2,46		+
FGSG_13161	IPR001585 Transaldolase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR018225 Transaldolase, active site	-1,14	-0,88	-2,46		+
FGSG_17582	n.d.	-0,48	0,34	-2,46		+
FGSG_08926	IPR002014 VHS;IPR004152 GAT;IPR008942 ENTH/VHS	0,91	0,20	-2,45		+
FGSG_09500	IPR002579 Methionine sulphoxide reductase B;IPR011057 Mss4-like	0,89	0,70	-2,45		+
FGSG_10901	n.d.	1,05	0,50	-2,45		+
FGSG_08922	IPR013078 Histidine phosphatase superfamily, clade-1	-0,34	0,34	-2,44		+
FGSG_05649	IPR012466 Adaptin ear-binding coat-associated protein 1 NECAP-1	-0,13	-0,30	-2,44		+
FGSG_01409	IPR004018 RPEL repeat	-3,04	-0,63	-2,42	+	+
FGSG_10673	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-2,31	-0,54	-2,42	+	+
FGSG_11754	IPR002575 Aminoglycoside phosphotransferase;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain	-1,95	-0,63	-2,42	+	+
FGSG_16605	IPR003819 Taurine catabolism dioxygenase TauD/TfdA;IPR012776 Trimethyllysine dioxygenase	-0,89	0,40	-2,42		+
FGSG_16973	IPR002925 Dienelactone hydrolase	-0,09	0,05	-2,42		+
FGSG_01832	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	2,57	-1,48	-2,41	+	+
FGSG_00291	IPR007143 Vacuolar protein sorting-associated, VPS28;IPR017898 Vacuolar protein sorting-associated, VPS28, N-terminal;IPR017899 Vacuolar protein sorting-associated, VPS28, C-terminal	-0,82	-0,07	-2,41		+
FGSG_05093	IPR011012 Longin-like;IPR016635 Adaptor protein complex, sigma subunit;IPR022775 AP complex, mu/sigma subunit	1,41	0,53	-2,40		+
FGSG_09436	n.d.	0,58	-0,24	-2,40		+
FGSG_04306	n.d.	-0,05	-0,56	-2,39		+
FGSG_09210	IPR007568 RTA-like protein	0,71	-0,62	-2,39		+
FGSG_17718	IPR008238 Chorismate mutase, AroQ class, eukaryotic type;IPR020822 Chorismate mutase, type II	-0,25	-0,64	-2,39		+

FGSG_02709	IPR017943 Bactericidal permeability-increasing protein, alpha/beta domain	-0,86	0,07	-2,39		+
FGSG_10322	IPR006083 Phosphoribulokinase/uridine kinase	-0,33	0,13	-2,38		+
FGSG_00581	IPR003123 Vacuolar sorting protein 9;IPR003892 Ubiquitin system component Cue;IPR009060 UBA-like;IPR013995 Vacuolar sorting protein 9, subgroup	-0,70	-0,64	-2,38		+
FGSG_02090	IPR000300 Inositol polyphosphate-related phosphatase;IPR005135 Endonuclease/exonuclease/phosphatase	-0,23	-2,05	-2,38		+
FGSG_12889	IPR003789 Aspartyl/glutamyl-tRNA amidotransferase subunit B-related;IPR019004 Uncharacterised domain YOR215C, mitochondrial;IPR023168 Aspartyl/glutamyl-tRNA(Asn/Gln) amidotransferase subunit B, C-terminal	-2,93	-0,96	-2,38	+	+
FGSG_03248	IPR000425 Major intrinsic protein;IPR012269 Aquaporin;IPR022357 Major intrinsic protein, conserved site;IPR023271 Aquaporin-like	-0,05	1,94	-2,38		+
FGSG_10730	IPR002088 Protein prenyltransferase, alpha subunit;IPR008940 Protein prenyltransferase	0,49	-0,01	-2,37		+
FGSG_08847	n.d.	0,52	0,21	-2,36		+
FGSG_01039	n.d.	-0,40	-0,28	-2,36		+
FGSG_01263	IPR006996 Dynamitin subunit 2	0,10	0,01	-2,36		+
FGSG_00523	n.d.	2,33	0,24	-2,36	+	+
FGSG_06836	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1;IPR002410 Peptidase S33, prolyl aminopeptidase	-0,33	-0,25	-2,36		+
FGSG_09757	IPR006683 Thioesterase superfamily	-0,58	-0,15	-2,35		+
FGSG_10354	n.d.	0,21	-0,27	-2,35		
FGSG_02924	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-2,39	-1,60	-2,35	+	+
FGSG_07458	IPR003712 Cyanate lyase, C-terminal;IPR008076 Cyanase;IPR010982 Lambda repressor-like, DNA-binding	0,12	0,05	-2,35		+
FGSG_01693	IPR022124 Protein of unknown function DUF3659	0,79	2,14	-2,35		+
FGSG_10257	IPR008775 Phytanoyl-CoA dioxygenase	-0,32	-0,09	-2,34		+
FGSG_03957	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	0,64	-0,20	-2,34		+
FGSG_17282	IPR005078 Peptidase C54	-0,63	-0,53	-2,34		+
FGSG_09915	n.d.	2,04	1,36	-2,34	+	+
FGSG_02682	IPR003953 Fumarate reductase/succinate dehydrogenase flavoprotein, N-terminal;IPR014614 Uncharacterised conserved protein UCPO36654	-2,62	1,46	-2,33	+	+
FGSG_06090	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR005914 Acetoacetyl-CoA synthase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-2,41	-0,61	-2,33	+	+
FGSG_09485	IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR019405 Lactonase, 7-bladed beta propeller	-0,42	-0,27	-2,32		+
FGSG_09576	IPR005178 Protein of unknown function DUF300	0,65	0,32	-2,32		+
FGSG_09739	IPR000796 Aspartate/other aminotransferase;IPR004838 Aminotransferases, class-I, pyridoxal-phosphate-binding site;IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	0,59	0,05	-2,32		+
FGSG_04126	IPR002042 Uricase;IPR019842 Uricase, conserved site	-0,69	0,62	-2,32		+
FGSG_06318	IPR002634 BolA protein	-0,18	0,51	-2,32		+
FGSG_05154	IPR000462 CDP-alcohol phosphatidyltransferase	1,22	0,54	-2,32		+
FGSG_04656	IPR001466 Beta-lactamase-related;IPR012338 Beta-lactamase/transpeptidase-like	0,12	-2,07	-2,31	+	+
FGSG_15765	n.d.	0,77	-1,97	-2,31		+
FGSG_13422	IPR019019 H-type lectin domain	-3,36	2,46	-2,29	+	+
FGSG_17726	IPR005833 Haloacid dehalogenase/epoxide hydrolase;IPR006328 Haloacid dehalogenase, type II;IPR006388 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IA, variant 2;IPR023214 HAD-like domain	-0,55	-0,95	-2,29		+
FGSG_09577	IPR002195 Dihydroorotase, conserved site;IPR004721 Dihydroorotase homodimeric type;IPR006992 Amidohydrolase 2	-0,73	-0,62	-2,29		+

FGSG_09643	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR002539 MaoC-like dehydratase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-1,24	0,11	-2,28	+	+
FGSG_17390	IPR003284 Salmonella virulence plasmid 65kDa B protein;IPR022044 Insecticide toxin TcdB middle/C-terminal;IPR022045 Insecticide toxin TcdB middle/N-terminal;IPR022385 Rhs repeat-associated core	-1,05	1,46	-2,28		+
FGSG_06616	IPR011050 Pectin lyase fold/virulence factor;IPR012334 Pectin lyase fold	-1,45	-1,08	-2,28		+
FGSG_01782	IPR003718 Peroxiredoxin, OsmC-like protein;IPR015946 K homology domain-like, alpha/beta;IPR019953 Peroxiredoxin, organic hydroperoxide resistance-related	1,13	-0,79	-2,28		+
FGSG_10321	n.d.	2,08	-0,39	-2,27	+	+
FGSG_09245	IPR001670 Alcohol dehydrogenase, iron-type	-2,16	-0,77	-2,27	+	+
FGSG_07925	IPR012292 Globin, structural domain	-1,24	-0,36	-2,27		+
FGSG_05001	IPR000612 Proteolipid membrane potential modulator	1,12	0,60	-2,26		+
FGSG_00645	IPR008806 RNA polymerase III Rpc82, C -terminal;IPR013197 RNA polymerase III subunit RPC82-related, helix-turn-helix	0,35	1,42	-2,25		
FGSG_05053	IPR000649 Initiation factor 2B-related;IPR005251 Putative translation initiation factor, aIF-2BI/5-methylthioribose-1-phosphate isomerase;IPR011559 Initiation factor 2B alpha/beta/delta	-0,03	-0,19	-2,25		+
FGSG_12250	IPR008698 NADH:ubiquinone oxidoreductase, B18 subunit	-0,97	-0,72	-2,25		+
FGSG_02476	IPR000764 Uridine kinase;IPR006083 Phosphoribulokinase/uridine kinase	0,03	-0,49	-2,24		+
FGSG_06406	IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR024253 Phosducin, thioredoxin-like domain	-0,81	-0,38	-2,24		+
FGSG_07782	n.d.	-4,51	0,35	-2,24	+	+
FGSG_06919	IPR003710 Ketopantoate reductase ApbA/PanE;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR013332 Ketopantoate reductase ApbA/PanE, N-terminal;IPR013752 Ketopantoate reductase ApbA/PanE, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,10	-0,79	-2,24		+
FGSG_03656	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,36	0,28	-2,24		+
FGSG_03745	IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase;IPR019432 Siderophore biosynthesis protein, conserved domain	-2,10	0,62	-2,24	+	+
FGSG_09042	IPR004304 Acetamidase/Formamidase	-0,25	-0,44	-2,24		+
FGSG_01857	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-2,31	0,30	-2,24	+	+
FGSG_15775	IPR013216 Methyltransferase type 11	-0,16	-0,59	-2,24		+
FGSG_01115	IPR006383 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IB, PSPase-like;IPR023214 HAD-like domain	1,11	1,68	-2,23		+
FGSG_00900	n.d.	1,30	1,10	-2,23	+	+
FGSG_06344	IPR019380 Casein kinase substrate, phosphoprotein PP28	-0,23	-0,08	-2,23		+
FGSG_01508	IPR001763 Rhodanese-like	-0,55	-0,71	-2,23		+
FGSG_10834	IPR002125 CMP/dCMP deaminase, zinc-binding;IPR016193 Cytidine deaminase-like	-0,19	0,37	-2,23		+
FGSG_11400	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-1,89	0,05	-2,22		
FGSG_04906	IPR006876 LMBR1-like membrane protein	1,68	-0,84	-2,21		+
FGSG_10114	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,78	0,73	-2,21		+
FGSG_10385	IPR004000 Actin-like;IPR020902 Actin/actin-like conserved site	0,61	-0,06	-2,21		+
FGSG_07896	IPR003480 Transferase;IPR023213 Chloramphenicol acetyltransferase-like domain	2,15	-1,03	-2,21	+	+
FGSG_03520	IPR002125 CMP/dCMP deaminase, zinc-binding;IPR016193 Cytidine deaminase-like	-0,34	0,07	-2,20		+
FGSG_07821	n.d.	-3,16	-0,40	-2,20	+	+

FGSG_07503	IPR002509 Polysaccharide deacetylase;IPR011330 Glycoside hydrolase/deacetylase, beta/alpha-barrel	-1,15	-1,58	-2,19			+
FGSG_00471	IPR019711 ATPase, FO complex, subunit H	-2,46	-2,64	-2,19		+	+
FGSG_05082	IPR013714 Golgi apparatus membrane protein TVP15	0,86	0,22	-2,19			+
FGSG_00170	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,39	0,22	-2,18			+
FGSG_01377	IPR002777 Prefoldin beta-like;IPR009053 Prefoldin	-0,49	0,03	-2,18			+
FGSG_01245	IPR002016 Haem peroxidase, plant/fungal/bacterial;IPR002207 Plant ascorbate peroxidase;IPR010255 Haem peroxidase;IPR019793 Peroxidases haem-ligand binding site;IPR019794 Peroxidase, active site	-0,90	-1,54	-2,17			+
FGSG_06493	IPR005036 Putative phosphatase regulatory subunit	0,06	0,85	-2,17			+
FGSG_00185	n.d.	0,31	-0,67	-2,17			+
FGSG_05285	IPR007568 RTA-like protein	1,21	0,44	-2,16			+
FGSG_05175	IPR008427 Extracellular membrane protein, CFEM domain;IPR014005 Extracellular membrane protein, CFEM domain, fungi	0,88	-0,63	-2,16			+
FGSG_11699	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like	-0,22	0,30	-2,15			+
FGSG_09185	IPR000362 Fumarate lyase;IPR004769 Adenylosuccinate lyase;IPR008948 L-Aspartase-like;IPR019468 Adenylosuccinate lyase C-terminal metazoa/fungi;IPR020557 Fumarate lyase, conserved site;IPR022761 Lyase 1, N-terminal;IPR024083 L-Aspartase-like, N-terminal	-0,92	0,11	-2,15			+
FGSG_10864	IPR000727 Target SNARE coiled-coil domain;IPR010989 t-SNARE	2,01	0,07	-2,15		+	+
FGSG_00947	IPR002524 Cation efflux protein	-1,57	-0,91	-2,15		+	+
FGSG_00417	IPR000672 Tetrahydrofolate dehydrogenase/cyclohydrolase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020630 Tetrahydrofolate dehydrogenase/cyclohydrolase, catalytic domain;IPR020631 Tetrahydrofolate dehydrogenase/cyclohydrolase, NAD(P)-binding domain	-0,22	0,00	-2,15			+
FGSG_01289	IPR000326 Phosphatidic acid phosphatase type 2/haloperoxidase;IPR016118 Phosphatidic acid phosphatase/chloroperoxidase, N-terminal	0,99	0,35	-2,14			+
FGSG_03988	n.d.	1,26	-0,03	-2,14		+	+
FGSG_10271	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,14	-0,55	-2,13			+
FGSG_01675	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	0,25	0,41	-2,13			+
FGSG_09778	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,72	0,44	-2,13			+
FGSG_05655	IPR000909 Phospholipase C, phosphatidylinositol-specific, X domain;IPR017946 PLC-like phosphodiesterase, TIM beta/alpha-barrel domain	0,43	-0,58	-2,13			+
FGSG_04178	n.d.	-0,34	-0,15	-2,12			+
FGSG_07302	IPR006992 Amidohydrolase 2	-0,56	-0,42	-2,12			+
FGSG_16776	IPR003038 Defender against death DAD protein	-0,58	0,03	-2,12			+
FGSG_04378	IPR000008 C2 calcium-dependent membrane targeting;IPR008973 C2 calcium/lipid-binding domain, CaLB;IPR018029 C2 membrane targeting protein	-0,58	1,71	-2,11			
FGSG_11457	IPR006056 YjgF-like protein;IPR006175 Endoribonuclease L-PSP;IPR013813 Endoribonuclease L-PSP/chorismate mutase-like	0,57	0,89	-2,11			
FGSG_01567	IPR001365 Adenosine/AMP deaminase;IPR006330 Adenosine deaminase;IPR006650 Adenosine/AMP deaminase active site	-0,13	-0,35	-2,11			+
FGSG_03804	IPR019587 Polyketide cyclase/dehydrase;IPR023393 START-like domain	-0,55	0,33	-2,11			+
FGSG_05014	IPR001667 Phosphoesterase, RecJ-like;IPR004097 DHHA2	-1,40	-0,59	-2,11		+	+
FGSG_07523	n.d.	0,51	1,33	-2,11			
FGSG_02051	IPR001189 Manganese/iron superoxide dismutase;IPR019831 Manganese/iron superoxide dismutase, N-terminal;IPR019832 Manganese/iron superoxide dismutase, C-terminal;IPR019833	-1,79	-2,01	-2,11		+	+

	Manganese/iron superoxide dismutase, binding site					
FGSG_09041	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1;IPR008220 Homoserine acetyltransferase	0,58	-0,23	-2,10		+
FGSG_08316	n.d.	-1,60	-1,62	-2,10	+	+
FGSG_16033	IPR004136 2-nitropropane dioxygenase, NPD;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-2,99	-1,48	-2,10	+	
FGSG_16614	IPR000198 Rho GTPase-activating protein domain;IPR001781 Zinc finger, LIM-type;IPR008936 Rho GTPase activation protein	0,40	0,12	-2,10		+
FGSG_00815	IPR002569 Peptide methionine sulphoxide reductase MsrA	-0,12	0,23	-2,10		+
FGSG_15695	IPR001117 Multicopper oxidase, type 1;IPR002355 Multicopper oxidase, copper-binding site;IPR008972 Cupredoxin;IPR011706 Multicopper oxidase, type 2;IPR011707 Multicopper oxidase, type 3	-7,38	0,84	-2,09	+	+
FGSG_16396	IPR013919 Peroxisome membrane protein, Pex16	0,20	-0,09	-2,09		+
FGSG_17224	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	-0,86	1,40	-2,09		
FGSG_07823	n.d.	-3,08	-0,30	-2,09	+	+
FGSG_07954	IPR022764 Peptidase S54, rhomboid domain	0,43	-0,41	-2,09		+
FGSG_06288	n.d.	0,00	-0,10	-2,09		+
FGSG_13072	IPR001279 Beta-lactamase-like;IPR017782 Hydroxyacylglutathione hydrolase	-0,50	-0,18	-2,08		+
FGSG_05938	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	-1,34	0,47	-2,08		
FGSG_05447	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,29	-0,01	-2,08		+
FGSG_17207	IPR007577 Glycosyltransferase, DXD sugar-binding motif	-1,46	-1,79	-2,08		+
FGSG_01464	IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR006186 Serine/threonine-specific protein phosphatase/bis(5-nucleosyl)-tetraphosphatase	-0,25	-0,14	-2,08		+
FGSG_07475	n.d.	-0,57	-0,03	-2,08		+
FGSG_01392	IPR001804 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase;IPR019818 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase, conserved site;IPR024084 Isopropylmalate dehydrogenase-like domain	-1,02	-0,46	-2,07		+
FGSG_06473	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	0,29	2,13	-2,07		+
FGSG_00493	IPR001303 Class II aldolase/adducin, N-terminal;IPR017714 Methylthioribulose-1-phosphate dehydratase	-0,70	0,17	-2,06		+
FGSG_10200	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR014183 Alcohol dehydrogenase class III/S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	0,21	0,07	-2,06		+
FGSG_08536	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	-0,39	0,48	-2,06		
FGSG_10366	IPR005545 YCII-related;IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel	-0,74	-0,48	-2,05		+
FGSG_02284	IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	1,24	0,14	-2,05	+	+
FGSG_04996	IPR010655 Pre-mRNA cleavage complex II Clp1	-0,60	-0,38	-2,05		+
FGSG_09280	IPR000146 Fructose-1,6-bisphosphatase class 1/Sedoheputulose-1,7-bisphosphatase;IPR020548 Fructose-1,6-bisphosphatase, active site	-0,98	-0,02	-2,04		+
FGSG_06963	IPR007303 TIP41-like protein	-0,11	-0,26	-2,04		+
FGSG_00836	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait;IPR018850 Mitochondrial escape protein 2	0,41	-1,45	-2,04		+
FGSG_08443	IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,20	-0,62	-2,03		+
FGSG_10567	IPR008997 Ricin B-related lectin	-4,06	1,05	-2,03	+	+

FGSG_10091	IPR005109 Anp1	-0,07	-1,25	-2,03			+
FGSG_04216	IPR013216 Methyltransferase type 11	-1,06	-1,55	-2,03			+
FGSG_03462	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31; IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding; IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,77	1,57	-2,03		+	+
FGSG_15846	IPR008254 Flavodoxin/nitric oxide synthase; IPR010089 Flavoprotein WrbA	-0,13	0,52	-2,03			+
FGSG_02504	IPR001236 Lactate/malate dehydrogenase, N-terminal; IPR001252 Malate dehydrogenase, active site; IPR001557 L-lactate/malate dehydrogenase; IPR010097 Malate dehydrogenase, type 1; IPR015955 Lactate dehydrogenase/glycoside hydrolase, family 4, C-terminal; IPR016040 NAD(P)-binding domain; IPR022383 Lactate/malate dehydrogenase, C-terminal	0,08	0,22	-2,02			+
FGSG_04248	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR; IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase; IPR016040 NAD(P)-binding domain; IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-0,14	-0,29	-2,02			+
FGSG_06373	IPR001849 Pleckstrin homology domain; IPR011993 Pleckstrin homology-type	1,38	1,96	-2,02	+	+	+
FGSG_08599	IPR004942 Dynein light chain-related	0,58	0,33	-2,02			+
FGSG_09734	IPR000626 Ubiquitin	0,68	0,47	-2,01			+
FGSG_05865	IPR006762 Gtr1/RagA G protein	0,09	-0,52	-2,01			+
FGSG_05509	IPR001247 Exoribonuclease, phosphorolytic domain 1; IPR015847 Exoribonuclease, phosphorolytic domain 2; IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	0,45	-0,27	-2,01			+
FGSG_13561	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding; IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like	1,51	-0,84	-2,00	+		+
FGSG_09401	IPR007484 Peptidase M28	0,59	0,55	-2,00			+
FGSG_02497	IPR001841 Zinc finger, RING-type; IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type; IPR024766 Zinc finger, RING-H2-type	0,09	-0,03	-2,00			+
FGSG_07188	IPR004839 Aminotransferase, class I/classII; IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1; IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,96	-0,45	-2,00			+
FGSG_09800	IPR007304 TAP42-like protein	0,59	-0,67	-1,99			
FGSG_06951	IPR001339 mRNA capping enzyme; IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold; IPR013846 mRNA capping enzyme, C-terminal; IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like; IPR017075 mRNA capping enzyme, alpha subunit	1,77	1,27	-1,99			+
FGSG_08473	IPR003719 Phenazine biosynthesis PhzC/PhzF protein	-0,42	-0,07	-1,99			+
FGSG_04703	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type; IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site; IPR011032 GroES-like; IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal; IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like; IPR016040 NAD(P)-binding domain	-3,02	-0,34	-1,98	+		+
FGSG_10327	IPR004834 Chitin synthase; IPR013616 Chitin synthase N-terminal	0,16	-0,54	-1,98			+
FGSG_00832	IPR002925 Dienelactone hydrolase	-0,51	0,07	-1,98			+
FGSG_10259	IPR007701 Interferon-related developmental regulator, N-terminal	0,43	0,06	-1,98			+
FGSG_16691	IPR000727 Target SNARE coiled-coil domain; IPR001683 Phox homologous domain	-0,24	0,47	-1,97			+
FGSG_03125	IPR005746 Thioredoxin; IPR012336 Thioredoxin-like fold; IPR013766 Thioredoxin domain	0,99	0,59	-1,97			+
FGSG_10822	IPR002777 Prefoldin beta-like; IPR009053 Prefoldin; IPR016661 Prefoldin, subunit 4	0,04	0,28	-1,97			+
FGSG_02444	IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	-0,07	-0,81	-1,96			+
FGSG_01758	IPR001613 Flavin amine oxidase; IPR002937 Amine oxidase	-3,33	0,70	-1,96	+		+
FGSG_10301	IPR000649 Initiation factor 2B-related	-0,55	-0,73	-1,96			+
FGSG_07031	IPR005900 6-phosphogluconolactonase, DevB-type; IPR006148 Glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase	0,05	-0,08	-1,95			+
FGSG_10907	IPR002843 ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D; IPR016727 ATPase, V0 complex, subunit D	0,62	-0,28	-1,95			+
FGSG_09667	IPR019182 Cytochrome b-c1 complex, subunit 10	-1,16	-0,84	-1,95			+
FGSG_00555	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	0,42	0,18	-1,95			+
FGSG_12206	IPR003953 Fumarate reductase/succinate dehydrogenase flavoprotein, N-terminal	3,02	-1,81	-1,95	+		+

FGSG_08062	IPR00683 Oxidoreductase, N-terminal; IPR004104 Oxidoreductase, C-terminal; IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,05	0,17	-1,94	+	+
FGSG_10538	IPR006056 YjgF-like protein; IPR006175 Endoribonuclease L-PSP; IPR013813 Endoribonuclease L-PSP/chorismate mutase-like	-1,63	0,89	-1,94	+	+
FGSG_08492	IPR001452 Src homology-3 domain; IPR002014 VHS; IPR003903 Ubiquitin interacting motif; IPR008942 ENTH/VHS; IPR013315 Spectrin alpha chain, SH3 domain; IPR018205 VHS subgroup	2,72	0,79	-1,93	+	+
FGSG_04534	n.d.	-0,76	-0,29	-1,93		+
FGSG_09263	IPR006785 Peroxisome membrane anchor protein Pex14p, N-terminal	-0,55	2,22	-1,93		
FGSG_10481	IPR019095 Mediator complex, subunit Med18, metazoa/fungi	2,09	1,94	-1,93		
FGSG_01419	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase; IPR020845 AMP-binding, conserved site	-0,54	-0,29	-1,92		+
FGSG_06681	IPR000801 Putative esterase; IPR014186 S-formylglutathione hydrolase	-0,09	0,12	-1,92		+
FGSG_09365	IPR000007 Tubby, C-terminal; IPR007612 Protein of unknown function DUF567	-0,32	0,57	-1,92		+
FGSG_09053	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I; IPR004762 Amino acid permease, fungi; IPR004840 Amino acid permease, conserved site; IPR004841 Amino acid permease domain	1,39	0,97	-1,92		+
FGSG_17223	IPR004360 Glyoxalase/fofomycin resistance/dioxygenase; IPR004361 Glyoxalase I; IPR018146 Glyoxalase I, conserved site	-0,26	0,15	-1,92		+
FGSG_09211	IPR002877 Ribosomal RNA methyltransferase RrmJ/FtsJ	-0,88	-2,41	-1,91		+
FGSG_03589	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase; IPR020845 AMP-binding, conserved site	-2,31	-2,01	-1,91	+	+
FGSG_09261	n.d.	1,21	0,69	-1,90		+
FGSG_16829	IPR000387 Protein-tyrosine/Dual-specificity phosphatase; IPR016130 Protein-tyrosine phosphatase, active site	0,21	0,48	-1,90		+
FGSG_10234	IPR013176 Protein of unknown function DUF1712, fungi	-0,57	0,21	-1,89		+
FGSG_01118	IPR000626 Ubiquitin; IPR019955 Ubiquitin supergroup; IPR019956 Ubiquitin subgroup	1,18	-0,18	-1,89		
FGSG_06564	n.d.	-2,28	-3,56	-1,89	+	+
FGSG_03935	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR; IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase; IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,21	-0,54	-1,89		+
FGSG_00825	IPR001608 Alanine racemase, N-terminal; IPR011078 Uncharacterised protein family UPF0001	-0,43	-0,10	-1,89		+
FGSG_07322	IPR007919 Uncharacterised protein family UPF0220	0,36	-0,52	-1,88		+
FGSG_00814	IPR006992 Amidohydrolase 2	-1,09	-0,68	-1,88		+
FGSG_05037	IPR002110 Ankyrin repeat; IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	0,25	0,29	-1,88		+
FGSG_09833	IPR006863 Erv1/Alr; IPR017905 ERV/ALR sulphhydryl oxidase	-1,25	-0,67	-1,87		+
FGSG_09488	IPR018826 WW-domain-binding protein	-0,06	0,00	-1,86		+
FGSG_00857	IPR001849 Pleckstrin homology domain; IPR011993 Pleckstrin homology-type	0,36	0,17	-1,86		+
FGSG_07683	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type; IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site; IPR011032 GroES-like; IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal; IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like; IPR016040 NAD(P)-binding domain; IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-0,30	-0,05	-1,86		+
FGSG_01466	IPR011992 EF-hand-like domain	0,72	-0,56	-1,86		+
FGSG_02930	n.d.	-1,51	-1,10	-1,86		+
FGSG_12683	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2; IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like; IPR023313 Ubiquitin-conjugating enzyme, active site	-1,21	-0,96	-1,85		+
FGSG_05135	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain; IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain; IPR006575 RWD domain; IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site; IPR011009 Protein kinase-like domain; IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like; IPR016255 Serine/threonine-protein kinase, GCN2; IPR017441 Protein kinase, ATP binding site; IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain; IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain; IPR024435 Serine/threonine-protein kinase GCN2, anticodon binding domain	-2,12	-0,59	-1,85	+	+

FGSG_10677	IPR000269 Copper amine oxidase;IPR015328 Domain of unknown function DUF1965;IPR015798 Copper amine oxidase, C-terminal;IPR015800 Copper amine oxidase, N2-terminal;IPR015801 Copper amine oxidase, N2/N3-terminal;IPR016182 Copper amine oxidase, N-terminal	2,26	-2,07	-1,85	+	+
FGSG_00577	n.d.	0,75	-0,27	-1,85		+
FGSG_16957	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-1,08	0,30	-1,84		+
FGSG_10934	IPR002195 Dihydroorotase, conserved site;IPR006680 Amidohydrolase 1;IPR011059 Metal-dependent hydrolase, composite domain	-2,46	-1,11	-1,84	+	+
FGSG_11940	IPR018937 Magnesium transporter	-0,37	-0,05	-1,84		+
FGSG_01907	n.d.	-0,22	-0,73	-1,84		+
FGSG_05761	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	0,84	-2,45	-1,84	+	+
FGSG_07527	IPR013726 Protein of unknown function DUF1748, fungi	0,23	-1,70	-1,84		+
FGSG_05535	IPR001019 Guanine nucleotide binding protein (G-protein), alpha subunit;IPR002975 Fungal G-protein, alpha subunit;IPR011025 G protein alpha subunit, helical insertion	1,14	1,07	-1,83		+
FGSG_06314	IPR007320 Programmed cell death protein 2, C-terminal	0,25	-0,17	-1,83		+
FGSG_05931	IPR009316 COG complex component, COG2;IPR024602 Conserved oligomeric Golgi complex, subunit 2, N-terminal	-1,15	-1,20	-1,83		+
FGSG_04795	n.d.	-1,98	-0,58	-1,82	+	+
FGSG_11500	IPR000659 Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase;IPR009002 FMN-binding split barrel-related;IPR011576 Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase-like, FMN-binding domain;IPR012349 FMN-binding split barrel;IPR019576 Pyridoxine 5'-phosphate oxidase, dimerisation, C-terminal	1,35	0,49	-1,82		+
FGSG_08067	IPR000909 Phospholipase C, phosphatidylinositol-specific, X domain;IPR017946 PLC-like phosphodiesterase, TIM beta/alpha-barrel domain	0,00	-0,80	-1,82		+
FGSG_10426	IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase;IPR019432 Siderophore biosynthesis protein, conserved domain	-0,45	0,19	-1,82		+
FGSG_02474	IPR006885 NADH dehydrogenase ubiquinone Fe-S protein 4, mitochondrial	-0,45	-1,67	-1,82		+
FGSG_03123	IPR021054 Cell wall galactomannoprotein	-0,81	1,20	-1,81		+
FGSG_16613	IPR001736 Phospholipase D/Transphosphatidylase;IPR015679 Phospholipase D	-0,79	0,65	-1,81		+
FGSG_08435	IPR004136 2-nitropropane dioxygenase, NPD;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-1,13	-0,13	-1,81	+	+
FGSG_02126	IPR013763 Cyclin-like;IPR015429 Cyclin C/H/T/L;IPR015432 Cyclin H	0,95	0,60	-1,81		+
FGSG_15842	IPR000890 Aliphatic acid kinase, short-chain;IPR004372 Acetate/Propionate kinase;IPR023865 Aliphatic acid kinase, short-chain, conserved site	0,62	0,66	-1,79		+
FGSG_16499	IPR001202 WW/Rsp5/WWP;IPR001214 SET domain;IPR003616 Post-SET domain;IPR006560 AWS;IPR013257 SRI, Set2 Rpb1 interacting;IPR017923 Transcription factor IIS, N-terminal	0,11	0,33	-1,79		+
FGSG_08554	IPR008427 Extracellular membrane protein, CFEM domain;IPR014005 Extracellular membrane protein, CFEM domain, fungi	-0,11	-1,22	-1,79		+
FGSG_07911	IPR005833 Haloacid dehalogenase/epoxide hydrolase;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR023214 HAD-like domain	-0,57	-0,80	-1,79		+
FGSG_00849	IPR009571 Actin cortical patch SUR7/pH-response regulator Pall	1,17	-0,05	-1,79		+
FGSG_07092	IPR001478 PDZ/DHR/GLGF;IPR007583 GRASP55/65	0,05	-0,41	-1,79		+
FGSG_05956	IPR008144 Guanylate kinase;IPR008145 Guanylate kinase/L-type calcium channel;IPR017665 Guanylate kinase, sub-group;IPR020590 Guanylate kinase, conserved site	0,07	0,03	-1,79		+
FGSG_07402	IPR000754 Ribosomal protein S9;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold;IPR020574 Ribosomal protein S9, conserved site	-1,23	-0,11	-1,78		+
FGSG_16756	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,31	-0,99	-1,78		+
FGSG_16606	n.d.	-2,07	-0,99	-1,78		+

FGSG_09591	IPR001125 Recoverin;IPR002048 Calcium-binding EF-hand;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018248 EF-hand;IPR018249 EF-HAND 2	0,37	0,11	-1,78		+
FGSG_07120	IPR001164 Arf GTPase activating protein;IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011993 Pleckstrin homology-type	-0,07	0,17	-1,77		
FGSG_05512	IPR001005 SANT domain, DNA binding;IPR006562 HSA;IPR009057 Homeodomain-like;IPR012287 Homeodomain-related;IPR013999 HAS subgroup;IPR014012 Helicase/SANT-associated, DNA binding;IPR017877 MYB-like	0,24	-0,28	-1,77		
FGSG_06794	n.d.	-0,16	0,27	-1,77		
FGSG_04456	IPR001296 Glycosyl transferase, family 1	1,24	-0,26	-1,77	+	+
FGSG_12183	IPR001683 Phox homologous domain	0,59	-0,17	-1,77		+
FGSG_09587	IPR005772 ATPase, V1 complex, subunit F, eukaryotic;IPR008218 ATPase, V1/A1 complex, subunit F	0,32	0,34	-1,76		+
FGSG_00756	IPR001763 Rhodanese-like	-0,24	0,22	-1,76		+
FGSG_00393	n.d.	-0,13	-1,29	-1,76		+
FGSG_05141	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	1,23	0,37	-1,76	+	+
FGSG_11820	IPR024382 Domain of unknown function DUF3844	1,39	-0,23	-1,75		
FGSG_08689	IPR009002 FMN-binding split barrel-related;IPR011576 Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase-like, FMN-binding domain;IPR012349 FMN-binding split barrel	-0,23	0,04	-1,75		+
FGSG_05602	IPR005576 RNA polymerase Rpb7, N-terminal;IPR013238 RNA polymerase III, subunit Rpc25;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	1,07	0,45	-1,75		
FGSG_05555	IPR001807 Chloride channel, voltage gated;IPR014743 Chloride channel, core	0,34	-1,20	-1,75		+
FGSG_11858	n.d.	3,65	-0,63	-1,74	+	
FGSG_13956	n.d.	-2,35	-1,44	-1,74	+	+
FGSG_16511	IPR001661 Glycoside hydrolase, family 37;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR018232 Glycoside hydrolase, family 37, conserved site	2,72	0,40	-1,74	+	+
FGSG_12044	n.d.	-1,26	-1,91	-1,74		+
FGSG_07602	IPR011051 Cupin, RmlC-type;IPR014710 RmlC-like jelly roll fold	1,13	-0,69	-1,74		+
FGSG_04605	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,16	-0,45	-1,73		+
FGSG_11440	IPR002283 Isopenicillin N synthase;IPR005123 Oxoglutarate/iron-dependent oxygenase	0,07	-0,34	-1,73		+
FGSG_04187	IPR003721 Pantoate-beta-alanine ligase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	-1,24	-0,90	-1,73	+	+
FGSG_12505	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	3,47	-0,86	-1,73	+	
FGSG_04454	IPR001189 Manganese/iron superoxide dismutase;IPR019831 Manganese/iron superoxide dismutase, N-terminal;IPR019832 Manganese/iron superoxide dismutase, C-terminal;IPR019833 Manganese/iron superoxide dismutase, binding site	-1,02	-0,23	-1,73		+
FGSG_08564	IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR012882 Protein of unknown function DUF1687, fungi	-0,68	0,06	-1,72		+
FGSG_04659	IPR001608 Alanine racemase, N-terminal	0,46	-0,75	-1,71		+
FGSG_09204	IPR011600 Peptidase C14, caspase catalytic	0,70	-0,45	-1,71		+
FGSG_13398	IPR002155 Thiolase;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR020610 Thiolase, active site;IPR020613 Thiolase, conserved site;IPR020615 Thiolase, acyl-enzyme intermediate active site;IPR020616 Thiolase, N-terminal;IPR020617 Thiolase, C-terminal	-2,49	-0,41	-1,71	+	+
FGSG_05874	IPR001911 Ribosomal protein S21	-1,38	-1,23	-1,71		+
FGSG_10723	IPR013878 Mo25-like;IPR016024 Armadillo-type fold	0,70	-0,08	-1,71		+
FGSG_08628	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	2,66	1,45	-1,71	+	

FGSG_02546	n.d.	-0,94	1,01	-1,71	
FGSG_13616	IPR005746 Thioredoxin;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR013766 Thioredoxin domain;IPR017937 Thioredoxin, conserved site	-0,93	-0,17	-1,70	+
FGSG_04922	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-0,34	0,12	-1,70	+
FGSG_12330	IPR006108 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, C-terminal;IPR006176 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, NAD binding;IPR006180 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, conserved site;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,56	-1,03	-1,70	+ +
FGSG_09220	IPR018450 Reactive oxygen species modulator 1	-0,70	0,12	-1,70	+
FGSG_05087	IPR002155 Thiolase;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR020610 Thiolase, active site;IPR020615 Thiolase, acyl-enzyme intermediate active site;IPR020616 Thiolase, N-terminal;IPR020617 Thiolase, C-terminal	-1,04	0,06	-1,69	+
FGSG_08950	IPR000387 Protein-tyrosine/Dual-specificity phosphatase;IPR016130 Protein-tyrosine phosphatase, active site	0,02	0,28	-1,69	+
FGSG_06800	IPR007653 Signal peptidase 22kDa subunit	0,78	0,70	-1,69	+
FGSG_08678	IPR003607 Metal-dependent phosphohydrolase, HD domain;IPR023279 HD domain	-0,51	-0,42	-1,69	+
FGSG_10250	IPR001110 Uncharacterised protein family UPF0012, conserved site;IPR003010 Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase	-0,13	-0,07	-1,69	+
FGSG_10854	IPR006121 Heavy metal-associated domain, HMA	0,26	0,13	-1,69	+
FGSG_05245	IPR007484 Peptidase M28;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site	0,54	-0,03	-1,69	+
FGSG_02452	IPR001466 Beta-lactamase-related;IPR012338 Beta-lactamase/transpeptidase-like	0,40	0,80	-1,69	
FGSG_12189	IPR009060 UBA-like	-0,08	0,10	-1,68	+
FGSG_06309	IPR000270 Phox/Bem1p;IPR000644 Cystathionine beta-synthase, core;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-0,43	-0,96	-1,68	+
FGSG_04243	IPR002155 Thiolase;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR020613 Thiolase, conserved site;IPR020616 Thiolase, N-terminal;IPR020617 Thiolase, C-terminal	-1,05	-0,05	-1,68	+
FGSG_07281	IPR008913 Zinc finger, CHY-type	-1,07	-0,75	-1,68	+
FGSG_10002	IPR000245 ATPase, V0 complex, proteolipid subunit C;IPR002379 ATPase, F0/V0 complex, subunit C;IPR011555 ATPase, V0 complex, proteolipid subunit C, eukaryotic	0,74	-0,06	-1,67	+
FGSG_16455	IPR003495 Cobalamin (vitamin B12) biosynthesis CobW-like;IPR011629 Cobalamin (vitamin B12) biosynthesis CobW-like, C-terminal	-0,12	-0,21	-1,67	+
FGSG_05696	IPR001544 Aminotransferase, class IV;IPR005786 Branched-chain amino acid aminotransferase II	0,18	0,36	-1,67	+
FGSG_05283	IPR003163 Transcription regulator HTH, APSE-type DNA-binding domain	0,80	0,49	-1,67	+
FGSG_05375	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-2,01	0,19	-1,67	+ +
FGSG_01358	IPR000727 Target SNARE coiled-coil domain	2,96	1,36	-1,67	+ +
FGSG_10296	IPR000866 Alkyl hydroperoxide reductase subunit C/ Thiol specific antioxidant;IPR012336 Thioredoxin-like fold	0,68	1,01	-1,66	+
FGSG_01063	IPR000398 Thymidylate synthase;IPR020940 Thymidylate synthase, active site;IPR023451 Thymidylate synthase/dCMP hydroxymethylase domain	-0,21	-0,36	-1,66	+
FGSG_09908	IPR000595 Cyclic nucleotide-binding domain;IPR002373 cAMP/cGMP-dependent protein kinase;IPR012198 cAMP-dependent protein kinase regulatory subunit;IPR014710 RmlC-like jelly roll fold;IPR018488 Cyclic nucleotide-binding, conserved site;IPR018490 Cyclic nucleotide-binding-like	-0,25	-0,26	-1,66	+
FGSG_15852	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR004129 Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase;IPR004331 SPX, N-terminal;IPR017946 PLC-like phosphodiesterase,	-0,84	-0,09	-1,66	+

	TIM beta/alpha-barrel domain;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain				
FGSG_10363	n.d.	-0,97	-0,09	-1,66	+
FGSG_09005	IPR007763 NADH:ubiquinone oxidoreductase, 17.2kDa subunit	-0,77	-1,19	-1,66	+
FGSG_10224	n.d.	-1,82	-2,09	-1,66	+
FGSG_00831	IPR006685 Mechanosensitive ion channel MscS;IPR010920 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM)-related domain;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018249 EF-HAND 2	2,80	3,49	-1,66	+
FGSG_08275	IPR000836 Phosphoribosyltransferase	0,01	0,19	-1,65	+
FGSG_04407	IPR000764 Uridine kinase	-0,06	-1,37	-1,65	+
FGSG_09879	IPR014368 Cytochrome c oxidase, subunit VIIa, fungal	-0,41	-0,74	-1,65	+
FGSG_17429	IPR001804 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase;IPR004429 Isopropylmalate dehydrogenase;IPR019818 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase, conserved site;IPR024084 Isopropylmalate dehydrogenase-like domain	-0,92	-0,46	-1,65	+
FGSG_08702	IPR003395 RecF/RecN/SMC	-0,40	-0,16	-1,65	+
FGSG_15908	IPR006115 6-phosphogluconate dehydrogenase, NADP-binding;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR015815 3-hydroxyacid dehydrogenase/reductase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,31	-0,35	-1,65	+
FGSG_10593	n.d.	-1,28	3,19	-1,65	
FGSG_16357	IPR013216 Methyltransferase type 11	1,04	-0,22	-1,65	+
FGSG_10367	IPR018810 Uncharacterised protein family UPF0662	0,08	-0,49	-1,64	+
FGSG_02484	IPR006680 Amidohydrolase 1;IPR011059 Metal-dependent hydrolase, composite domain	-0,05	-0,73	-1,64	+
FGSG_10789	IPR006084 DNA repair protein (XPGC)/yeast Rad;IPR006085 XPG N-terminal;IPR006086 XPG/RAD2 endonuclease;IPR008918 Helix-hairpin-helix motif, class 2;IPR019974 XPG conserved site;IPR020045 5'-3' exonuclease, C-terminal domain	0,14	0,06	-1,64	+
FGSG_04032	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like	0,82	0,72	-1,64	+
FGSG_17112	IPR001789 Signal transduction response regulator, receiver domain;IPR003018 GAF;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR003661 Signal transduction histidine kinase, subgroup 1, dimerisation/phosphoacceptor domain;IPR004358 Signal transduction histidine kinase-related protein, C-terminal;IPR005467 Signal transduction histidine kinase, core;IPR009082 Signal transduction histidine kinase, homodimeric;IPR011006 CheY-like superfamily	0,70	-0,16	-1,63	+
FGSG_09817	IPR002056 Protein import receptor MAS20-related;IPR023392 Mitochondrial outer membrane translocase complex, subunit Tom20 domain	-0,96	-1,46	-1,63	+
FGSG_06068	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-0,95	-0,15	-1,63	+
FGSG_09439	IPR004443 YjeF-related protein, N-terminal	-1,79	-2,11	-1,63	+
FGSG_05282	IPR000406 RHO protein GDP dissociation inhibitor;IPR014756 Immunoglobulin E-set	0,18	-0,20	-1,63	+
FGSG_11164	IPR001254 Peptidase S1/S6, chymotrypsin/Hap;IPR001314 Peptidase S1A, chymotrypsin-type;IPR009003 Peptidase cysteine/serine, trypsin-like;IPR018114 Peptidase S1/S6, chymotrypsin/Hap, active site	1,43	-1,20	-1,63	
FGSG_12188	IPR005176 Domain of unknown function DUF298;IPR014764 Defective-in-cullin neddylation protein	0,19	-0,01	-1,63	+
FGSG_08636	IPR009002 FMN-binding split barrel-related	-0,07	0,09	-1,62	+
FGSG_10211	IPR000870 Homoserine kinase;IPR006203 GHMP kinase, ATP-binding, conserved site;IPR006204 GHMP kinase;IPR013750 GHMP kinase, C-terminal;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	-0,08	0,01	-1,62	+
FGSG_01929	IPR002099 DNA mismatch repair protein;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR013507 DNA mismatch repair protein, C-terminal;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR014762 DNA mismatch repair, conserved site;IPR014763 DNA mismatch repair protein, N-terminal;IPR014790 MutL, C-terminal, dimerisation;IPR015434 Post	0,03	0,73	-1,62	+

	Meiotic Segregation 2;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold					
FGSG_04255	IPR008313 Uncharacterised conserved protein UCPO28846;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR012341 Six-hairpin glycosidase	-1,07	-1,10	-1,62		+
FGSG_08521	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-0,78	0,08	-1,62		+
FGSG_10123	IPR002925 Dienelactone hydrolase	0,05	0,00	-1,62		+
FGSG_10216	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	0,32	-0,33	-1,61		+
FGSG_09647	IPR001917 Aminotransferase, class-II, pyridoxal-phosphate binding site;IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR005861 Histidinol-phosphate aminotransferase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,14	-0,06	-1,61		+
FGSG_08900	IPR007134 Autophagy-related protein 3, N-terminal;IPR007135 Autophagy-related protein 3;IPR019461 Autophagy-related protein 3, C-terminal	0,07	-0,90	-1,61		
FGSG_04947	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain	-0,07	-1,45	-1,61		+
FGSG_05050	IPR002933 Peptidase M20;IPR011650 Peptidase M20, dimerisation;IPR017141 Peptidase M20, carboxypeptidase S	0,48	-0,27	-1,60		+
FGSG_06474	IPR002108 Actin-binding, cofilin/tropomyosin type	0,10	0,44	-1,60		+
FGSG_09890	IPR014306 Hydroxyisourate hydrolase;IPR023416 Transthyretin/hydroxyisourate hydrolase, superfamily;IPR023418 Transthyretin, thyroxine binding site;IPR023419 Transthyretin, conserved site	0,05	-0,13	-1,59		+
FGSG_09398	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1	-0,15	0,02	-1,58		+
FGSG_17096	IPR003137 Protease-associated domain, PA;IPR007365 Transferrin receptor-like, dimerisation domain;IPR007484 Peptidase M28	-0,55	-0,22	-1,58		+
FGSG_03999	IPR001733 Peptidase S26B, eukaryotic signal peptidase;IPR011056 Peptidase S24/S26A/S26B/S26C, beta-ribbon domain;IPR015927 Peptidase S24/S26A/S26B/S26C;IPR019756 Peptidase S26A, signal peptidase I, serine active site;IPR019759 Peptidase S24/S26A/S26B	0,95	0,49	-1,57		+
FGSG_06281	IPR002292 Ornithine carbamoyltransferase;IPR006130 Aspartate/ornithine carbamoyltransferase;IPR006131 Aspartate/ornithine carbamoyltransferase, Asp/Orn-binding domain;IPR006132 Aspartate/ornithine carbamoyltransferase, carbamoyl-P binding	-1,33	-1,10	-1,57	+	+
FGSG_05610	IPR001041 Ferredoxin;IPR004489 Succinate dehydrogenase/fumarate reductase iron-sulphur protein;IPR006058 2Fe-2S ferredoxin, iron-sulphur binding site;IPR009051 Alpha-helical ferredoxin;IPR012285 Fumarate reductase, C-terminal;IPR012675 Beta-grasp fold, ferredoxin-type;IPR017896 4Fe-4S ferredoxin, iron-sulphur binding domain;IPR017900 4Fe-4S ferredoxin, iron-sulphur binding, conserved site	-0,89	-0,66	-1,57		+
FGSG_05052	IPR001261 ArgE/DapE/ACY1/CPG2/YscS, conserved site;IPR002933 Peptidase M20;IPR011650 Peptidase M20, dimerisation	0,62	-0,93	-1,57		+
FGSG_05057	IPR019357 Protein of unknown function DUF2205, coiled-coil	0,76	-0,42	-1,57		+
FGSG_09453	IPR000048 IQ motif, EF-hand binding site;IPR001636 SAICAR synthetase;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR018236 SAICAR synthetase, conserved site	-0,78	-0,52	-1,57		+
FGSG_09284	IPR001342 Homoserine dehydrogenase, catalytic;IPR005106 Aspartate/homoserine dehydrogenase, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR019811 Homoserine dehydrogenase, conserved site	-0,27	0,14	-1,56		+
FGSG_06918	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-terminal;IPR012400 Alcohol dehydrogenase, long-chain fatty	-2,00	-0,63	-1,56	+	+
FGSG_09489	IPR003422 Cytochrome b-c1 complex, subunit 6;IPR023184 Ubiquinol-cytochrome C reductase hinge domain	1,99	1,61	-1,56		

FGSG_10735	IPR009020 Proteinase inhibitor, propeptide	0,12	-0,45	-1,56		+
FGSG_10092	IPR005024 Snf7	-0,27	-0,78	-1,56		+
FGSG_09796	IPR003388 Reticulon	-0,08	0,88	-1,56		+
FGSG_00926	IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR001709 Flavoprotein pyridine nucleotide cytochrome reductase;IPR001834 NADH:cytochrome b5 reductase (CBR);IPR008333 Oxidoreductase, FAD-binding domain;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel	-1,41	-1,03	-1,55	+	+
FGSG_05490	IPR006722 Sedlin;IPR011012 Longin-like	-0,19	-0,20	-1,55		+
FGSG_09661	IPR006089 Acyl-CoA dehydrogenase, conserved site;IPR006090 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, type 1;IPR006091 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, central domain;IPR006092 Acyl-CoA dehydrogenase, N-terminal;IPR009075 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase C-terminal;IPR009100 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase;IPR013786 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase, N-terminal	-1,57	-0,27	-1,54	+	+
FGSG_06571	IPR008532 Domain of unknown function DUF814	-0,28	0,26	-1,54		
FGSG_12900	IPR010378 Protein of unknown function DUF974	0,02	-0,25	-1,54		+
FGSG_01331	n.d.	1,15	0,59	-1,54		+
FGSG_02523	IPR011057 Mss4-like;IPR011323 Mss4/translationally controlled tumour-associated TCTP;IPR018103 Translationally controlled tumour protein, conserved site;IPR018105 Translationally controlled tumour protein	-0,09	-0,05	-1,54		+
FGSG_04274	IPR008728 Elongator complex protein 4	-0,97	-0,84	-1,54		+
FGSG_05156	IPR001754 Orotidine 5'-phosphate decarboxylase domain;IPR011060 Ribulose-phosphate binding barrel;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR018089 Orotidine 5'-phosphate decarboxylase, active site	0,10	-0,35	-1,53		+
FGSG_09552	IPR002818 ThiI/PfpI	-0,20	-0,27	-1,53		+
FGSG_04125	IPR005822 Ribosomal protein L13;IPR005823 Ribosomal protein L13, bacterial-type;IPR023564 Ribosomal protein L13 domain	-2,84	-0,82	-1,53	+	+
FGSG_15740	IPR004130 Uncharacterised protein family, ATP binding	1,18	0,66	-1,53		
FGSG_16464	IPR003781 CoA-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,84	-0,17	-1,53		+
FGSG_01888	n.d.	-0,20	-0,19	-1,52		+
FGSG_08621	IPR002189 WASH complex, F-actin capping protein, alpha subunit;IPR017865 F-actin capping protein, alpha subunit, conserved site	0,15	-0,03	-1,52		+
FGSG_01962	IPR001518 Argininosuccinate synthase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR018223 Argininosuccinate synthase, conserved site;IPR023434 Argininosuccinate synthase, type 1 subfamily;IPR024074 Argininosuccinate synthetase, catalytic/multimerisation domain body	-0,67	0,17	-1,52		+
FGSG_01855	n.d.	-1,87	-1,35	-1,52		+
FGSG_06244	IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR024737 Cell-cycle control medial ring component	0,55	0,54	-1,52		+
FGSG_09395	n.d.	-1,85	-1,34	-1,52	+	+
FGSG_01388	IPR000742 Epidermal growth factor-like, type 3;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR013032 EGF-like region, conserved site;IPR013525 ABC-2 type transporter;IPR017871 ABC transporter, conserved site	0,47	-0,67	-1,52		+
FGSG_11596	n.d.	-0,97	-0,68	-1,52		+
FGSG_10177	IPR006913 Glutathione-dependent formaldehyde-activating family, GFA;IPR011057 Mss4-like	0,14	-0,13	-1,51		+
FGSG_08976	IPR002930 Glycine cleavage H-protein;IPR011053 Single hybrid motif;IPR017453 Glycine cleavage H-protein, subgroup	-1,34	-1,06	-1,51		+
FGSG_01225	IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR024671 Autophagy-related protein 22-like	1,19	-0,25	-1,51		
FGSG_04131	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR010111 Kynureninase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,42	-0,28	-1,51		+

FGSG_06319	IPR002678 NGG1p interacting factor 3, NIF3	-0,50	-0,06	-1,51		+
FGSG_08527	IPR003827 tRNA wybutosine-synthesizing protein	-0,62	0,43	-1,50		+
FGSG_17722	IPR000433 Zinc finger, ZZ-type	0,26	-0,82	-1,50		
FGSG_09535	IPR013538 Activator of Hsp90 ATPase homologue 1-like;IPR015310 Activator of Hsp90 ATPase, N-terminal;IPR023393 START-like domain	-0,06	0,12	-1,50		+
FGSG_04211	IPR007005 XAP5 protein	0,74	0,39	-1,50		+
FGSG_09612	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR003527 MAP kinase, conserved site;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR008352 MAP kinase, p38;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,21	0,00	-1,50		+
FGSG_03154	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-3,08	-1,47	-1,49	+	+
FGSG_05132	IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006402 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IA, variant 3;IPR023214 HAD-like domain	-0,06	0,43	-1,49		+
FGSG_04167	n.d.	-0,33	-0,27	-1,49		+
FGSG_07146	IPR001040 Translation Initiation factor eIF-4e;IPR023398 Translation Initiation factor eIF-4e-like domain	0,26	-0,10	-1,49		+
FGSG_01967	IPR000760 Inositol monophosphatase;IPR020550 Inositol monophosphatase, conserved site;IPR020583 Inositol monophosphatase, metal-binding site	-0,26	0,26	-1,48		+
FGSG_07012	IPR005123 Oxoglutarate/iron-dependent oxygenase	-0,57	-0,11	-1,48		+
FGSG_05408	n.d.	-0,47	1,24	-1,48		
FGSG_11125	IPR000834 Peptidase M14, carboxypeptidase A	-0,61	-0,26	-1,48		+
FGSG_06277	IPR000744 NSF attachment protein;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical	1,27	0,50	-1,48	+	+
FGSG_03846	IPR005152 Lipase, secreted	-0,15	-0,84	-1,48		+
FGSG_07870	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,44	-0,23	-1,48		+
FGSG_02707	IPR018020 Oxo-4-hydroxy-4-carboxy-5-ureidoimidazole decarboxylase	-0,50	-0,48	-1,48		+
FGSG_01960	IPR009020 Proteinase inhibitor, propeptide;IPR010259 Proteinase inhibitor I9, subtilisin propeptide	0,39	0,12	-1,47		+
FGSG_00853	n.d.	-1,99	-0,97	-1,47	+	+
FGSG_07948	IPR007681 Ran-interacting Mog1 protein;IPR016123 Mog1/PsbP, alpha/beta/alpha sandwich;IPR016124 Mog1/PsbP/DUF1795, alpha/beta/alpha sandwich	0,29	0,03	-1,47		+
FGSG_09694	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,01	0,72	-1,47		+
FGSG_13111	IPR001753 Crotonase, core;IPR018376 Enoyl-CoA hydratase/isomerase, conserved site	-1,98	-0,59	-1,47	+	+
FGSG_13110	IPR004113 FAD-linked oxidase, C-terminal;IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR016164 FAD-linked oxidase-like, C-terminal;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2;IPR016171 Vanillyl-alcohol oxidase, C-terminal subdomain 2	-1,69	-0,83	-1,47	+	+
FGSG_10879	IPR001247 Exoribonuclease, phosphorolytic domain 1;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	0,54	0,40	-1,46		+
FGSG_10276 ;FGSG_0933 2	IPR006137 NADH:ubiquinone oxidoreductase-like, 20kDa subunit;IPR006138 NADH-ubiquinone oxidoreductase, 20 Kd subunit;IPR014406 [NiFe]-hydrogenase-3-type complex, small subunit/NADH:quinone oxidoreductase, subunit NuoB	-0,37	-0,58	-1,46		+
FGSG_02852	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR004046 Glutathione S-transferase, C-terminal;IPR005955 Maleylacetoacetate isomerase;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-2,02	0,32	-1,46	+	+
FGSG_04070	n.d.	1,28	0,25	-1,46		+
FGSG_06167	IPR010729 Ribosomal protein L47, mitochondrial	-0,72	-0,64	-1,46		+
FGSG_01226	IPR001698 WASH complex, F-actin capping protein, beta subunit;IPR019771 F-actin capping protein, beta subunit, conserved site	0,13	0,03	-1,45		+

FGSG_06001	IPR004360 Glyoxalase/fofomycin resistance/dioxygenase;IPR005956 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	-0,13	0,47	-1,45		+
FGSG_07269	IPR000424 Primosome PriB/single-strand DNA-binding;IPR011344 Single-strand DNA-binding;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	0,01	0,05	-1,45		+
FGSG_05539	n.d.	-0,14	-0,09	-1,45		+
FGSG_06082	n.d.	-2,30	2,12	-1,45		
FGSG_00986	IPR001464 Annexin;IPR009117 Annexin, type fungal XIV;IPR018252 Annexin repeat, conserved site;IPR018502 Annexin repeat	-0,06	0,02	-1,44		+
FGSG_09902	IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006439 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IA, variant 1;IPR023214 HAD-like domain	-1,16	-0,40	-1,44		+
FGSG_10971	IPR010856 Protein of unknown function DUF1479	2,19	2,20	-1,44	+	+
FGSG_17144	IPR000120 Amidase;IPR023631 Amidase signature domain	0,64	1,37	-1,44		
FGSG_09424	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-3,35	-1,45	-1,44	+	+
FGSG_01552	IPR000979 Phosphodiesterase MJ0936;IPR024654 Calcineurin-like phosphoesterase superfamily domain	0,38	-0,01	-1,44		+
FGSG_09363	IPR001247 Exoribonuclease, phosphorolytic domain 1;IPR015847 Exoribonuclease, phosphorolytic domain 2;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	0,02	-0,16	-1,44		
FGSG_00465	IPR001910 Inosine/uridine-preferring nucleoside hydrolase domain;IPR023186 Inosine/uridine-preferring nucleoside hydrolase	-0,38	-0,39	-1,43		+
FGSG_01557	IPR000560 Histidine phosphatase superfamily, clade-2	-1,32	-1,08	-1,43		+
FGSG_11230	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,39	0,25	-1,43		+
FGSG_17334	IPR001045 Spermine synthase	-0,29	0,28	-1,43		+
FGSG_08048	n.d.	6,63	0,68	-1,42	+	
FGSG_10759	IPR019236 Domain of unknown function DUF2183	0,29	0,37	-1,42		
FGSG_08303	IPR019410 Nicotinamide N-methyltransferase, putative	-2,96	-0,70	-1,42	+	+
FGSG_08495	IPR003154 S1/P1 nuclease;IPR008947 Phospholipase C/P1 nuclease, core	1,04	-0,48	-1,42		+
FGSG_01694	IPR022124 Protein of unknown function DUF3659	-0,03	0,08	-1,41		+
FGSG_05293	IPR003689 Zinc/iron permease	1,08	1,25	-1,41		
FGSG_01033	IPR013248 Shr3 amino acid permease chaperone	0,66	0,48	-1,41		+
FGSG_04400	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,80	0,51	-1,40		+
FGSG_01523	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR018170 Aldo/keto reductase, conserved site;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-0,49	-0,44	-1,40		+
FGSG_03438	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribose dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	0,25	-0,03	-1,40		
FGSG_05429	n.d.	-0,95	0,21	-1,40		+
FGSG_09775	IPR002108 Actin-binding, cofilin/tropomyosin type;IPR011171 Glia maturation factor beta	-0,08	0,05	-1,40		+
FGSG_05226	IPR001388 Synaptobrevin;IPR010908 Longin;IPR011012 Longin-like	0,95	0,23	-1,40		+
FGSG_00910	IPR012965 Domain of unknown function DUF1708	1,12	0,97	-1,40		
FGSG_01408	IPR001179 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FKBP-type, domain;IPR023566 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FKBP-type	-0,50	0,18	-1,40		+
FGSG_10051	n.d.	3,73	2,43	-1,39	+	
FGSG_10893	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,46	-0,05	-1,39		+
FGSG_01849	IPR005135 Endonuclease/exonuclease/phosphatase	0,30	-0,98	-1,39		+
FGSG_05374	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-	-1,90	0,42	-1,39	+	+

	terminal;IPR012132 Glucose-methanol-choline oxidoreductase					
FGSG_02096	IPR003466 Chalcone isomerase, subgroup;IPR016087 Chalcone isomerase	-0,31	-0,34	-1,39		+
FGSG_05026	IPR003653 Peptidase C48, SUMO/Sentrin/Ubl1	1,03	0,44	-1,39		
FGSG_00021	n.d.	-1,17	-4,11	-1,39		+
FGSG_08559	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	-0,86	-0,64	-1,38		+
FGSG_13369	IPR008775 Phytanoyl-CoA dioxygenase	-0,05	-0,07	-1,38		+
FGSG_13445	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-0,98	1,18	-1,38		+
FGSG_08615	IPR002014 VHS;IPR004152 GAT;IPR008942 ENTH/VHS;IPR018205 VHS subgroup	-0,44	0,13	-1,37		+
FGSG_03270	n.d.	0,68	-0,78	-1,37		
FGSG_09810	IPR008594 Scavenger mRNA decapping enzyme;IPR011145 Scavenger mRNA decapping enzyme, N-terminal;IPR011146 Histidine triad-like motif	-0,95	-0,15	-1,37		+
FGSG_00886	IPR001372 Dynein light chain, type 1/2;IPR019763 Dynein light chain, type 1/2, conserved site	0,49	-0,21	-1,37		+
FGSG_10229	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-0,95	-0,21	-1,36		+
FGSG_02661	IPR005124 Vacuolar (H+)-ATPase G subunit	-0,32	0,14	-1,36		+
FGSG_04034	n.d.	0,01	0,56	-1,36		
FGSG_08942	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-0,30	0,34	-1,36		
FGSG_07135	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	-1,41	0,21	-1,36	+	+
FGSG_01341	IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR013087 Zinc finger, C2H2-type/integrase, DNA-binding;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like	2,46	1,20	-1,35	+	
FGSG_16178	IPR001354 Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme;IPR013341 Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme, N-terminal;IPR013342 Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme, C-terminal;IPR018110 Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme, conserved site	-5,93	0,03	-1,35	+	+
FGSG_02812	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	0,06	0,04	-1,35		+
FGSG_13584	IPR005746 Thioredoxin;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR013766 Thioredoxin domain;IPR017937 Thioredoxin, conserved site	0,34	0,87	-1,35		+
FGSG_04343	IPR001345 Phosphoglycerate/bisphosphoglycerate mutase, active site;IPR003094 Fructose-2,6-bisphosphatase;IPR013078 Histidine phosphatase superfamily, clade-1;IPR013079 6-phosphofructo-2-kinase;IPR016260 Bifunctional 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-bisphosphate 2-phosphatase	-0,19	-0,72	-1,35		+
FGSG_13612	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,59	1,21	-1,35		
FGSG_04657	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	1,41	-0,01	-1,35		
FGSG_02092	IPR003005 Amphiphysin;IPR004148 BAR;IPR010504 Arfaptin-like	0,33	0,02	-1,35		+
FGSG_10967	IPR006035 Ureohydrolase;IPR014033 Arginase, subgroup;IPR020855 Ureohydrolase, manganese-binding site;IPR023696 Ureohydrolase domain	-0,38	-0,02	-1,35		+
FGSG_05446	IPR006035 Ureohydrolase;IPR020855 Ureohydrolase, manganese-binding site;IPR023696 Ureohydrolase domain	-0,99	-0,45	-1,34		+
FGSG_01790	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR013217 Methyltransferase type 12;IPR013968 Polyketide synthase, KR;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031	2,83	0,60	-1,34	+	

	Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR014043 Acyl transferase;IPR016035 Acyl transferase/acyl hydrolase/lysophospholipase;IPR016036 Malonyl-CoA ACP transacylase, ACP-binding;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020801 Polyketide synthase, acyl transferase domain;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020807 Polyketide synthase, dehydratase domain;IPR020841 Polyketide synthase, beta-ketoacyl synthase domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase					
FGSG_07244	n.d.	-1,84	-0,59	-1,34		+
FGSG_06695	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,28	0,32	-1,33		
FGSG_04222	IPR006367 Sirohaem synthase, N-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR023283 Siroheme synthase domain 3	-1,95	-0,24	-1,33	+	+
FGSG_05328	IPR000262 FMN-dependent dehydrogenase;IPR001199 Cytochrome b5;IPR008259 FMN-dependent alpha-hydroxy acid dehydrogenase, active site;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR018506 Cytochrome b5, heme-binding site	-3,73	-0,34	-1,33	+	+
FGSG_08429	IPR002376 Formyl transferase, N-terminal;IPR004607 Phosphoribosylglycinamide formyltransferase	-0,34	0,18	-1,32		
FGSG_08065	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-0,55	-0,37	-1,32		+
FGSG_01243	IPR000300 Inositol polyphosphate-related phosphatase;IPR002013 Synaptojanin, N-terminal;IPR005135	1,11	-0,42	-1,32		+
FGSG_10034	Endonuclease/exonuclease/phosphatase					
FGSG_10034	IPR011012 Longin-like;IPR016635 Adaptor protein complex, sigma subunit;IPR022775 AP complex, mu/sigma subunit	0,56	0,00	-1,32		+
FGSG_08691	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,45	0,02	-1,32		
FGSG_02902	n.d.	-1,05	0,90	-1,32		+
FGSG_07404	IPR001125 Recoverin;IPR002048 Calcium-binding EF-hand;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018248 EF-hand;IPR018249 EF-HAND 2	0,38	-0,17	-1,31		+
FGSG_07395	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR006186 Serine/threonine-specific protein phosphatase/bis(5-nucleosyl)-tetraphosphatase;IPR011236 Protein phosphatase 5;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR013235 Serine/threonine phosphatase, PPP5;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	0,11	0,06	-1,31		+
FGSG_02771	IPR000648 Oxysterol-binding protein;IPR018494 Oxysterol-binding protein, conserved site	0,13	-0,06	-1,31		+
FGSG_05266	IPR021278 Protein of unknown function DUF2611	-0,70	-1,38	-1,31		+
FGSG_10050	IPR008462 CsbD-like	0,41	0,69	-1,31		+
FGSG_08545	IPR000306 Zinc finger, FYVE-type;IPR002014 VHS;IPR003903 Ubiquitin interacting motif;IPR008942 ENTH/VHS;IPR011011 Zinc finger, FYVE/PHD-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR017073 Ubiquitin binding protein, Hrs/VPS27;IPR017455 Zinc finger, FYVE-related;IPR018205 VHS subgroup	0,59	-0,97	-1,31		
FGSG_04507	IPR000008 C2 calcium-dependent membrane targeting;IPR008973 C2 calcium/lipid-binding domain, CaLB;IPR018029 C2 membrane targeting protein	-0,37	-0,26	-1,31		+
FGSG_08255	IPR003819 Taurine catabolism dioxygenase TauD/TfdA	-0,31	-0,39	-1,31		+
FGSG_01530	IPR002213 UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase;IPR003903 Ubiquitin interacting motif;IPR004276 Glycosyl transferase, family 28	0,09	-0,30	-1,30		+
FGSG_06091	IPR013869 Protein of unknown function DUF1757	-0,87	-1,05	-1,30		+
FGSG_04315	IPR004203 Cytochrome c oxidase subunit IV	-0,64	-0,84	-1,30		+
FGSG_09897	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active	1,03	1,20	-1,30		

	site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR013896 Ubiquitin-associated domain (UBA);IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain					
FGSG_03349	IPR000627 Intradiol ring-cleavage dioxygenase, C-terminal;IPR007535 Catechol dioxygenase, N-terminal;IPR015889 Intradiol ring-cleavage dioxygenase, core	-1,12	-0,12	-1,29		+
FGSG_05551	IPR001753 Crotonase, core	0,79	2,41	-1,29	+	+
FGSG_09762	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	0,48	0,63	-1,29		+
FGSG_05915	n.d.	2,30	1,26	-1,29		
FGSG_06394	IPR001388 Synaptobrevin;IPR010908 Longin;IPR011012 Longin-like	0,90	0,29	-1,29		+
FGSG_09608	n.d.	0,59	0,16	-1,28		+
FGSG_07320	IPR007317 Uncharacterised protein family UPF0363	0,59	0,57	-1,28		+
FGSG_10131	IPR006992 Amidohydrolase 2	-0,33	0,18	-1,28		+
FGSG_06613	IPR002933 Peptidase M20;IPR011650 Peptidase M20, dimerisation;IPR017144 Peptidase M20D, amidohydrolase, predicted;IPR017439 Amidohydrolase	-0,31	-0,22	-1,28		+
FGSG_08593	IPR002842 ATPase, V1/A1 complex, subunit E	0,50	0,06	-1,28		+
FGSG_08477	IPR002075 Nuclear transport factor 2;IPR018222 Nuclear transport factor 2, Eukaryote	0,24	0,09	-1,27		+
FGSG_11469	IPR002917 GTP-binding domain, HSR1-related;IPR004396 Conserved hypothetical protein CHP00092;IPR006073 GTP1/OBG;IPR012675 Beta-grasp fold, ferredoxin-type;IPR012676 TGS-like;IPR013029 Domain of unknown function DUF933;IPR023192 TGS-like domain	-0,70	-0,60	-1,27		+
FGSG_04285	IPR002699 ATPase, V1/A1 complex, subunit D	0,38	-0,06	-1,27		+
FGSG_01653	IPR016939 Ribosomal protein S25, mitochondrial	-1,85	-1,03	-1,27	+	+
FGSG_09555	IPR000049 Electron transfer flavoprotein, beta-subunit, conserved site;IPR012255 Electron transfer flavoprotein, beta subunit;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR014730 Electron transfer flavoprotein, alpha/beta-subunit, N-terminal	-1,21	-0,32	-1,27		+
FGSG_00609	IPR006056 YjgF-like protein;IPR006175 Endoribonuclease L-PSP;IPR013813 Endoribonuclease L-PSP/chorismate mutase-like	-0,59	0,02	-1,27		+
FGSG_02169	IPR000834 Peptidase M14, carboxypeptidase A	-0,62	-0,30	-1,27		+
FGSG_01052	IPR000730 Proliferating cell nuclear antigen, PCNA;IPR022648 Proliferating cell nuclear antigen, PCNA, N-terminal;IPR022649 Proliferating cell nuclear antigen, PCNA, C-terminal;IPR022659 Proliferating cell nuclear antigen, PCNA, conserved site	0,20	-0,25	-1,27		+
FGSG_01432	IPR003807 Protein of unknown function DUF202;IPR004331 SPX, N-terminal;IPR018966 VTC domain	-0,04	0,04	-1,26		+
FGSG_07041	IPR003428 Mitochondrial glycoprotein	-0,76	-0,30	-1,26		+
FGSG_03667	IPR000627 Intradiol ring-cleavage dioxygenase, C-terminal;IPR007535 Catechol dioxygenase, N-terminal;IPR015889 Intradiol ring-cleavage dioxygenase, core	-0,61	0,13	-1,26		+
FGSG_15771	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	1,39	0,71	-1,26	+	+
FGSG_09229	IPR004327 Phosphotyrosyl phosphatase activator, PTPA	-0,62	-0,38	-1,26		+
FGSG_06813	IPR006108 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, C-terminal;IPR006176 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, NAD binding;IPR006180 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, conserved site;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,80	0,31	-1,25		+
FGSG_01322	IPR000626 Ubiquitin;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR022617 Small ubiquitin-related modifier, SUMO	0,06	-0,18	-1,25		+
FGSG_17266	IPR007632 Anoctamin/TMEM 16	-0,19	0,57	-1,25		+

FGSG_01502	IPR000717 Proteasome component (PCI) domain	0,25	0,07	-1,25	+
FGSG_08706	IPR000462 CDP-alcohol phosphatidyltransferase;IPR014472 Choline/ethanolamine phosphotransferase	1,19	-0,14	-1,25	
FGSG_06018	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,27	0,15	-1,25	+
FGSG_17255	IPR006683 Thioesterase superfamily	-2,85	-1,70	-1,25	+
FGSG_07088	IPR002777 Prefoldin beta-like;IPR009053 Prefoldin	-0,11	0,32	-1,25	+
FGSG_11231	IPR005302 Molybdenum cofactor sulfurase, C-terminal;IPR005303 MOSC, N-terminal beta barrel;IPR011037 Pyruvate kinase-like, insert domain	0,21	1,53	-1,24	
FGSG_13341	IPR008689 ATPase, FO complex, subunit D, mitochondrial	-0,48	-0,82	-1,24	+
FGSG_00810	IPR006139 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, catalytic domain;IPR006140 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,93	0,29	-1,24	+
FGSG_01932	IPR000277 Cys/Met metabolism, pyridoxal phosphate-dependent enzyme;IPR006238 Cystathionine beta-lyase, eukaryotic;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,09	-0,60	-1,24	+
FGSG_05501	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,45	0,14	-1,24	+
FGSG_01890	IPR000727 Target SNARE coiled-coil domain;IPR006011 Syntaxin, N-terminal;IPR006012 Syntaxin/epimorphin, conserved site;IPR010989 t-SNARE	0,83	-0,07	-1,24	
FGSG_11913	IPR001025 Bromo adjacent homology (BAH) domain	-0,04	-0,57	-1,24	+
FGSG_05382	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-0,43	-0,53	-1,24	+
FGSG_02839	IPR000109 Oligopeptide transporter;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	2,05	0,72	-1,23	+
FGSG_07479	IPR004820 Cytidyltransferase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	0,48	0,35	-1,23	+
FGSG_10062	IPR000614 Uncharacterised protein family UPF0067, conserved site	-3,12	-0,41	-1,23	+
FGSG_03755	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR018170 Aldo/keto reductase, conserved site;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-0,41	-0,14	-1,23	+
FGSG_01155	IPR005377 Vacuolar protein sorting-associated protein 26	0,31	-0,05	-1,23	+
FGSG_04438	n.d.	1,34	-0,90	-1,23	
FGSG_09917	IPR001683 Phox homologous domain;IPR001736 Phospholipase D/Transphosphatidylase;IPR015679 Phospholipase D;IPR016555 Phospholipase D, eukaryota	1,14	-0,57	-1,23	
FGSG_09832	IPR004827 Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor;IPR011616 bZIP transcription factor, bZIP-1	2,27	1,94	-1,23	
FGSG_01450	IPR006931 Calcipressin	0,26	-1,61	-1,23	+
FGSG_03147	IPR001926 Pyridoxal phosphate-dependent enzyme, beta subunit	-1,13	-0,35	-1,23	+
FGSG_02262	IPR000757 Glycoside hydrolase, family 16;IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase;IPR013320 Concanavalin A-like lectin/glucanase, subgroup	0,48	0,09	-1,22	+
FGSG_10118	IPR000506 Acetohydroxy acid isomeroreductase C-terminal;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013023 Acetohydroxy acid isomeroreductase;IPR013116 Acetohydroxy acid isomeroreductase, catalytic;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR016207 Ketol-acid reductoisomerase, fungi	-0,91	-0,47	-1,22	+
FGSG_10210	IPR002220 Dihydropicolinate synthetase-like;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-1,99	-1,51	-1,22	+
FGSG_07060	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like	-2,59	-0,54	-1,22	+
FGSG_05094	IPR005061 Domain of unknown function DUF292, eukaryotic	0,34	-0,11	-1,22	+

FGSG_09295	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like	-0,04	-0,54	-1,22		+
FGSG_06294	IPR004127 Prefoldin subunit;IPR009053 Prefoldin;IPR016655 Prefoldin, subunit 3	-0,26	-0,07	-1,22		+
FGSG_09451	IPR002125 CMP/dCMP deaminase, zinc-binding;IPR004794 Riboflavin biosynthesis protein RibD;IPR016193 Cytidine deaminase-like	0,11	-2,12	-1,22	+	+
FGSG_08351	IPR002930 Glycine cleavage H-protein;IPR011053 Single hybrid motif;IPR017453 Glycine cleavage H-protein, subgroup	-1,36	-0,55	-1,22	+	+
FGSG_03890	IPR006047 Glycosyl hydrolase, family 13, catalytic domain;IPR006589 Glycosyl hydrolase, family 13, subfamily, catalytic domain;IPR013780 Glycosyl hydrolase, family 13, all-beta;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR015902 Alpha amylase;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-2,21	-1,56	-1,21	+	+
FGSG_04397	IPR001461 Peptidase A1;IPR009007 Peptidase aspartic, catalytic;IPR021109 Peptidase aspartic	-1,48	-0,09	-1,21		+
FGSG_04980	IPR002472 Palmitoyl protein thioesterase	0,57	-0,27	-1,21		+
FGSG_00323	IPR002773 Deoxyhypusine synthase	0,38	0,05	-1,21		+
FGSG_05525	IPR006634 TRAM/LAG1/CLN8 homology domain;IPR013599 TRAM1-like protein;IPR016439 Longevity assurance, LAG1/LAC1	-0,06	0,77	-1,21		
FGSG_10347	IPR004790 Isocitrate dehydrogenase NADP-dependent, eukaryotic-type;IPR019818 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase, conserved site;IPR024084 Isopropylmalate dehydrogenase-like domain	-1,34	-0,22	-1,20	+	+
FGSG_08573	IPR000245 ATPase, V0 complex, proteolipid subunit C;IPR002379 ATPase, F0/V0 complex, subunit C;IPR011555 ATPase, V0 complex, proteolipid subunit C, eukaryotic	0,83	-0,37	-1,20		
FGSG_10164	IPR002838 Protein of unknown function DUF124;IPR016031 Tryptophan RNA-binding attenuator protein-like	0,66	0,47	-1,20		
FGSG_09532	IPR000760 Inositol monophosphatase;IPR006239 3(2),5-bisphosphate nucleotidase HAL2;IPR020550 Inositol monophosphatase, conserved site;IPR020583 Inositol monophosphatase, metal-binding site	-0,99	-0,20	-1,20		+
FGSG_00470	IPR008960 Carbohydrate-binding domain family 9-like;IPR015920 Cellobiose dehydrogenase, cytochrome	2,32	0,43	-1,20		
FGSG_08712	IPR000362 Fumarate lyase;IPR005677 Fumarate hydratase, class II;IPR008948 L-Aspartase-like;IPR018951 Fumarase C, C-terminal;IPR020557 Fumarate lyase, conserved site;IPR022761 Lyase 1, N-terminal;IPR024083 L-Aspartase-like, N-terminal	-1,06	-0,05	-1,20	+	+
FGSG_02454	IPR006282 Thiamin pyrophosphokinase;IPR007371 Thiamin pyrophosphokinase, catalytic domain;IPR007373 Thiamin pyrophosphokinase, vitamin B1-binding domain;IPR016966 Thiamin pyrophosphokinase, eukaryotic	-0,07	0,06	-1,20		+
FGSG_11634	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	-0,08	-0,10	-1,20		
FGSG_09614	IPR001019 Guanine nucleotide binding protein (G-protein), alpha subunit;IPR002975 Fungal G-protein, alpha subunit;IPR011025 G protein alpha subunit, helical insertion	0,85	0,32	-1,20		
FGSG_04091	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	1,05	0,62	-1,19		+
FGSG_09512	IPR001544 Aminotransferase, class IV;IPR005786 Branched-chain amino acid aminotransferase II;IPR018300 Aminotransferase, class IV, conserved site	-0,91	-0,25	-1,19		+
FGSG_10039	IPR003779 Carboxymuconolactone decarboxylase	-2,03	-0,79	-1,19	+	+
FGSG_17194	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,15	-0,07	-1,18		+
FGSG_04245	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006414 ATPase, P-type, potassium/sodium efflux, fungal;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	-1,99	1,01	-1,18	+	+

FGSG_05114	IPR002139 Carbohydrate/purine kinase	Ribokinase;IPR011611	-0,33	-0,32	-1,18			+
FGSG_03657	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like		-0,18	0,79	-1,18			+
FGSG_01534	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type		0,95	0,23	-1,18			
FGSG_01891	IPR001125 Recoverin;IPR002048 Calcium-binding EF-hand;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018248 EF-hand;IPR018249 EF-HAND 2		-0,12	0,08	-1,18			+
FGSG_00175	IPR002020 Citrate synthase-like;IPR016141 Citrate synthase-like, core;IPR016142 Citrate synthase-like, large alpha subdomain;IPR019810 Citrate synthase active site		-1,46	-0,42	-1,18		+	+
FGSG_01461	n.d.		1,35	1,35	-1,18			
FGSG_04218	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase		0,50	-0,01	-1,18			
FGSG_00949	IPR002737 UPF0103/Mediator of ErbB2-driven cell motility (Memo-related)		-0,01	-0,40	-1,17			+
FGSG_03126	IPR009799 Ethyl tert-butyl ether degradation EthD;IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel		0,33	0,40	-1,17			+
FGSG_01134	IPR010456 Ribosomal L11 methyltransferase, PrmA		0,66	0,42	-1,17			+
FGSG_02030	IPR003781 CoA-binding;IPR005810 Succinyl-CoA ligase, alpha subunit;IPR005811 ATP-citrate lyase/succinyl-CoA ligase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR016102 Succinyl-CoA synthetase-like;IPR017440 ATP-citrate lyase/succinyl-CoA ligase, active site		-0,81	-0,59	-1,17			+
FGSG_10885	IPR005809 Succinyl-CoA synthetase, beta subunit;IPR005811 ATP-citrate lyase/succinyl-CoA ligase;IPR011761 ATP-grasp fold;IPR013650 ATP-grasp fold, succinyl-CoA synthetase-type;IPR013815 ATP-grasp fold, subdomain 1;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR016102 Succinyl-CoA synthetase-like;IPR017866 Succinyl-CoA synthetase, beta subunit, conserved site		0,07	-0,11	-1,17			+
FGSG_00385	IPR000135 High mobility group, HMG1/HMG2, subgroup;IPR000910 High mobility group, HMG1/HMG2;IPR009071 High mobility group, superfamily		0,69	0,83	-1,17			+
FGSG_13502	IPR001578 Peptidase C12, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 1		0,71	0,13	-1,16			+
FGSG_09487	IPR005493 Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase		-0,26	0,11	-1,16			
FGSG_02851	IPR002529 Fumarylacetoacetase, C-terminal;IPR005959 Fumarylacetoacetase;IPR011234 Fumarylacetoacetase, C-terminal-related;IPR015377 Fumarylacetoacetase, N-terminal		-0,19	0,18	-1,16			+
FGSG_04489	n.d.		0,30	-0,86	-1,16			+
FGSG_02125	IPR000782 FAS1 domain		0,52	1,87	-1,15			
FGSG_10963	IPR002777 Prefoldin beta-like;IPR009053 Prefoldin		-0,16	0,01	-1,15			+
FGSG_16831	IPR008257 Peptidase M19, renal dipeptidase		-0,05	-0,73	-1,15			+
FGSG_10497	IPR001279 Beta-lactamase-like		-2,69	-1,01	-1,15		+	+
FGSG_06744	IPR000639 Epoxide hydrolase-like		0,26	-0,16	-1,15			+
FGSG_07078	IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR006845 Pex, N-terminal;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR017907 Zinc finger, RING-type, conserved site;IPR018957 Zinc finger, C3HC4 RING-type		0,34	0,33	-1,14			
FGSG_04077	IPR000675 Cutinase		-1,20	0,35	-1,14			+
FGSG_01183	IPR013933 Chromatin-remodelling complex, RSC SWI/SNF subunit Rsc7/Swp82		2,57	2,50	-1,14		+	+
FGSG_08452	IPR000422 3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase, RibB;IPR017945 DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain		-0,05	0,44	-1,14			
FGSG_12946	IPR011146 Histidine triad-like motif;IPR011151 Histidine triad motif;IPR019200 ATP adenyllyltransferase, C-terminal		-2,30	-1,09	-1,14		+	
FGSG_05159	IPR001117 Multicopper oxidase, type 1;IPR002355 Multicopper oxidase, copper-binding site;IPR008972 Cupredoxin;IPR011706 Multicopper oxidase, type 2;IPR011707 Multicopper oxidase, type 3		-0,54	0,61	-1,14			+
FGSG_01343	IPR013906 Translation initiation factor eIF3 subunit;IPR023194 Eukaryotic translation initiation factor 3-like domain		0,33	-0,15	-1,14			+

FGSG_00610	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017383 Actin-related protein 2/3 complex, subunit 1;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	0,36	-0,19	-1,14			+
FGSG_05608	IPR004328 BRO1 domain	-0,73	-0,22	-1,13			+
FGSG_08581	IPR003448 Molybdopterin biosynthesis MoeE	-1,44	-0,49	-1,13			+
FGSG_16830	n.d.	2,39	2,66	-1,13			
FGSG_03018	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	0,02	0,22	-1,13			+
FGSG_17650	IPR002917 GTP-binding domain, HSR1-related;IPR004095 TGS;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR006073 GTP1/OBG;IPR006074 GTP1/OBG, conserved site	0,21	0,10	-1,13			+
FGSG_00466	IPR001163 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain;IPR006649 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain, eukaryotic/archaea-type;IPR010920 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM)-related domain	0,35	0,09	-1,13			
FGSG_01863	IPR001578 Peptidase C12, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 1;IPR017390 Ubiquitinyl hydrolase, UCH37 type	-0,12	0,06	-1,13			+
FGSG_16805	IPR001216 Cysteine synthase/cystathionine beta-synthase P-phosphate-binding site;IPR001926 Pyridoxal phosphate-dependent enzyme, beta subunit	-1,01	-0,48	-1,12			+
FGSG_02773	IPR016805 Uncharacterised conserved protein UCPO22603;IPR019171 Caffeine-induced death protein 2	0,82	0,35	-1,12			
FGSG_13257	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,64	-1,14	-1,12			+
FGSG_09861	n.d.	-1,02	0,73	-1,12			
FGSG_00707	IPR005373 Uncharacterised protein family UPF0183	0,12	-0,48	-1,11			
FGSG_02578	n.d.	-4,68	-4,89	-1,11	+	+	
FGSG_09216	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR	0,00	0,00	-1,11			+
FGSG_01361	IPR000257 Uroporphyrinogen decarboxylase (URO-D);IPR006361 Uroporphyrinogen decarboxylase HemE	-0,23	0,05	-1,11			+
FGSG_07261	IPR001087 Lipase, GDSL;IPR013830 Esterase, SGNH hydrolase-type;IPR013831 Esterase, SGNH hydrolase-type, subgroup	-0,04	-0,06	-1,11			+
FGSG_05648	IPR000649 Initiation factor 2B-related	0,09	-0,18	-1,10			+
FGSG_01053	IPR004625 Pyridoxal phosphate (active vitamin B6) biosynthesis, pyridoxal kinase;IPR013749 Phosphomethylpyrimidine kinase type-1	-0,62	-0,30	-1,10			+
FGSG_13860	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-2,01	0,47	-1,10			+
FGSG_05314	IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR016543 Tetratricopeptide repeat 11 Fission 1 protein	0,11	-0,63	-1,10			+
FGSG_07439	IPR002130 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type;IPR015891 Cyclophilin-like;IPR020892 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type, conserved site	-0,03	0,00	-1,10			+
FGSG_09499	IPR001164 Arf GTPase activating protein	1,63	0,83	-1,09	+		
FGSG_15785	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-1,18	0,37	-1,09			+
FGSG_00598	IPR000312 Glycosyl transferase, family 3;IPR005940 Anthranilate phosphoribosyl transferase;IPR017459 Glycosyl transferase, family 3, N-terminal;IPR020072 Glycosyl transferase, family 3, subgroup, N-terminal	0,08	-0,11	-1,08			+
FGSG_03942	IPR021889 Protein of unknown function DUF3500	-2,25	-1,28	-1,08	+		+
FGSG_02671	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	0,80	-0,67	-1,08			+
FGSG_05690	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002364 Quinone oxidoreductase/zeta-crystallin, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-	-0,49	-0,04	-1,08			+

	binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase						
FGSG_12082	IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2	2,36	0,51	-1,08		+	
FGSG_02496	IPR009542 Microsomal signal peptidase 12kDa subunit	0,03	1,09	-1,08			
FGSG_12033	IPR000156 Ran binding protein 1;IPR011993 Pleckstrin homology-type	0,28	-0,26	-1,08			+
FGSG_07942	IPR000644 Cystathionine beta-synthase, core;IPR016711 Sds23	-0,19	-0,07	-1,08			+
FGSG_04277	IPR001247 Exoribonuclease, phosphorolytic domain 1;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	0,69	-0,44	-1,08			
FGSG_00486	IPR007342 Pseudouridine-5'-phosphate glycosidase;IPR011611 Carbohydrate/purine kinase;IPR022830 Indigoidine synthase A-like	-1,83	-0,78	-1,08		+	+
FGSG_09815	IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR006186 Serine/threonine-specific protein phosphatase/bis(5-nucleosyl)-tetraphosphatase	0,04	-0,16	-1,07			+
FGSG_00762	IPR012336 Thioredoxin-like fold	-0,84	-0,22	-1,07			+
FGSG_06619	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-0,74	-0,23	-1,07			+
FGSG_10265	IPR002794 Protein of unknown function DUF92, TMEM19	0,76	0,63	-1,06			
FGSG_13605	IPR001164 Arf GTPase activating protein	1,79	0,92	-1,06		+	
FGSG_06930	n.d.	0,80	2,01	-1,06			
FGSG_15923	IPR002123 Phospholipid/glycerol acyltransferase	0,36	0,49	-1,06			+
FGSG_02584	IPR000555 Mov34/MPN/PAD-1	0,21	-0,03	-1,06			+
FGSG_04650	n.d.	-1,92	0,09	-1,06		+	+
FGSG_05215	n.d.	0,81	-0,02	-1,06			
FGSG_08997	IPR000225 Armadillo;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	0,50	-0,69	-1,06			+
FGSG_15903	IPR002495 Glycosyl transferase, family 8	1,03	-0,15	-1,05			+
FGSG_00777	IPR002130 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type;IPR015891 Cyclophilin-like;IPR020892 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type, conserved site	-0,07	0,28	-1,05			+
FGSG_12767	IPR006139 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, catalytic domain;IPR006140 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,09	-0,05	-1,05			+
FGSG_11454	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-0,70	0,80	-1,05			
FGSG_01037	IPR001910 Inosine/uridine-preferring nucleoside hydrolase domain;IPR023186 Inosine/uridine-preferring nucleoside hydrolase	-0,57	-0,45	-1,05			+
FGSG_10939	IPR001223 Glycoside hydrolase, family 18, catalytic domain;IPR001579 Glycoside hydrolase, chitinase active site;IPR011583 Chitinase II;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,38	-0,90	-1,04			+
FGSG_12063	IPR001031 Thioesterase	0,49	-0,65	-1,04			
FGSG_00552	IPR013889 Karyogamy protein, KAR9	1,40	0,53	-1,04			
FGSG_10739	IPR001260 Coproporphyrinogen III oxidase, aerobic	0,12	0,24	-1,04			+
FGSG_01174	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat;IPR024111 Peroxisomal targeting signal 1 receptor family;IPR024113 Peroxisomal targeting signal 1 receptor	1,48	1,66	-1,04			
FGSG_16340	IPR002937 Amine oxidase;IPR008150 Phytoene dehydrogenase, bacterial-type, conserved site;IPR014105 Zeta-phytoene desaturase	-0,80	2,08	-1,03		+	+
FGSG_02997	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	-0,93	0,10	-1,03			+
FGSG_01926	IPR001308 Electron transfer flavoprotein, alpha subunit;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR014730 Electron transfer flavoprotein, alpha/beta-subunit,	-1,25	-0,16	-1,03		+	+

	N-terminal;IPR014731 Electron transfer flavoprotein, alpha subunit, C-terminal;IPR018206 Electron transfer flavoprotein, alpha subunit, C-terminal, conserved site					
FGSG_02703	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR018170 Aldo/keto reductase, conserved site;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	0,39	-0,16	-1,03		+
FGSG_02764	IPR002917 GTP-binding domain, HSR1-related;IPR004396 Conserved hypothetical protein CHP00092;IPR006073 GTP1/OBG;IPR012675 Beta-grasp fold, ferredoxin-type;IPR012676 TGS-like;IPR013029 Domain of unknown function DUF933;IPR023192 TGS-like domain	-0,08	0,01	-1,03		+
FGSG_01955	IPR001884 Translation elongation factor IF5A;IPR005824 KOW;IPR008991 Translation protein SH3-like;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR014722 Translation protein SH3-like, subgroup;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR019769 Translation elongation factor, IF5A, hypusine site;IPR020189 Translation elongation factor, IF5A C-terminal	-0,01	0,14	-1,03		+
FGSG_07419	IPR004345 TB2/DP1/HVA22-related protein	0,70	0,33	-1,03		+
FGSG_09549	IPR002638 Quinolate phosphoribosyl transferase, C-terminal;IPR004393 Nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR022412 Quinolate phosphoribosyl transferase, N-terminal	-0,42	0,03	-1,03		+
FGSG_13064	IPR000850 Adenylate kinase;IPR006266 UMP-CMP kinase	-0,06	-0,28	-1,02		+
FGSG_05631	IPR000243 Peptidase T1A, proteasome beta-subunit;IPR001353 Proteasome, subunit alpha/beta;IPR016050 Proteasome, beta-type subunit, conserved site;IPR023333 Proteasome B-type subunit	0,06	0,00	-1,02		+
FGSG_10424	IPR005935 Diphosphomevalonate decarboxylase;IPR006204 GHMP kinase;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	0,37	-0,04	-1,02		+
FGSG_01837	n.d.	-0,20	0,59	-1,02		
FGSG_06627	IPR001715 Calponin homology domain;IPR004953 EB1, C-terminal	0,01	-0,08	-1,02		+
FGSG_01091	IPR001247 Exoribonuclease, phosphorolytic domain 1;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	0,36	0,18	-1,02		
FGSG_02929	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I	1,14	0,77	-1,02		
FGSG_08394	IPR003710 Ketopantoate reductase ApbA/PanE;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR013332 Ketopantoate reductase ApbA/PanE, N-terminal;IPR013752 Ketopantoate reductase ApbA/PanE, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,98	0,27	-1,01		+
FGSG_16356	IPR018163 Threonyl/alaninyl tRNA synthetase, class II-like, putative editing domain	0,24	-0,14	-1,01		+
FGSG_01943	IPR000014 PAS;IPR013655 PAS fold-3	0,66	1,32	-1,01		
FGSG_08700	IPR001465 Malate synthase;IPR006252 Malate synthase A;IPR011076 Malate synthase-like;IPR019830 Malate synthase, conserved site	-1,51	0,23	-1,01		+
FGSG_03774	n.d.	-0,70	0,01	-1,01		+
FGSG_05673	n.d.	0,18	0,63	-1,01		
FGSG_09809	IPR004911 Gamma interferon inducible lysosomal thiol reductase GILT	0,72	-0,27	-1,01		+
FGSG_09257	IPR001354 Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme;IPR013342 Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme, C-terminal;IPR018110 Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme, conserved site	-0,35	0,21	-1,01		+
FGSG_07970	IPR000089 Biotin/lipoyl attachment;IPR001078 2-oxoacid dehydrogenase acyltransferase, catalytic domain;IPR003016 2-oxo acid dehydrogenase, lipoyl-binding site;IPR006255 Dihydroipoamide succinyltransferase;IPR011053 Single hybrid motif;IPR023213 Chloramphenicol acetyltransferase-like domain	-0,36	-0,10	-1,00		+
FGSG_02875	IPR001466 Beta-lactamase-related;IPR012338 Beta-lactamase/transpeptidase-like	1,53	0,09	-1,00		+
FGSG_03947	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1	0,05	0,63	-1,00		
FGSG_05275	IPR013886 PI31 proteasome regulator;IPR021625 Proteasome Inhibitor PI31	0,76	-1,55	-1,00		
FGSG_16199	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane	0,57	-1,79	-1,00		

	domain, type 1;IPRO17871 ABC transporter, conserved site;IPRO17940 ABC transporter, integral membrane type 1					
FGSG_06878	IPRO00719 Protein kinase, catalytic domain;IPRO02290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPRO08271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPRO11009 Protein kinase-like domain;IPRO17441 Protein kinase, ATP binding site;IPRO17442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPRO20635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain;IPRO20636 Calcium/calmodulin-dependent/calcium-dependent protein kinase;IPRO20651 Calcium/calmodulin-dependent protein kinase CMK, fungi	0,65	0,40	-1,00		+
FGSG_03847	IPRO05349 Uncharacterised protein family UPF0136, Transmembrane	-0,79	-0,55	-0,99		+
FGSG_06746	IPRO05345 PHF5-like	1,04	0,82	-0,99		
FGSG_17687	IPRO00095 PAK-box/P21-Rho-binding;IPRO00719 Protein kinase, catalytic domain;IPRO01849 Pleckstrin homology domain;IPRO02290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPRO08271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPRO11009 Protein kinase-like domain;IPRO11993 Pleckstrin homology-type;IPRO17442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPRO20635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	1,57	1,13	-0,99		+
FGSG_10117	IPRO00608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPRO16135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like;IPRO23313 Ubiquitin-conjugating enzyme, active site	-0,59	-1,02	-0,99		+
FGSG_00769	n.d.	-0,38	-0,40	-0,99		+
FGSG_09165	IPRO07052 CS-like domain;IPRO08978 HSP20-like chaperone;IPRO17447 CS domain	-0,97	-0,43	-0,99		+
FGSG_09480	n.d.	0,28	0,02	-0,99		+
FGSG_11636	IPRO04023 Mago nashi protein	-0,11	-0,23	-0,99		+
FGSG_02499	IPRO13057 Amino acid transporter, transmembrane	1,16	-0,38	-0,99		
FGSG_06071	IPRO01606 ARID/BRIGHT DNA-binding domain	0,47	0,71	-0,98		
FGSG_03426	IPRO02198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPRO02347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPRO16040 NAD(P)-binding domain;IPRO20904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-0,87	-0,30	-0,98		+
FGSG_05888	IPRO07194 Transport protein particle (TRAPP) component;IPRO16696 TRAPP I complex, Trs31;IPRO24096 NO signalling/Golgi transport ligand-binding domain	0,34	0,04	-0,98		
FGSG_01222	IPRO07051 Cysteine/histidine-rich domain;IPRO07052 CS-like domain;IPRO08978 HSP20-like chaperone;IPRO17447 CS domain	-0,33	-0,04	-0,98		+
FGSG_01328	IPRO04907 ATPase, V1 complex, subunit C	0,32	-0,02	-0,97		+
FGSG_17321	IPRO00504 RNA recognition motif domain;IPRO12677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,01	0,65	-0,97		
FGSG_07181	IPRO01209 Ribosomal protein S14;IPRO18271 Ribosomal protein S14, conserved site	0,61	1,36	-0,97		
FGSG_09891	IPRO16300 Arsenical pump ATPase, ArsA/Get3	0,49	0,25	-0,97		+
FGSG_08743	IPRO20100 Glucose-repressible protein Grg1	2,73	4,69	-0,97		+
FGSG_06675	IPRO01804 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase;IPRO04429 Isopropylmalate dehydrogenase;IPRO19818 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase, conserved site;IPRO24084 Isopropylmalate dehydrogenase-like domain	-0,23	0,09	-0,97		+
FGSG_06342	IPRO04164 Coenzyme A transferase active site;IPRO04165 Coenzyme A transferase;IPRO12791 3-oxoacid CoA-transferase, subunit B;IPRO12792 3-oxoacid CoA-transferase, subunit A;IPRO14388 3-oxoacid CoA-transferase	-2,20	-0,16	-0,97		+
FGSG_00654	IPRO01075 NIF system FeS cluster assembly, NifU, C-terminal;IPRO14824 NIF system FeS cluster assembly, NifU-like scaffold, N-terminal;IPRO17065 HIRA-interacting protein 5	-2,29	-2,09	-0,97		+
FGSG_10160	IPRO01199 Cytochrome b5	-0,22	0,00	-0,97		+
FGSG_04260	IPRO02198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPRO02347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPRO16040 NAD(P)-binding domain;IPRO20904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-0,19	0,22	-0,97		+
FGSG_12266	n.d.	0,80	-0,04	-0,96		
FGSG_13947	n.d.	0,26	0,42	-0,96		

FGSG_16298	n.d.	-0,24	1,01	-0,96		
FGSG_04147	IPR004330 FAR1 DNA binding domain	0,69	1,15	-0,96		+
FGSG_17247	IPR009002 FMN-binding split barrel-related;IPR011576 Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase-like, FMN-binding domain;IPR012349 FMN-binding split barrel	0,04	0,91	-0,96		+
FGSG_06758	IPR005097 Saccharopine dehydrogenase / Homospermidine synthase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	1,64	0,73	-0,96		
FGSG_06784	IPR000092 Polyprenyl synthetase;IPR008949 Terpenoid synthase	0,87	0,08	-0,96		+
FGSG_05187	IPR001114 Adenylosuccinate synthetase;IPR018220 Adenylosuccinate synthase, active site	-0,17	0,06	-0,95		+
FGSG_00514	IPR006597 Sel1-like;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical	1,79	0,83	-0,95		
FGSG_08964	IPR000897 Signal recognition particle, SRP54 subunit, GTPase;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR004125 Signal recognition particle, SRP54 subunit, M-domain;IPR006325 Signal recognition particle, SRP54 subunit;IPR013822 Signal recognition particle, SRP54 subunit, helical bundle	0,60	0,56	-0,95		+
FGSG_04072	IPR002478 Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase;IPR004521 Uncharacterised domain CHPO0451;IPR015947 PUA-like domain;IPR016437 Translation-associated RNA-binding, predicted	0,13	0,27	-0,95		+
FGSG_10603	n.d.	-2,91	-3,22	-0,95	+	+
FGSG_04107	IPR000156 Ran binding protein 1;IPR011993 Pleckstrin homology-type	0,27	0,27	-0,94		+
FGSG_06209	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	1,00	0,39	-0,94		+
FGSG_09304	n.d.	-0,67	-0,09	-0,94		+
FGSG_10146	IPR001563 Peptidase S10, serine carboxypeptidase;IPR007364 SAM-dependent RNA methyltransferase, predicted	-0,65	-0,25	-0,93		+
FGSG_10251	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	1,96	0,89	-0,93		
FGSG_00264	IPR008011 Complex 1 LYR protein	0,55	1,05	-0,93		
FGSG_06245	IPR002108 Actin-binding, cofilin/tropomyosin type;IPR017904 ADF/Cofilin/Destrin	0,29	0,09	-0,93		+
FGSG_17013	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like;IPR023313 Ubiquitin-conjugating enzyme, active site	0,54	0,20	-0,93		+
FGSG_09239	IPR004033 UbiE/COQ5 methyltransferase;IPR023576 UbiE/COQ5 methyltransferase, conserved site	-0,43	0,41	-0,93		
FGSG_09993	IPR000217 Tubulin;IPR002454 Gamma tubulin;IPR003008 Tubulin/FtsZ, GTPase domain;IPR008280 Tubulin/FtsZ, C-terminal;IPR017975 Tubulin, conserved site;IPR018316 Tubulin/FtsZ, 2-layer sandwich domain;IPR023123 Tubulin, C-terminal	1,16	0,62	-0,93		
FGSG_11097	IPR002889 Carbohydrate-binding WSC;IPR009880 Glyoxal oxidase, N-terminal;IPR011043 Galactose oxidase/kelch, beta-propeller;IPR013783 Immunoglobulin-like fold;IPR013994 Carbohydrate-binding WSC, subgroup;IPR014756 Immunoglobulin E-set;IPR015202 Domain of unknown function DUF1929;IPR015916 Galactose oxidase, beta-propeller	-1,26	-0,37	-0,93	+	+
FGSG_17298	n.d.	0,72	0,25	-0,92		+
FGSG_09979	IPR001753 Crotonase, core	1,09	2,39	-0,92		+
FGSG_08426	IPR001048 Aspartate/glutamate/uridylylate kinase;IPR004662 Acetylglutamate kinase;IPR006855 Domain of unknown function DUF619	-0,32	-0,37	-0,92		+
FGSG_03191	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	0,11	-0,25	-0,92		+
FGSG_08458	IPR000845 Nucleoside phosphorylase domain;IPR001369 Purine phosphorylase, family 2;IPR010044 Methylthioadenosine phosphorylase;IPR018099 Purine phosphorylase, family 2, conserved site	0,43	0,40	-0,92		
FGSG_08338	IPR006218 DAHP synthetase I/KDSA;IPR006219 DHAP synthase, class 1;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	0,35	0,55	-0,92		

FGSG_07255	IPR000304 Pyrraline-5-carboxylate reductase;IPR004455 NADP oxidoreductase, coenzyme F420-dependent;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	1,42	-0,01	-0,92	+	+
FGSG_11079	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major superfamily domain, general transporter;IPR020846 Major substrate facilitator superfamily domain	0,19	1,45	-0,92		
FGSG_00871	IPR000103 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, class-II;IPR005982 Thioredoxin reductase;IPR008255 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, class-II, active site;IPR013027 FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase;IPR023753 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, FAD/NAD(P)-binding domain	0,22	0,10	-0,92		+
FGSG_12937	IPR002108 Actin-binding, cofilin/tropomyosin type	0,29	-0,11	-0,91		+
FGSG_06093	IPR000807 Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase;IPR020565 Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase, conserved site;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	-0,26	0,44	-0,91		
FGSG_13118	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015048 Domain of unknown function DUF1899;IPR015049 Domain of unknown function DUF1900;IPR015505 Coronin;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	-0,30	-0,14	-0,91		+
FGSG_11938	IPR001348 Histidine biosynthesis HisG: ATP phosphoribosyltransferase;IPR011322 Nitrogen regulatory PII-like, alpha/beta;IPR013115 Histidine biosynthesis HisG, C-terminal;IPR013820 ATP phosphoribosyltransferase, catalytic domain;IPR015867 Nitrogen regulatory protein PII/ATP phosphoribosyltransferase, C-terminal;IPR018198 ATP phosphoribosyltransferase, conserved site	-0,09	0,12	-0,91		+
FGSG_01417	IPR000277 Cys/Met metabolism, pyridoxal phosphate-dependent enzyme;IPR006235 O-acetylhomoserine/O-acetylserine sulfhydrylase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,32	0,48	-0,91		+
FGSG_10012	IPR013216 Methyltransferase type 11	0,85	-1,75	-0,91	+	+
FGSG_09271	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	1,37	0,78	-0,91	+	+
FGSG_17483	IPR005317 Peptidase M49, dipeptidyl-peptidase III	-1,41	-0,23	-0,90	+	+
FGSG_01389	IPR001176 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase;IPR004838 Aminotransferases, class-I, pyridoxal-phosphate-binding site;IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	0,83	-0,44	-0,90		
FGSG_11828	IPR006214 Inhibitor of apoptosis-promoting Bax1-related	-2,43	-1,49	-0,90		
FGSG_01405	n.d.	1,05	0,30	-0,90		
FGSG_16741	IPR001805 Adenosine kinase;IPR002173 Carbohydrate/puine kinase, PfkB, conserved site;IPR011611 Carbohydrate/purine kinase	-0,89	-0,02	-0,90		+
FGSG_03303	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	1,16	-0,30	-0,90		+
FGSG_02941	IPR006680 Amidohydrolase 1;IPR014311 Guanine deaminase	-0,74	-0,60	-0,90		+
FGSG_03862	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major superfamily domain, general transporter;IPR020846 Major substrate facilitator superfamily domain	1,99	0,75	-0,89	+	
FGSG_09776	IPR001453 Molybdopterin binding	-0,27	-0,31	-0,89		+
FGSG_01215	IPR018624 Sec62/63 complex, subunit Sec66	0,40	0,07	-0,89		+
FGSG_01142	IPR018946 Alkaline phosphatase D-related	0,27	0,14	-0,89		+
FGSG_04887	IPR013926 Kinase binding protein CGI-121	0,36	0,17	-0,89		

FGSG_17731	IPR001674 GMP synthase, C-terminal;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR017926 Glutamine amidotransferase type 1;IPR022310 NAD/GMP synthase	-0,66	-0,03	-0,89	
FGSG_15891	IPR013216 Methyltransferase type 11	0,69	-0,45	-0,88	
FGSG_09951	IPR005334 Tctex-1	0,36	0,03	-0,88	+
FGSG_06532	IPR000297 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, PpiC-type;IPR001202 WW/Rsp5/WWP	0,84	-0,45	-0,88	
FGSG_04003	IPR009784 Protein of unknown function DUF1349	-0,25	-0,08	-0,88	+
FGSG_00638	IPR000891 Pyruvate carboxyltransferase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-0,93	-0,15	-0,88	+
FGSG_06886	IPR000243 Peptidase T1A, proteasome beta-subunit;IPR001353 Proteasome, subunit alpha/beta;IPR016050 Proteasome, beta-type subunit, conserved site;IPR023333 Proteasome B-type subunit	0,00	-0,03	-0,88	+
FGSG_10373	IPR000535 Major sperm protein;IPR008962 PapD-like;IPR016763 Vesicle-associated membrane protein	0,57	0,51	-0,87	+
FGSG_08777	IPR002130 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type;IPR015891 Cyclophilin-like;IPR020892 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type, conserved site	1,63	0,90	-0,87	
FGSG_08721	IPR001424 Superoxide dismutase, copper/zinc binding domain;IPR018152 Superoxide dismutase, copper/zinc, binding site;IPR024134 Superoxide dismutase (Cu/Zn) / chaperones	-0,18	0,15	-0,87	+
FGSG_10831	IPR007052 CS-like domain;IPR008978 HSP20-like chaperone;IPR017447 CS domain	-0,04	-0,13	-0,87	+
FGSG_00367	IPR000243 Peptidase T1A, proteasome beta-subunit;IPR001353 Proteasome, subunit alpha/beta;IPR023333 Proteasome B-type subunit;IPR024689 Proteasome beta subunit, C-terminal	0,19	-0,10	-0,87	
FGSG_02144	IPR000953 Chromo domain/shadow;IPR016197 Chromo domain-like;IPR023780 Chromo domain	1,11	0,70	-0,87	
FGSG_05912	IPR006203 GHMP kinase, ATP-binding, conserved site;IPR006204 GHMP kinase;IPR006205 Mevalonate kinase;IPR006206 Mevalonate/galactokinase;IPR013750 GHMP kinase, C-terminal;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	1,06	-0,53	-0,86	
FGSG_06404	IPR003140 Phospholipase/carboxylesterase/thioesterase	-0,35	-0,42	-0,86	+
FGSG_03717	IPR007361 Protein of unknown function DUF427	-0,54	0,28	-0,86	+
FGSG_04543	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	1,34	-0,09	-0,86	
FGSG_17143	IPR006139 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, catalytic domain;IPR006140 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,31	-0,41	-0,86	
FGSG_12726	IPR004910 Yippee-like protein	0,30	0,38	-0,86	
FGSG_09924	IPR002917 GTP-binding domain, HSR1-related;IPR006073 GTP1/OBG;IPR013646 GTPase of unknown function C-terminal	0,63	1,44	-0,86	
FGSG_01672	IPR015168 NMT1/THI5-like	1,73	2,86	-0,86	
FGSG_17187	IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR013857 NADH:ubiquinone oxidoreductase intermediate-associated protein 30	0,78	-0,04	-0,85	
FGSG_10109	IPR008854 Thiopurine S-methyltransferase;IPR016822 Thiopurine S-methyltransferase, subgroup	-0,48	0,12	-0,85	
FGSG_00715	IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR006594 LisH dimerisation motif;IPR006595 CTLH, C-terminal LisH motif;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR013144 Ran binding protein-like, CRA domain	0,58	-0,42	-0,85	
FGSG_09455	n.d.	1,22	0,70	-0,85	
FGSG_01008	IPR001326 Translation elongation factor EF1B, beta/delta chains, conserved site;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR014038 Translation elongation factor EF1B, beta/delta subunit, guanine nucleotide exchange;IPR014717 Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6;IPR018940 Elongation factor 1 beta central acidic region, eukaryote	0,12	-0,05	-0,85	+
FGSG_09963	IPR006722 Sedlin;IPR011012 Longin-like	1,40	-0,34	-0,85	
FGSG_12231	IPR000101 Gamma-glutamyltranspeptidase	-0,80	-0,06	-0,85	+
FGSG_03835	IPR013216 Methyltransferase type 11	-0,64	-0,24	-0,85	+
FGSG_04068	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily,	1,13	0,66	-0,85	

	Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type					
FGSG_00822	IPR006789 ARP2/3 complex 16kDa subunit (p16-Arc)	0,14	-0,06	-0,85		+
FGSG_01131	IPR001783 Lumazine-binding protein;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel;IPR023366 ATPase, F1/A1 complex, alpha subunit, N-terminal	-0,26	0,04	-0,85		+
FGSG_17356	IPR002500 Phosphoadenosine phosphosulphate reductase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	0,19	-0,30	-0,84		+
FGSG_05952	IPR007052 CS-like domain;IPR007699 SGS;IPR008978 HSP20-like chaperone;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR017447 CS domain;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	0,36	-0,25	-0,84		
FGSG_07180	IPR005746 Thioredoxin;IPR005788 Disulphide isomerase;IPR011679 Endoplasmic reticulum, protein ERp29, C-terminal;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR013766 Thioredoxin domain;IPR017937 Thioredoxin, conserved site	-0,06	0,06	-0,84		+
FGSG_05531	IPR013641 Chromatin associated protein KTI12	0,30	1,05	-0,84		
FGSG_09000	IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR013970 Replication factor A protein 3;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	0,93	-1,45	-0,84		
FGSG_06084	IPR001753 Crotonase, core	-1,27	-0,29	-0,84		+
FGSG_08645	n.d.	0,43	0,08	-0,83		
FGSG_04152	IPR001952 Alkaline phosphatase;IPR017849 Alkaline phosphatase-like, alpha/beta/alpha;IPR017850 Alkaline-phosphatase-like, core domain;IPR018299 Alkaline phosphatase, active site	1,80	0,10	-0,83		+
FGSG_01430	IPR000577 Carbohydrate kinase, FGGY;IPR006003 Carbohydrate kinase, FGGY-related;IPR018484 Carbohydrate kinase, FGGY, N-terminal;IPR018485 Carbohydrate kinase, FGGY, C-terminal	-0,63	0,03	-0,83		
FGSG_09169	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-0,48	0,13	-0,83		+
FGSG_08941	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR018170 Aldo/keto reductase, conserved site;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-0,36	-0,14	-0,82		+
FGSG_00717	IPR004217 Mitochondrial inner membrane translocase complex, Tim8/9/10/13-zinc finger-like	0,67	0,40	-0,82		
FGSG_09639	IPR000659 Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase;IPR009002 FMN-binding split barrel-related;IPR011576 Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase-like, FMN-binding domain;IPR012349 FMN-binding split barrel;IPR019576 Pyridoxine 5'-phosphate oxidase, dimerisation, C-terminal;IPR019740 Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase, conserved site	-0,93	0,16	-0,82		+
FGSG_09688	IPR004046 Glutathione S-transferase, C-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR016639 Glutathione S-transferase, predicted;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-0,63	-0,29	-0,82		+
FGSG_03638	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-terminal;IPR012132 Glucose-methanol-choline oxidoreductase	1,07	-0,96	-0,82		
FGSG_06810	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	0,65	0,98	-0,81		
FGSG_03238	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-3,22	-0,35	-0,81		+
FGSG_08498	IPR000319 Aspartate-semialdehyde dehydrogenase, conserved site;IPR000534 Semialdehyde dehydrogenase, NAD-binding;IPR005676 Aspartate-semialdehyde dehydrogenase, peptidoglycan lacking;IPR012080 Aspartate-semialdehyde dehydrogenase;IPR012280 Semialdehyde dehydrogenase, dimerisation domain;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,13	0,09	-0,81		+
FGSG_00722	IPR000836 Phosphoribosyltransferase;IPR005764 Adenine phosphoribosyl transferase	0,04	-0,07	-0,81		+
FGSG_00337	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-	0,33	0,29	-0,80		

	like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain					
FGSG_09958	IPR017081 Ribosomal protein S24, mitochondrial;IPR019349 Ribosomal protein S24/S35, mitochondrial, conserved domain	-1,40	-0,07	-0,80		+
FGSG_06803	IPR001353 Proteasome, subunit alpha/beta;IPR016050 Proteasome, beta-type subunit, conserved site;IPR023333 Proteasome B-type subunit	0,37	0,14	-0,80		
FGSG_08350	IPR001085 Serine hydroxymethyltransferase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR019798 Serine hydroxymethyltransferase, pyridoxal phosphate binding site	-1,66	-0,43	-0,79		+
FGSG_16004	IPR004788 Ribose 5-phosphate isomerase, type A	-0,26	0,53	-0,79		+
FGSG_02628	IPR000683 Oxidoreductase, N-terminal;IPR004104 Oxidoreductase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,91	0,25	-0,79		
FGSG_05235	IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018249 EF-HAND 2	0,30	-0,02	-0,79		
FGSG_00192	IPR000209 Peptidase S8/S53, subtilisin/kexin/sedolisin;IPR009020 Proteinase inhibitor, propeptide;IPR010259 Proteinase inhibitor I9, subtilisin propeptide;IPR015500 Peptidase S8, subtilisin-related;IPR022398 Peptidase S8, subtilisin, His-active site;IPR023828 Peptidase S8, subtilisin, Ser-active site	0,30	0,01	-0,79		
FGSG_00746	IPR000449 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal;IPR000626 Ubiquitin;IPR006636 Heat shock chaperonin-binding;IPR009060 UBA-like;IPR015496 Ubiquilin;IPR015940 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal, eukaryote;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR019956 Ubiquitin subgroup	1,44	1,02	-0,79		
FGSG_06315	IPR009374 Translation initiation factor 3, subunit 12, eukaryotic;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR016020 Translation initiation factor 3, subunit 12, N-terminal, eukaryotic;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR019280 COP9 signalosome, subunit CSN8	0,13	0,16	-0,79		+
FGSG_07319	IPR002529 Fumarylacetoacetase, C-terminal;IPR011234 Fumarylacetoacetase, C-terminal-related	-1,85	0,39	-0,78		+
FGSG_08803	IPR007085 DNA/pantothenate metabolism flavoprotein, C-terminal	-0,48	-0,21	-0,78		+
FGSG_06907	IPR016706 Cleavage/polyadenylation specificity factor, 25kDa subunit	0,93	0,33	-0,78		
FGSG_08929	IPR001163 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain;IPR006649 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain, eukaryotic/archaea-type;IPR010920 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM)-related domain;IPR017132 U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm7	0,65	0,51	-0,78		
FGSG_00623	IPR000717 Proteasome component (PCI) domain;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding	0,22	0,15	-0,78		
FGSG_02605	IPR001412 Aminoacyl-tRNA synthetase, class I, conserved site;IPR002305 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ic;IPR002306 Tryptophanyl-tRNA synthetase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	-2,44	-0,01	-0,77		
FGSG_01397	IPR000994 Peptidase M24, structural domain;IPR001714 Peptidase M24, methionine aminopeptidase;IPR002467 Peptidase M24A, methionine aminopeptidase, subfamily 1;IPR002893 Zinc finger, MYND-type	0,29	0,21	-0,77		
FGSG_16508	IPR002809 Protein of unknown function DUF106, transmembrane;IPR008568 Uncharacterised conserved protein UCP010045, transmembrane eukaryotic	0,94	0,55	-0,77		
FGSG_04884	n.d.	0,39	-0,31	-0,77		
FGSG_01281	IPR002937 Amine oxidase;IPR004572 Protoporphyrinogen oxidase	-0,16	-0,32	-0,77		+
FGSG_17199	IPR008814 Ribophorin II	0,24	0,25	-0,77		
FGSG_04223	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR018170 Aldo/keto reductase, conserved site;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-0,93	0,03	-0,77		+
FGSG_01301	n.d.	1,09	1,56	-0,77		
FGSG_07351	IPR001360 Glycoside hydrolase, family 1;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,88	0,77	-0,77		
FGSG_06027	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR008921 DNA polymerase III, clamp loader complex	1,03	0,60	-0,77		

	gamma/delta/delta subunit, C-terminal;IPR013748 Replication factor C						
FGSG_09351	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-1,35	0,71	-0,77		+	
FGSG_10881	IPR002327 Cytochrome c, class IA/ IB;IPR003088 Cytochrome c, class I;IPR009056 Cytochrome c domain	-0,71	0,56	-0,77			
FGSG_05669	IPR005352 Erg28	0,79	0,96	-0,76			
FGSG_04481	IPR001250 Mannose-6-phosphate isomerase, type I;IPR011051 Cupin, RmlC-type;IPR014710 RmlC- like jelly roll fold;IPR016305 Mannose-6-phosphate isomerase;IPR018050 Phosphomannose isomerase, type I, conserved site	0,15	-0,16	-0,76			
FGSG_01398	IPR003377 Cornichon	0,94	0,39	-0,76			
FGSG_02529	IPR005052 Legume-like lectin;IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase;IPR013320 Concanavalin A-like lectin/glucanase, subgroup	0,77	0,05	-0,76			+
FGSG_10048	IPR001452 Src homology-3 domain;IPR004148 BAR	-0,23	0,21	-0,76			
FGSG_16802	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-3,25	-0,04	-0,76			+
FGSG_08763	IPR000953 Chromo domain/shadow;IPR008251 Chromo shadow;IPR016197 Chromo domain- like;IPR018125 Chromo shadow, subgroup;IPR023779 Chromo domain, conserved site;IPR023780 Chromo domain	0,98	0,98	-0,75			
FGSG_16763	IPR002733 AMMECR1 domain;IPR023473 AMMECR1	0,90	-0,82	-0,75			
FGSG_07054	IPR007188 Arp2/3 complex, 34kDa subunit p34-Arc	0,23	-0,01	-0,75			+
FGSG_06846	IPR007648 ATPase inhibitor, IATP, mitochondria	-2,04	2,07	-0,75			
FGSG_05689	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR005886 UDP-glucose 4-epimerase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,17	-0,10	-0,75			+
FGSG_00257	IPR009262 Protein of unknown function DUF914, eukaryotic	-1,44	-0,95	-0,74			+
FGSG_09696	IPR006139 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, catalytic domain;IPR006140 D- isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,36	0,09	-0,74			+
FGSG_06655	IPR001948 Peptidase M18;IPR023358 Peptidase M18, domain 2	-0,02	0,01	-0,74			+
FGSG_11177	IPR001461 Peptidase A1;IPR001969 Peptidase aspartic, active site;IPR009007 Peptidase aspartic, catalytic;IPR021109 Peptidase aspartic	-6,82	0,06	-0,74			+
FGSG_08468	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase- like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	2,47	1,69	-0,74			+
FGSG_02758	IPR001199 Cytochrome b5	0,52	-0,11	-0,73			
FGSG_07200	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR008921 DNA polymerase III, clamp loader complex, gamma/delta/delta subunit, C-terminal;IPR013748 Replication factor C	2,09	1,78	-0,73			+
FGSG_01170	IPR002109 Glutaredoxin;IPR012336 Thioredoxin- like fold;IPR014025 Glutaredoxin subgroup	0,47	0,62	-0,73			
FGSG_09638	IPR001317 Carbamoyl-phosphate synthase, GATase domain;IPR002082 Aspartate carbamoyltransferase, eukaryotic;IPR002474 Carbamoyl-phosphate synthase, small subunit, N- terminal;IPR005479 Carbamoyl-phosphate synthetase, large subunit, ATP-binding;IPR005480 Carbamoyl-phosphate synthetase, large subunit, oligomerisation;IPR005481 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, N-terminal;IPR005483 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, CPS-domain;IPR006130 Aspartate/ornithine carbamoyltransferase;IPR006131 Aspartate/ornithine carbamoyltransferase, Asp/Orn-binding domain;IPR006132 Aspartate/ornithine carbamoyltransferase, carbamoyl-P binding;IPR006274 Carbamoyl- phosphate synthase, small subunit;IPR006275 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit;IPR011607 Methylglyoxal synthase-like domain;IPR011761 ATP-grasp fold;IPR013815 ATP- grasp fold, subdomain 1;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR013817 Pre-ATP-grasp fold;IPR016185 PreATP-grasp-like fold;IPR017926 Glutamine amidotransferase type 1	-1,03	0,43	-0,73			+
FGSG_10779	IPR001071 Cellular retinaldehyde binding/alpha- tocopherol transport;IPR001251 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, C-	0,30	-0,05	-0,73			+

	terminal;IPR008273 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, N-terminal;IPR011074 Phosphatidylinositol transfer protein-like, N-terminal						
FGSG_06273	IPR007741 Ribosomal protein/NADH dehydrogenase domain;IPR012336 Thioredoxin-like fold	-2,20	-0,26	-0,73		+	
FGSG_05916	IPR002675 Ribosomal protein L38e	0,35	0,61	-0,73			
FGSG_07436	IPR002305 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ic;IPR002307 Tyrosyl-tRNA synthetase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR023617 Tyrosyl-tRNA synthetase, archaeal-type	0,24	0,17	-0,73			
FGSG_01701	IPR005645 Serine hydrolase FSH	0,97	-0,61	-0,73			
FGSG_00276	IPR006603 Cystinosin/ERS1p repeat;IPR016817 Mannose-P-dolichol utilization defect 1 protein	0,65	0,57	-0,73			
FGSG_04038	IPR004130 Uncharacterised protein family, ATP binding	0,65	-0,01	-0,73			
FGSG_05791	IPR003959 ATPase, AAA-type, core	1,36	0,43	-0,72		+	
FGSG_10313	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR003527 MAP kinase, conserved site;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR008352 MAP kinase, p38;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,18	-0,20	-0,72			
FGSG_08919	IPR008384 ARP23 complex 20kDa subunit	0,22	-0,07	-0,72			
FGSG_08977	IPR000860 Tetrapyrrole biosynthesis, hydroxymethylbilane synthase;IPR022417 Porphobilinogen deaminase, N-terminal;IPR022418 Porphobilinogen deaminase, C-terminal;IPR022419 Porphobilinogen deaminase, dipyrromethane cofactor binding site	-0,11	0,18	-0,72			+
FGSG_01013	IPR009038 GOLD	0,33	-0,15	-0,72			
FGSG_01021	IPR001854 Ribosomal protein L29	0,68	0,69	-0,72			
FGSG_01238	IPR000509 Ribosomal protein L36e	0,53	0,53	-0,72			
FGSG_01504	IPR000054 Ribosomal protein L31e;IPR020052 Ribosomal protein L31e, conserved site;IPR023621 Ribosomal protein L31e domain	0,35	0,41	-0,72			
FGSG_05428	IPR002769 Translation initiation factor IF6	0,53	0,16	-0,71			
FGSG_06308	IPR001865 Ribosomal protein S2;IPR005706 Ribosomal protein S2, bacteria/mitochondria/plastid;IPR018130 Ribosomal protein S2, conserved site;IPR023591 Ribosomal protein S2, flavodoxin-like domain	-2,92	-0,97	-0,71			+
FGSG_00353	IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR013740 Redoxin	-0,35	0,22	-0,71			
FGSG_08773	IPR001451 Bacterial transferase hexapeptide repeat;IPR005835 Nucleotidyl transferase;IPR018357 Hexapeptide transferase, conserved site	1,23	0,75	-0,71			+
FGSG_16473	IPR001451 Bacterial transferase hexapeptide repeat;IPR005835 Nucleotidyl transferase	1,63	0,97	-0,71			+
FGSG_02563	IPR001431 Peptidase M16, zinc-binding site;IPR007863 Peptidase M16, C-terminal;IPR011237 Peptidase M16, core;IPR011249 Metalloenzyme, LuxS/M16 peptidase-like, metal-binding;IPR011765 Peptidase M16, N-terminal	-2,35	-1,89	-0,71			+
FGSG_01200	IPR001353 Proteasome, subunit alpha/beta;IPR016050 Proteasome, beta-type subunit, conserved site;IPR016295 Proteasome endopeptidase complex, beta subunit;IPR023333 Proteasome B-type subunit	0,10	-0,28	-0,70			
FGSG_08655	IPR001253 Translation initiation factor 1A (eIF-1A);IPR006196 RNA-binding domain, S1, IF1 type;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	0,63	0,30	-0,70			
FGSG_07233	IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR006186 Serine/threonine-specific protein phosphatase/bis(5-nucleosyl)-tetraphosphatase	0,51	0,08	-0,70			+
FGSG_17692	IPR016125 Peptidase C15, pyroglutamyl peptidase I-like	0,57	0,10	-0,70			
FGSG_10741	IPR013216 Methyltransferase type 11	1,49	-0,41	-0,70			
FGSG_02000	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR004046 Glutathione S-transferase, C-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-0,74	-0,14	-0,70			+

FGSG_16467	IPR000583 Glutamine amidotransferase, class-II; IPR000836 Phosphoribosyltransferase; IPR005854 Amidophosphoribosyl transferase; IPR017932 Glutamine amidotransferase, type II	-1,37	-0,16	-0,70	+
FGSG_06320	IPR014812 Vacuolar protein sorting-associated protein 51	-0,16	1,74	-0,69	
FGSG_07570	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR; IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase; IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,23	1,32	-0,69	
FGSG_09421	IPR000038 Cell division protein GTP binding; IPR016491 Septin	0,22	-0,18	-0,69	
FGSG_03741	IPR001128 Cytochrome P450; IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I	-1,28	0,22	-0,69	+
FGSG_05259	IPR005821 Ion transport	1,56	-1,29	-0,69	
FGSG_01152	IPR004908 ATPase, V1 complex, subunit H; IPR011987 ATPase, V1 complex, subunit H, C-terminal; IPR011989 Armadillo-like helical; IPR016024 Armadillo-type fold	0,41	-0,16	-0,69	
FGSG_10139	IPR001412 Aminoacyl-tRNA synthetase, class I, conserved site; IPR002305 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ic; IPR002306 Tryptophanyl-tRNA synthetase; IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	-0,11	0,05	-0,69	
FGSG_01437	n.d.	0,68	0,15	-0,69	
FGSG_06159	IPR000426 Proteasome, alpha-subunit, conserved site; IPR001353 Proteasome, subunit alpha/beta; IPR023332 Proteasome A-type subunit	0,18	0,06	-0,68	
FGSG_00369	IPR012936 Domain of unknown function DUF1692	0,45	0,42	-0,68	
FGSG_08800	IPR004827 Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor; IPR011616 bZIP transcription factor, bZIP-1; IPR013910 Transcription factor PAP1; IPR023167 Yap1 redox domain	1,17	0,57	-0,68	
FGSG_05595	IPR012336 Thioredoxin-like fold	1,67	1,58	-0,67	
FGSG_00407	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR; IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase; IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,16	2,65	-0,67	+
FGSG_06688	IPR004299 Membrane bound O-acyl transferase, MBOAT; IPR014371 Sterol O-acyltransferase, ACAT/DAG/ARE types	0,37	1,37	-0,67	
FGSG_06955	IPR000994 Peptidase M24, structural domain; IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding	0,16	0,57	-0,67	
FGSG_05153	IPR002778 Signal recognition particle, SRP19 subunit	0,81	0,79	-0,66	
FGSG_06166	IPR000806 Rab GDI protein; IPR018203 GDP dissociation inhibitor	0,31	-0,09	-0,66	
FGSG_08996	IPR019815 Translation initiation factor 3, C-terminal	-2,85	-0,40	-0,66	+
FGSG_00509	IPR006909 Rad21/Rec8-like protein, C-terminal, eukaryotic; IPR006910 Rad21/Rec8-like protein, N-terminal; IPR023093 Rad21/Rec8-like protein, C-terminal	1,52	0,47	-0,66	
FGSG_11977	IPR007204 ARP2/3 complex, p21-Arc subunit	0,13	-0,12	-0,66	
FGSG_06240	IPR001395 Aldo/keto reductase; IPR018170 Aldo/keto reductase, conserved site; IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup; IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-0,61	0,64	-0,66	
FGSG_07440	IPR005651 Uncharacterised protein family UPF0434/Trm112	0,24	0,79	-0,66	
FGSG_00364	IPR000127 Ubiquitin-activating enzyme repeat; IPR000594 UBA/THIF-type NAD/FAD binding fold; IPR009036 Molybdenum cofactor biosynthesis, MoeB; IPR014929 E2 binding; IPR016040 NAD(P)-binding domain; IPR019572 Ubiquitin-activating enzyme; IPR023318 Ubiquitin activating enzyme, alpha domain	0,62	-1,13	-0,65	
FGSG_17148	IPR002937 Amine oxidase	-4,84	-0,35	-0,65	+
FGSG_00940	IPR002130 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type; IPR015891 Cyclophilin-like; IPR020892 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type, conserved site	1,18	0,62	-0,65	
FGSG_05972	IPR001564 Nucleoside diphosphate kinase; IPR023005 Nucleoside diphosphate kinase, active site	0,07	0,27	-0,65	
FGSG_09475	IPR005135 Endonuclease/exonuclease/phosphatase	0,48	0,20	-0,65	
FGSG_16042	n.d.	-2,56	-0,43	-0,65	+
FGSG_13663	IPR004177 DDHD	-0,57	-3,81	-0,65	+
FGSG_10066	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain; IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain; IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site; IPR011009 Protein kinase-like domain; IPR017441 Protein kinase, ATP binding	0,75	0,15	-0,65	

	site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain					
FGSG_17679	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	1,43	-0,61	-0,65		
FGSG_09586	IPR003172 MD-2-related lipid-recognition;IPR014756 Immunoglobulin E-set	0,53	-0,10	-0,65		
FGSG_13906	IPR000727 Target SNARE coiled-coil domain;IPR007705 Vesicle transport v-SNARE, N-terminal;IPR010989 t-SNARE	1,01	-0,09	-0,65		
FGSG_03448 ;FGSG_0066 3	IPR007667 Hypoxia induced protein, domain	-2,50	-2,49	-0,64	+	+
FGSG_11627	IPR002119 Histone H2A;IPR007125 Histone core;IPR009072 Histone-fold	1,40	1,31	-0,64	+	
FGSG_00478	IPR006218 DAHP synthetase I/KDSA;IPR006219 DHAP synthase, class 1;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	0,52	0,29	-0,64		
FGSG_05554	IPR004631 4-aminobutyrate aminotransferase, eukaryotic;IPR005814 Aminotransferase class-III;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-1,54	-0,94	-0,64	+	
FGSG_13670	IPR021822 Protein of unknown function DUF3405	1,49	0,64	-0,64		
FGSG_00600	IPR003673 CoA-transferase family III;IPR023606 CoA-transferase family III domain	-2,79	-0,62	-0,64	+	
FGSG_04485	IPR004000 Actin-like;IPR020902 Actin/actin-like conserved site	0,26	0,08	-0,64		
FGSG_07007	IPR000727 Target SNARE coiled-coil domain;IPR010989 t-SNARE;IPR015260 Syntaxin 6, N-terminal	1,40	0,05	-0,64		
FGSG_17724	n.d.	-1,13	-2,72	-0,63		+
FGSG_17005	IPR005351 Uncharacterised protein family UPF0139	0,51	0,63	-0,63		
FGSG_08911	IPR000028 Chloroperoxidase	0,43	-1,27	-0,63		
FGSG_02001	IPR003817 Phosphatidylserine decarboxylase-related;IPR005221 Phosphatidylserine decarboxylase;IPR022237 Phosphatidylserine decarboxylase	-0,25	0,78	-0,62		
FGSG_01068	n.d.	2,01	-0,15	-0,62		
FGSG_00709	n.d.	2,33	0,55	-0,61	+	
FGSG_06825	IPR001305 Heat shock protein DnaJ, cysteine-rich domain;IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR002939 Chaperone DnaJ, C-terminal;IPR003095 Heat shock protein DnaJ;IPR008971 HSP40/DnaJ peptide-binding;IPR012724 Chaperone DnaJ;IPR018253 Heat shock protein DnaJ, conserved site	0,55	0,33	-0,61		
FGSG_08693	IPR000544 Octanoyltransferase;IPR004143 Biotin/lipoate A/B protein ligase	-1,74	0,77	-0,61		
FGSG_08610	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-2,20	-1,03	-0,61	+	
FGSG_11205	IPR009009 Barwin-related endoglucanase;IPR010829 Cerato-platanin	0,61	-1,79	-0,60		
FGSG_04194	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-1,09	0,10	-0,60	+	
FGSG_04458	IPR000971 Globin, subset;IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR008333 Oxidoreductase, FAD-binding domain;IPR009050 Globin-like;IPR012292 Globin, structural domain;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel	-0,73	0,33	-0,60		
FGSG_01283	IPR001540 Glycoside hydrolase, family 20;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR015882 Acetylhexosaminidase, subunit a/b;IPR015883 Glycoside hydrolase, family 20, catalytic core;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,83	-0,33	-0,59		
FGSG_02807	IPR000490 Glycoside hydrolase, family 17;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	1,86	0,33	-0,59	+	
FGSG_02099	IPR005755 Ribosomal protein L13, eukaryotic/archaeal;IPR005822 Ribosomal protein L13;IPR023563 Ribosomal protein L13, conserved site;IPR023564 Ribosomal protein L13 domain	0,64	0,76	-0,59		

FGSG_00771	IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,70	0,29	-0,58		
FGSG_02491	IPR010041 2,3-diketo-5-methylthio-1-phosphopentane phosphatase;IPR023214 HAD-like domain	0,39	-0,15	-0,58		
FGSG_16059	IPR013216 Methyltransferase type 11	0,90	-1,09	-0,58		
FGSG_04327	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,43	0,02	-0,58		
FGSG_08696	IPR002100 Transcription factor, MADS-box	4,88	4,15	-0,58	+	+
FGSG_00301	IPR005301 Mob1/phocein	1,47	0,56	-0,57		
FGSG_09869	IPR006844 Magnesium transporter protein 1;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR021149 Oligosaccharyl transferase complex, subunit OST3/OST6	0,75	0,41	-0,57		
FGSG_00492	n.d.	-1,77	-0,35	-0,57	+	
FGSG_02330	IPR001117 Multicopper oxidase, type 1;IPR002355 Multicopper oxidase, copper-binding site;IPR008972 Cupredoxin;IPR011706 Multicopper oxidase, type 2;IPR011707 Multicopper oxidase, type 3;IPR017762 L-ascorbate oxidase, fungi	1,83	-0,61	-0,57		
FGSG_05072	IPR013931 Oxidative stress survival, Svf1-like	0,71	-0,11	-0,56		
FGSG_09725	IPR003111 Peptidase S16, lon N-terminal;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR008269 Peptidase S16, lon C-terminal;IPR015947 PUA-like domain;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	-1,99	-0,02	-0,56	+	
FGSG_04983	IPR005344 Uncharacterised protein family UPF0121	0,75	0,42	-0,56		
FGSG_17712	n.d.	0,29	0,39	-0,56		
FGSG_01871	IPR001063 Ribosomal protein L22/L17;IPR005721 Ribosomal protein L22/L17, eukaryotic/archaeal;IPR018260 Ribosomal protein L22/L17, conserved site	0,48	0,60	-0,56		
FGSG_13176	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-2,17	-0,05	-0,56	+	
FGSG_03260	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-3,23	-0,56	-0,55	+	
FGSG_08543	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-0,15	0,27	-0,54		
FGSG_10181	IPR000552 Ribosomal protein L44e;IPR011332 Ribosomal protein, zinc-binding domain	0,73	0,89	-0,54		
FGSG_09724	IPR004365 Nucleic acid binding, OB-fold, tRNA/helicase-type;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR014646 Replication protein A, subunit RPA32;IPR014892 Replication protein A, C-terminal;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	1,02	0,49	-0,54		
FGSG_02136	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004841 Amino acid permease domain	-0,69	2,78	-0,54		+
FGSG_05660	IPR000375 Dynamin central domain;IPR001401 Dynamin, GTPase domain;IPR020850 GTPase effector domain, GED;IPR022812 Dynamin	1,26	-0,70	-0,54		
FGSG_02286	IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold	0,99	-0,43	-0,54		
FGSG_04100	IPR009003 Peptidase cysteine/serine, trypsin-like	0,08	-2,02	-0,54		
FGSG_06920	IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR006687 Small GTPase superfamily, SAR1-type;IPR006689 Small GTPase superfamily, ARF/SAR type;IPR024156 Small GTPase superfamily, ARF type	1,37	0,20	-0,54		+
FGSG_16737	IPR001602 Uncharacterised protein family UPF0047	-0,13	0,50	-0,54		
FGSG_00855	n.d.	1,46	0,68	-0,54		
FGSG_17038	IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR007219 Transcription factor, fungi;IPR013087 Zinc finger, C2H2-type/integrase, DNA-binding;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like	0,94	1,03	-0,53		
FGSG_02479	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,62	-0,02	-0,53		

FGSG_00402	n.d.	0,81	0,08	-0,53	
FGSG_16338	IPR005931 Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 1;IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-0,39	-2,77	-0,53	+
FGSG_05908	IPR000375 Dynamin central domain;IPR001401 Dynamin, GTPase domain;IPR020850 GTPase effector domain, GED;IPR022812 Dynamin	3,38	-0,53	-0,53	+
FGSG_09974	IPR002671 Ribosomal protein L22e	0,35	0,30	-0,53	
FGSG_04897	n.d.	1,71	-0,34	-0,52	
FGSG_05433	IPR001351 Ribosomal protein S3, C-terminal;IPR004044 K Homology, type 2;IPR005703 Ribosomal protein S3, eukaryotic/archaeal;IPR009019 K Homology, prokaryotic type;IPR015946 K homology domain-like, alpha/beta;IPR018280 Ribosomal protein S3, conserved site	0,43	0,62	-0,52	
FGSG_08485	IPR001026 Epsin domain, N-terminal;IPR003903 Ubiquitin interacting motif;IPR008942 ENTH/VHS;IPR013809 Epsin-like, N-terminal	2,08	0,89	-0,52	+
FGSG_17141	IPR001392 Clathrin adaptor, mu subunit;IPR008968 Clathrin adaptor, mu subunit, C-terminal;IPR011012 Longin-like;IPR018240 Clathrin adaptor, mu subunit, conserved site;IPR022775 AP complex, mu/sigma subunit	0,70	-0,09	-0,52	
FGSG_12376	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	4,44	0,87	-0,52	+
FGSG_08714	IPR000876 Ribosomal protein S4e;IPR002942 RNA-binding S4;IPR005824 KOW;IPR013843 Ribosomal protein S4e, N-terminal;IPR013845 Ribosomal protein S4e, central;IPR018199 Ribosomal protein S4e, N-terminal, conserved site	0,39	0,49	-0,51	
FGSG_04044	IPR001173 Glycosyl transferase, family 2	0,58	0,90	-0,51	
FGSG_09179	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like;IPR020084 NUDIX hydrolase, conserved site	0,80	-0,37	-0,51	
FGSG_13870	n.d.	-2,94	0,05	-0,51	+
FGSG_04985	IPR001251 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, C-terminal;IPR008273 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, N-terminal;IPR011074 Phosphatidylinositol transfer protein-like, N-terminal	1,44	0,40	-0,51	
FGSG_06979	IPR004087 K Homology;IPR004088 K Homology, type 1;IPR018111 K Homology, type 1, subgroup	0,69	0,28	-0,50	
FGSG_16846	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004841 Amino acid permease domain	2,29	0,92	-0,50	+
FGSG_04137	IPR001515 Ribosomal protein L32e;IPR018263 Ribosomal protein L32e, conserved site	0,35	0,60	-0,50	
FGSG_16627	IPR006424 Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, type I;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020828 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, NAD(P) binding domain;IPR020829 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, catalytic domain;IPR020830 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, active site;IPR020831 Glyceraldehyde/Erythrose phosphate dehydrogenase family	0,03	0,49	-0,50	
FGSG_07305	n.d.	2,53	1,22	-0,50	+
FGSG_10740	IPR004241 Autophagy protein Atg8 ubiquitin-like	1,00	0,62	-0,49	
FGSG_01574	IPR009011 Mannose-6-phosphate receptor, binding;IPR018939 Autophagy-related protein 27	0,99	-0,01	-0,49	
FGSG_01527	IPR004274 NLI interacting factor;IPR011948 Dullard phosphatase domain, eukaryotic;IPR023214 HAD-like domain	0,68	0,93	-0,49	
FGSG_07329	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,65	0,26	-0,49	
FGSG_04476	IPR001976 Ribosomal protein S24e;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait;IPR012678 Ribosomal protein L23/L15e;IPR018098 Ribosomal S24e conserved site	0,80	0,68	-0,49	
FGSG_09505	IPR019365 Membrane protein, Golgi apparatus TVP18/Calcium channel flower	1,01	0,45	-0,48	
FGSG_06924	IPR002143 Ribosomal protein L1;IPR016094 Ribosomal protein L1, 2-layer alpha/beta-sandwich;IPR016095 Ribosomal protein L1, 3-layer alpha/beta-sandwich;IPR023673 Ribosomal	0,50	0,71	-0,48	

	protein L1, conserved site;IPR023674 Ribosomal protein L1, superfamily				
FGSG_04915	IPR006846 Ribosomal protein S30	-0,08	0,51	-0,48	
FGSG_02493	IPR005633 Ribosomal protein L23/L25, N-terminal;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait;IPR012678 Ribosomal protein L23/L15e;IPR013025 Ribosomal protein L25/L23	0,68	0,80	-0,47	
FGSG_08676	IPR000988 Ribosomal protein L24e-related;IPR023441 Ribosomal protein L24e domain;IPR023442 Ribosomal protein L24e, conserved site	0,34	0,22	-0,47	
FGSG_04149	IPR008195 Ribosomal protein L34Ae;IPR018065 Ribosomal protein L34e, conserved site	0,38	0,31	-0,47	
FGSG_02577	IPR019409 FMP27, domain of unknown function DUF2405;IPR019415 FMP27, SW domain;IPR019439 FMP27, N-terminal;IPR019441 FMP27, GFWDK domain;IPR019443 FMP27, C-terminal;IPR019449 FMP27, WPPW domain	1,30	0,71	-0,47	
FGSG_03368	n.d.	0,88	-2,66	-0,47	+
FGSG_07152	IPR020100 Glucose-repressible protein Grg1	1,33	4,06	-0,47	+
FGSG_05493	IPR001848 Ribosomal protein S10;IPR005729 Ribosomal protein S10, eukaryotic/archaeal;IPR018268 Ribosomal protein S10, conserved site	0,37	0,31	-0,47	
FGSG_01667	IPR012098 Inorganic phosphate transporter Pho88, fungi;IPR019263 Inorganic phosphate transporter Pho88	0,55	0,49	-0,47	
FGSG_11922	IPR000289 Ribosomal protein S28e;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	0,44	0,63	-0,47	
FGSG_01044	IPR013945 Endoplasmic reticulum, protein Pkr1	1,79	0,69	-0,47	
FGSG_10268	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	0,32	0,22	-0,46	
FGSG_17678	n.d.	2,38	-0,28	-0,46	
FGSG_01940	IPR018859 BAR-domain family	0,88	0,77	-0,46	
FGSG_00898	IPR008417 B-cell receptor-associated 31-like	1,00	0,80	-0,46	
FGSG_16559	IPR012469 Protein of unknown function DUF1688	0,56	0,01	-0,45	
FGSG_01203	IPR002225 3-beta hydroxysteroid dehydrogenase/isomerase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,27	0,67	-0,45	
FGSG_05489	IPR016340 Ribosomal protein L31, mitochondrial	0,38	1,48	-0,45	
FGSG_02784	n.d.	-2,24	0,06	-0,44	+
FGSG_03172	IPR001204 Phosphate transporter	-4,49	-1,44	-0,44	+
FGSG_08896	IPR001912 Ribosomal protein S4/S9, N-terminal;IPR002942 RNA-binding S4;IPR005710 Ribosomal protein S4/S9, eukaryotic/archaeal;IPR022801 Ribosomal protein S4/S9	0,39	0,18	-0,44	
FGSG_06019	IPR000235 Ribosomal protein S7;IPR005716 Ribosomal protein S7, eukaryotic/archaeal;IPR020606 Ribosomal protein S7, conserved site;IPR023798 Ribosomal protein S7 domain	0,51	0,67	-0,43	
FGSG_00286	IPR001040 Translation Initiation factor eIF-4e;IPR019770 Eukaryotic translation initiation factor 4E (eIF-4E), conserved site;IPR023398 Translation Initiation factor eIF-4e-like domain	0,29	0,46	-0,43	
FGSG_06927	IPR004403 Peptide chain release factor eRF1/aRF1;IPR005140 eRF1 domain 1/Pelota-like;IPR005141 eRF1 domain 2;IPR005142 eRF1 domain 3;IPR024049 Peptide Chain Release Factor eRF1/aRF1, N-terminal	0,64	0,51	-0,43	
FGSG_07335	IPR004000 Actin-like;IPR004001 Actin, conserved site;IPR020902 Actin/actin-like conserved site	0,73	0,73	-0,43	
FGSG_12495	IPR023149 Trans-aconitate 2-methyltransferase, C-terminal	-2,78	-0,96	-0,43	+
FGSG_10300	n.d.	2,04	0,30	-0,43	+
FGSG_06150	IPR000889 Glutathione peroxidase;IPR012336 Thioredoxin-like fold	0,58	0,17	-0,42	
FGSG_05568	IPR021264 Protein of unknown function DUF2841	1,24	2,62	-0,42	+
FGSG_00330	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR011904 Acetate-CoA ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site;IPR024597 Acyl-CoA synthase, domain of unknown function DUF3448	-1,05	1,48	-0,42	

FGSG_16147	IPR005033 YEATS;IPR016665 SAS complex, SAS5 subunit/transcription initiation factor IID, subunit 14	0,75	0,48	-0,42	
FGSG_06392	IPR002097 Profilin/allergen;IPR005455 Profilin, plant	0,48	0,55	-0,42	
FGSG_08137	IPR002818 Thi/Pfpl;IPR017283 Chaperone, HchA	-1,38	0,07	-0,41	+
FGSG_05953	IPR003819 Taurine catabolism dioxygenase TauD/TfdA;IPR010376 Domain of unknown function, DUF971	-2,19	-1,02	-0,40	+
FGSG_05248	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,57	-0,43	-0,40	
FGSG_05798	IPR011059 Metal-dependent hydrolase, composite domain;IPR013108 Amidohydrolase 3	-4,81	0,27	-0,40	+
FGSG_02608	IPR003958 Transcription factor CBF/NF-Y/archaeal histone;IPR009072 Histone-fold	3,90	0,96	-0,40	+
FGSG_12997	n.d.	-2,48	-0,59	-0,39	+
FGSG_07412	IPR005595 Translocon-associated protein (TRAP), alpha subunit	0,92	0,84	-0,39	
FGSG_09330	n.d.	-1,35	1,18	-0,39	
FGSG_10113	IPR005833 Haloacid dehalogenase/epoxide hydrolase;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006328 Haloacid dehalogenase, type II;IPR006388 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IA, variant 2;IPR023214 HAD-like domain	-0,01	0,57	-0,39	
FGSG_09006	IPR004571 NAD(P) transhydrogenase, alpha subunit;IPR007698 Alanine dehydrogenase/PNT, C-terminal;IPR007886 Alanine dehydrogenase/PNT, N-terminal;IPR008142 Alanine dehydrogenase/pyridine nucleotide transhydrogenase, conserved site-1;IPR008143 Alanine dehydrogenase/pyridine nucleotide transhydrogenase, conserved site-2;IPR012136 NADP transhydrogenase, beta subunit;IPR024605 NAD(P) transhydrogenase, alpha subunit, C-terminal	-1,54	-1,38	-0,39	
FGSG_05640	IPR001210 Ribosomal protein S17e;IPR018273 Ribosomal protein S17e, conserved site	0,37	0,43	-0,39	
FGSG_05738	IPR001130 Deoxyribonuclease, TatD-related;IPR012278 Deoxyribonuclease, TatD Mg-dependent;IPR015992 Deoxyribonuclease, TatD;IPR018228 Deoxyribonuclease, TatD-related, conserved site	0,58	-0,37	-0,39	
FGSG_09870	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,28	0,38	-0,39	
FGSG_07542	IPR010720 Alpha-L-arabinofuranosidase, C-terminal;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,91	-0,03	-0,39	+
FGSG_13883	IPR001540 Glycoside hydrolase, family 20;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR015883 Glycoside hydrolase, family 20, catalytic core;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	3,42	-0,25	-0,38	+
FGSG_02606	IPR001848 Ribosomal protein S10	-2,27	-0,10	-0,38	+
FGSG_02321	IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR012951 Berberine/berberine-like;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2	-1,95	-0,50	-0,38	+
FGSG_03028	IPR022234 Protein of unknown function DUF3759	1,25	-1,83	-0,38	+
FGSG_08784	IPR005578 Hrf1	0,73	0,47	-0,38	
FGSG_16939	IPR001789 Signal transduction response regulator, receiver domain;IPR011006 CheY-like superfamily	-0,89	1,72	-0,38	
FGSG_05320	IPR001163 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain;IPR006649 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain, eukaryotic/archaea-type;IPR010920 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM)-related domain	1,79	1,21	-0,38	+
FGSG_01081	IPR002132 Ribosomal protein L5;IPR020929 Ribosomal protein L5, conserved site;IPR022803 Ribosomal protein L5 domain	0,66	0,65	-0,37	
FGSG_10052	IPR021128 MARVEL-like domain	1,67	-0,17	-0,37	
FGSG_06219	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	0,55	0,03	-0,37	
FGSG_01016	IPR000915 Ribosomal protein L6E;IPR014722 Translation protein SH3-like, subgroup	0,45	0,63	-0,37	
FGSG_08335	IPR001380 Ribosomal protein L13e;IPR018256 Ribosomal protein L13e, conserved site	0,46	0,50	-0,36	

FGSG_01232	IPR013880 Yos1-like	3,29	2,17	-0,36	+
FGSG_05741	n.d.	2,00	0,84	-0,36	
FGSG_10855	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	3,43	1,51	-0,36	+
FGSG_03941	IPR002529 Fumarylacetoacetase, C-terminal;IPR011234 Fumarylacetoacetase, C-terminal-related	-1,41	-0,52	-0,36	
FGSG_04157	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR004046 Glutathione S-transferase, C-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-0,47	0,61	-0,36	
FGSG_08871	IPR001901 Protein translocase complex, SecE/Sec61-gamma subunit;IPR008158 Protein translocase SEC61 complex, gamma subunit;IPR023391 Protein translocase SecE domain	0,45	0,74	-0,36	
FGSG_06646	IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR006687 Small GTPase superfamily, SAR1-type;IPR006689 Small GTPase superfamily, ARF/SAR type;IPR024156 Small GTPase superfamily, ARF type	1,48	0,86	-0,36	+
FGSG_11167	n.d.	0,66	-0,82	-0,35	
FGSG_02160	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	4,73	1,97	-0,35	+
FGSG_05611	IPR001932 Protein phosphatase 2C-like	-2,80	-1,22	-0,35	+
FGSG_16873	IPR005630 Terpene synthase, metal-binding domain;IPR008949 Terpenoid synthase	4,41	-0,03	-0,35	+
FGSG_06328	IPR005593 Xylulose 5-phosphate/Fructose 6-phosphate phosphoketolase;IPR018969 Xylulose 5-phosphate/Fructose 6-phosphate phosphoketolase, C-terminal;IPR018970 Xylulose 5-phosphate/Fructose 6-phosphate phosphoketolase, N-terminal;IPR019789 Xylulose 5-phosphate/Fructose 6-phosphate phosphoketolase, thiamine diphosphate binding site;IPR019790 Xylulose 5-phosphate/Fructose 6-phosphate phosphoketolase, conserved site;IPR023962 Probable phosphoketolase	1,44	-0,41	-0,34	+
FGSG_03626	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-terminal;IPR012132 Glucose-methanol-choline oxidoreductase	1,47	0,35	-0,34	
FGSG_07292	IPR000530 Ribosomal protein S12e;IPR004038 Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45	0,34	0,43	-0,34	
FGSG_00444	IPR002048 Calcium-binding EF-hand;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018248 EF-hand;IPR018249 EF-HAND 2	3,04	2,76	-0,34	+
FGSG_09230	n.d.	1,81	2,12	-0,34	+
FGSG_12105	n.d.	0,85	-0,09	-0,34	
FGSG_10245	IPR000231 Ribosomal protein L30e;IPR004038 Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45;IPR022991 Ribosomal protein L30e, conserved site	0,64	0,39	-0,33	
FGSG_07291	IPR000630 Ribosomal protein S8	0,52	0,37	-0,33	
FGSG_00683	IPR006913 Glutathione-dependent formaldehyde-activating family, GFA;IPR011057 Mss4-like	-3,67	-1,14	-0,33	+
FGSG_02105	IPR001392 Clathrin adaptor, mu subunit;IPR008968 Clathrin adaptor, mu subunit, C-terminal;IPR011012 Longin-like;IPR015629 Clathrin coat associated protein AP-50;IPR022775 AP complex, mu/sigma subunit	0,71	0,26	-0,33	
FGSG_16028	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,63	-0,20	-0,32	
FGSG_06845	IPR007758 Nucleoporin, NSP1-like, C-terminal	1,03	0,13	-0,32	
FGSG_12846	IPR001163 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain;IPR006649 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain, eukaryotic/archaea-	0,68	0,29	-0,32	

	type;IPR010920 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM)-related domain						
FGSG_10952	IPR006056 YjgF-like protein;IPR006175 Endoribonuclease L-PSP;IPR013813 Endoribonuclease L-PSP/chorismate mutase-like	-1,89	-0,54	-0,31		+	
FGSG_01267	IPR019783 Ribosome maturation protein SBDS, N-terminal	-0,05	0,60	-0,31			
FGSG_06385	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR003527 MAP kinase, conserved site;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,78	0,48	-0,31			
FGSG_09866	IPR000039 Ribosomal protein L18e;IPR021131 Ribosomal protein L18e/L15P;IPR021132 Ribosomal protein L18e, conserved site	0,55	0,56	-0,30			
FGSG_07059	IPR007274 Ctr copper transporter	1,09	0,97	-0,30			
FGSG_05727	IPR007277 Transmembrane adaptor Erv26	0,53	0,03	-0,30			
FGSG_11129	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,03	0,84	-0,28			
FGSG_05261	IPR000270 Phox/Bem1p;IPR001452 Src homology-3 domain;IPR001683 Phox homologous domain	2,39	1,40	-0,28		+	
FGSG_09237	IPR013941 Activator of mitotic machinery Cdc14 phosphatase activation C-terminal	-0,20	1,09	-0,28			
FGSG_16778	IPR017082 Ribosomal protein S23, mitochondrial, fungi;IPR019368 Ribosomal protein S23/S29, mitochondrial	-2,09	-1,47	-0,28		+	
FGSG_09754	IPR004843 Metallophosphoesterase domain	2,53	1,84	-0,28		+	
FGSG_09313	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like;IPR023313 Ubiquitin-conjugating enzyme, active site	1,11	-0,20	-0,28			
FGSG_11729	IPR002935 O-methyltransferase, family 3	-1,57	0,68	-0,28		+	
FGSG_06407	IPR000592 Ribosomal protein S27e;IPR011332 Ribosomal protein, zinc-binding domain;IPR023407 Ribosomal protein S27e, zinc-binding domain	0,60	0,69	-0,28			
FGSG_01151	IPR006222 Glycine cleavage T-protein, N-terminal;IPR006223 Glycine cleavage system T protein;IPR013977 Glycine cleavage T-protein, C-terminal barrel	-1,63	-0,69	-0,27		+	
FGSG_10808	n.d.	-0,16	1,13	-0,27			
FGSG_05190	n.d.	1,49	-1,06	-0,27			
FGSG_16501	IPR001977 Dephospho-CoA kinase	-0,54	1,42	-0,26			
FGSG_16118	IPR002833 Peptidyl-tRNA hydrolase, PTH2;IPR023476 Peptidyl-tRNA hydrolase II domain	0,65	0,70	-0,26			
FGSG_06893	IPR001892 Ribosomal protein S13;IPR010979 Ribosomal protein S13-like, H2TH;IPR018269 Ribosomal protein S13, conserved site	0,64	0,75	-0,26			
FGSG_01519	IPR000717 Proteasome component (PCI) domain;IPR013143 PCI/PINT associated module	0,99	-0,14	-0,26			
FGSG_00288	IPR002634 BolA protein	0,77	1,74	-0,26			
FGSG_00350	IPR006818 Histone chaperone, ASF1-like;IPR017282 Histone deposition protein Asf1	0,99	0,34	-0,26			
FGSG_09418	IPR008467 Dynein 1 light intermediate chain;IPR022780 Dynein family light intermediate chain	0,04	1,19	-0,25			
FGSG_01278	IPR001780 Ribosomal protein L35A;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR018266 Ribosomal protein L35Ae, conserved site	0,70	0,77	-0,25			
FGSG_06020	IPR004977 Ribosomal protein S25	0,83	0,91	-0,25			
FGSG_04136	IPR000754 Ribosomal protein S9;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold;IPR020574 Ribosomal protein S9, conserved site	0,46	0,56	-0,25			
FGSG_06777	IPR001208 Mini-chromosome maintenance, DNA-dependent ATPase;IPR008048 Mini-chromosome maintenance complex protein 5;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR018525 Mini-chromosome maintenance, conserved site	1,31	0,70	-0,25			
FGSG_07175	IPR004578 DNA-directed DNA polymerase, family B, pol2;IPR006133 DNA-directed DNA polymerase, family B, exonuclease domain;IPR006134 DNA-directed DNA polymerase, family B, multifunctional domain;IPR006172 DNA-directed DNA polymerase, family B;IPR012337 Ribonuclease H-like;IPR017964 DNA-directed DNA polymerase, family B,	2,60	2,29	-0,25			

	conserved site;IPR023211 DNA polymerase, palm domain				
FGSG_05890	IPR001251 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, C-terminal;IPR008273 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, N-terminal;IPR011074 Phosphatidylinositol transfer protein-like, N-terminal	0,71	-0,28	-0,25	
FGSG_02746	IPR001163 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain;IPR006649 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain, eukaryotic/archaea-type;IPR010920 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM)-related domain	0,88	0,23	-0,25	
FGSG_01136	n.d.	-2,62	-0,50	-0,25	+
FGSG_03761	IPR002937 Amine oxidase	0,77	-1,59	-0,24	
FGSG_01580	IPR000791 GPR1/FUN34/yaaH	5,30	-0,40	-0,24	+
FGSG_06075	IPR000547 Clathrin, heavy chain/VPS, 7-fold repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR016024 Armadillo-type fold	0,89	0,26	-0,24	
FGSG_06781	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR007192 Cdc23;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	0,15	1,22	-0,23	
FGSG_07048	IPR000589 Ribosomal protein S15;IPR009068 S15/NS1, RNA-binding;IPR012606 Ribosomal protein S13/S15, N-terminal	0,47	0,47	-0,23	
FGSG_06356	IPR007604 CP2 transcription factor	1,68	1,14	-0,23	+
FGSG_05932	IPR002143 Ribosomal protein L1;IPR016094 Ribosomal protein L1, 2-layer alpha/beta-sandwich;IPR016095 Ribosomal protein L1, 3-layer alpha/beta-sandwich;IPR023674 Ribosomal protein L1, superfamily	-2,11	-0,76	-0,22	+
FGSG_16346	n.d.	5,04	-0,71	-0,22	+
FGSG_01422	IPR002020 Citrate synthase-like;IPR010109 Citrate synthase, eukaryotic;IPR016141 Citrate synthase-like, core;IPR016142 Citrate synthase-like, large alpha subdomain;IPR019810 Citrate synthase active site	-1,18	-0,22	-0,22	+
FGSG_09244	IPR019160 Exocyst complex, component Exoc1	-1,63	-0,89	-0,22	+
FGSG_00639	IPR000217 Tubulin;IPR002452 Alpha tubulin;IPR003008 Tubulin/FtsZ, GTPase domain;IPR008280 Tubulin/FtsZ, C-terminal;IPR017975 Tubulin, conserved site;IPR018316 Tubulin/FtsZ, 2-layer sandwich domain;IPR023123 Tubulin, C-terminal	1,84	0,73	-0,22	+
FGSG_08417	IPR000235 Ribosomal protein S7;IPR023798 Ribosomal protein S7 domain	-1,43	-0,97	-0,22	
FGSG_02975	IPR008914 Phosphatidylethanolamine-binding protein PEBP	-1,45	-0,18	-0,22	+
FGSG_06590	n.d.	1,06	-0,05	-0,21	
FGSG_15725	IPR000306 Zinc finger, FYVE-type;IPR002423 Chaperonin Cpn60/TCP-1;IPR002498 Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, core;IPR011011 Zinc finger, FYVE/PHD-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR016034 Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, core, subgroup;IPR017455 Zinc finger, FYVE-related	0,93	0,57	-0,21	
FGSG_06611	IPR000217 Tubulin;IPR002453 Beta tubulin;IPR003008 Tubulin/FtsZ, GTPase domain;IPR008280 Tubulin/FtsZ, C-terminal;IPR013838 Beta tubulin, autoregulation binding site;IPR017975 Tubulin, conserved site;IPR018316 Tubulin/FtsZ, 2-layer sandwich domain;IPR023123 Tubulin, C-terminal	1,56	0,85	-0,21	+
FGSG_04196	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	1,15	0,83	-0,20	+
FGSG_01292	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	1,12	0,57	-0,20	
FGSG_10993	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-1,07	-1,77	-0,20	
FGSG_06102	n.d.	-1,44	-0,46	-0,20	

FGSG_06359	IPR000232 Heat shock factor (HSF)-type, DNA-binding;IPR001789 Signal transduction response regulator, receiver domain;IPR011006 CheY-like superfamily;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR014402 Signal transduction response regulator, SKN7-like	4,54	2,77	-0,19	+
FGSG_08428	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-3,56	0,32	-0,19	+
FGSG_10845	IPR005756 Ribosomal protein L26/L24P, eukaryotic/archaeal;IPR005824 KOW;IPR005825 Ribosomal protein L24/L26, conserved site;IPR008991 Translation protein SH3-like;IPR014723 Ribosomal protein L24, SH3-like	0,75	0,78	-0,18	
FGSG_02974	IPR000763 Catalase-peroxidase haem;IPR002016 Haem peroxidase, plant/fungal/bacterial;IPR010255 Haem peroxidase;IPR019793 Peroxidases haem-ligand binding site	-1,24	-0,44	-0,18	+
FGSG_04888	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	-1,21	-0,49	-0,18	
FGSG_09712	IPR001164 Arf GTPase activating protein	0,98	0,62	-0,18	
FGSG_10920	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-1,73	0,36	-0,17	
FGSG_08310	IPR002629 Methionine synthase, vitamin-B12 independent	-1,19	0,26	-0,16	+
FGSG_07019	IPR001753 Crotonase, core	-2,37	-0,44	-0,16	+
FGSG_12240	n.d.	1,86	0,19	-0,15	
FGSG_08352	IPR003437 Glycine cleavage system P protein, homodimeric;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR020580 Glycine cleavage system P-protein, N-terminal;IPR020581 Glycine cleavage system P protein	-2,45	-0,67	-0,14	+
FGSG_09530	IPR000217 Tubulin;IPR002453 Beta tubulin;IPR003008 Tubulin/FtsZ, GTPase domain;IPR008280 Tubulin/FtsZ, C-terminal;IPR013838 Beta tubulin, autoregulation binding site;IPR017975 Tubulin, conserved site;IPR018316 Tubulin/FtsZ, 2-layer sandwich domain;IPR023123 Tubulin, C-terminal	1,79	0,96	-0,14	+
FGSG_10906	IPR000589 Ribosomal protein S15;IPR009068 S15/NS1, RNA-binding	-1,06	-0,11	-0,14	
FGSG_08730	IPR000300 Inositol polyphosphate-related phosphatase;IPR005135 Endonuclease/exonuclease/phosphatase	1,08	0,62	-0,14	
FGSG_17729	IPR000571 Zinc finger, CCCH-type	-1,66	-2,07	-0,12	
FGSG_00140	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	2,70	-1,92	-0,12	+
FGSG_01561	IPR000674 Aldehyde oxidase/xanthine dehydrogenase, a/b hammerhead;IPR001041 Ferredoxin;IPR002346 Molybdopterin dehydrogenase, FAD-binding;IPR002888 [2Fe-2S]-binding;IPR005107 CO dehydrogenase flavoprotein, C-terminal;IPR006058 2Fe-2S ferredoxin, iron-sulphur binding site;IPR008274 Aldehyde oxidase/xanthine dehydrogenase, molybdopterin binding;IPR012675 Beta-grasp fold, ferredoxin-type;IPR014307 Xanthine dehydrogenase, small subunit;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016169 CO dehydrogenase flavoprotein-like, FAD-binding, subdomain 2;IPR016208 Aldehyde oxidase/xanthine dehydrogenase	-1,17	-0,59	-0,11	+
FGSG_08923	n.d.	-1,38	1,89	-0,11	+
FGSG_10138	IPR009038 GOLD	0,94	0,77	-0,11	
FGSG_10775	n.d.	1,28	1,93	-0,10	
FGSG_07040	IPR000648 Oxysterol-binding protein;IPR018494 Oxysterol-binding protein, conserved site	1,27	0,59	-0,10	
FGSG_17000	IPR000198 Rho GTPase-activating protein domain;IPR001060 Fps/Fes/Fer/CIP4 homology;IPR008936 Rho GTPase activation protein	0,52	0,82	-0,10	
FGSG_04182	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004841 Amino acid permease domain	1,51	0,38	-0,09	
FGSG_08342	IPR009732 Protein of unknown function DUF1304	0,95	-3,02	-0,09	
FGSG_04022	IPR000120 Amidase;IPR023631 Amidase signature domain	-1,73	-0,51	-0,08	
FGSG_00166	IPR001764 Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal;IPR002772 Glycoside hydrolase, family 3, C-terminal;IPR017853 Glycoside hydrolase,	-1,36	-0,42	-0,08	+

	superfamily;IPR019800 Glycoside hydrolase, family 3, active site					
FGSG_11822	IPR001278 Arginyl-tRNA synthetase, class Ia;IPR005148 Arginyl tRNA synthetase, class Ia, N-terminal;IPR008909 DALR anticodon binding;IPR009080 Aminoacyl-tRNA synthetase, class 1a, anticodon-binding;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR015945 Arginyl-tRNA synthetase, class Ia, core	2,80	-1,09	-0,08		+
FGSG_04998	IPR005522 Inositol polyphosphate kinase	2,02	-0,53	-0,08		+
FGSG_00397	IPR000217 Tubulin;IPR002452 Alpha tubulin;IPR003008 Tubulin/FtsZ, GTPase domain;IPR008280 Tubulin/FtsZ, C-terminal;IPR017975 Tubulin, conserved site;IPR018316 Tubulin/FtsZ, 2-layer sandwich domain;IPR023123 Tubulin, C-terminal	1,21	0,99	-0,08		+
FGSG_09413	IPR000594 UBA/THIF-type NAD/FAD binding fold;IPR009036 Molybdenum cofactor biosynthesis, MoeB;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,44	-1,33	-0,07		
FGSG_01227	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	1,65	0,82	-0,07		+
FGSG_01499	IPR004853 Domain of unknown function DUF250	1,08	0,38	-0,07		
FGSG_12851	IPR005164 Allantoicase;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR015908 Allantoicase domain	-2,25	2,04	-0,07		
FGSG_16593	IPR008676 MRG;IPR016197 Chromo domain-like	2,20	1,46	-0,06		
FGSG_01086	IPR000399 TPP-binding enzyme, conserved site;IPR011766 Thiamine pyrophosphate enzyme, C-terminal TPP-binding;IPR012000 Thiamine pyrophosphate enzyme, central domain;IPR012001 Thiamine pyrophosphate enzyme, N-terminal TPP-binding domain;IPR012846 Acetolactate synthase, large subunit, biosynthetic	-1,37	-0,66	-0,06		+
FGSG_10873	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	0,87	0,37	-0,05		
FGSG_07515	IPR008476 Uncharacterised protein family UPF0368, metazoa/fungi;IPR021148 Protein of unknown function DUF579;IPR023139 Yst0336-like domain	1,72	0,75	-0,04		
FGSG_00677	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	1,43	1,17	-0,03		+
FGSG_06092	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	-1,36	-1,02	-0,03		
FGSG_01924	IPR000542 Acyltransferase ChoActase/COT/CPT	-2,00	-0,18	-0,03		+
FGSG_07865	IPR003231 Acyl carrier protein (ACP);IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like	-1,32	-0,55	-0,03		
FGSG_00409	IPR002125 CMP/dCMP deaminase, zinc-binding;IPR006262 Cytidine deaminase, homotetrameric;IPR016192 APOBEC/CMP deaminase, zinc-binding;IPR016193 Cytidine deaminase-like	-1,13	-0,34	-0,03		
FGSG_06596	IPR010582 Catalase-related immune responsive;IPR011614 Catalase, N-terminal;IPR018028 Catalase, mono-functional, haem-containing;IPR020835 Catalase domain;IPR024708 Catalase active site	0,37	1,53	-0,02		
FGSG_08395	IPR001764 Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	1,54	1,86	-0,02		
FGSG_17510	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,94	0,39	-0,02		
FGSG_01201	IPR000910 High mobility group, HMG1/HMG2;IPR009071 High mobility group, superfamily	0,85	1,64	-0,02		+
FGSG_00329	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR008921 DNA polymerase III, clamp loader complex, gamma/delta/delta subunit, C-terminal;IPR019483 DNA polymerase III, clamp-loader complex, subunit E, C-terminal	1,87	1,53	-0,02		+

FGSG_05205	IPR001932 Protein phosphatase 2C-like;IPR015655 Protein phosphatase 2C	-1,25	-0,34	-0,02	+
FGSG_04829	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR010111 Kynureninase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-1,05	-0,15	-0,01	
FGSG_06186	IPR013763 Cyclin-like;IPR015429 Cyclin C/H/T/L	-1,37	-0,15	-0,01	
FGSG_05393	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	2,39	1,49	-0,01	+
FGSG_11843	IPR010102 Succinic semialdehyde dehydrogenase;IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-1,18	-0,83	0,00	
FGSG_10077	IPR000456 Ribosomal protein L17	-3,27	-0,68	0,00	+
FGSG_00614	n.d.	1,23	1,69	0,00	
FGSG_03802	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR004046 Glutathione S-transferase, C-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-1,62	-0,49	0,00	+
FGSG_07950	IPR001251 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, C-terminal;IPR008273 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, N-terminal;IPR011074 Phosphatidylinositol transfer protein-like, N-terminal	-1,11	-0,11	0,01	
FGSG_03879	IPR012307 Xylose isomerase, TIM barrel domain;IPR013022 Xylose isomerase-like, TIM barrel domain	-1,64	0,59	0,01	
FGSG_16623	IPR001087 Lipase, GDSL;IPR013830 Esterase, SGNH hydrolase-type;IPR013831 Esterase, SGNH hydrolase-type, subgroup	4,20	1,01	0,02	+
FGSG_02352	IPR002020 Citrate synthase-like;IPR016141 Citrate synthase-like, core;IPR016142 Citrate synthase-like, large alpha subdomain;IPR016143 Citrate synthase-like, small alpha subdomain;IPR019810 Citrate synthase active site	-1,97	0,09	0,02	+
FGSG_03554	IPR002482 Peptidoglycan-binding Lysin subgroup;IPR008816 Glycine zipper 2TM domain;IPR011058 Cyanovirin-N;IPR018392 Peptidoglycan-binding lysin domain	3,10	-0,75	0,03	+
FGSG_04483	IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR006687 Small GTPase superfamily, SAR1-type;IPR006689 Small GTPase superfamily, ARF/SAR type;IPR024156 Small GTPase superfamily, ARF type	1,41	0,36	0,03	+
FGSG_07165	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core	-1,55	-0,64	0,03	+
FGSG_09361	IPR006745 Protein of unknown function DUF605;IPR023175 Vacuolar protein sorting-associate Vta1, N-terminal	1,19	-0,49	0,04	
FGSG_08313	IPR000184 Bacterial surface antigen (D15)	-1,81	-3,68	0,04	+
FGSG_05491 ;FGSG_0428 9	IPR001951 Histone H4;IPR004823 TATA box binding protein associated factor (TAF);IPR007125 Histone core;IPR009072 Histone-fold;IPR019809 Histone H4, conserved site	2,01	1,60	0,04	+
FGSG_00801	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like	-2,77	-0,48	0,05	+
FGSG_00333	IPR013861 Protein of unknown function DUF1751, integral membrane, eukaryotic	2,55	1,90	0,05	
FGSG_05567	IPR011598 Helix-loop-helix DNA-binding	2,84	2,56	0,05	+
FGSG_09721	IPR000261 EPS15 homology (EH);IPR002048 Calcium-binding EF-hand;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018249 EF-HAND 2	1,77	1,18	0,05	+
FGSG_00597	IPR000812 Transcription factor TFIIIB;IPR013137 Zinc finger, TFIIB-type;IPR013150 Transcription factor TFIIIB, cyclin-related;IPR013763 Cyclin-like;IPR023486 Transcription factor TFIIIB, conserved site	1,65	1,11	0,05	+
FGSG_06168	IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR007219 Transcription factor, fungi;IPR013087 Zinc finger, C2H2-type/integrase, DNA-binding;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like	3,70	3,25	0,05	+
FGSG_16023	IPR007225 Exocyst complex subunit Sec15-like	-0,47	-1,53	0,05	

FGSG_03086	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I	-3,36	0,55	0,06	+
FGSG_05998	IPR004853 Domain of unknown function DUF250	1,04	0,30	0,06	
FGSG_08634	IPR000679 Zinc finger, GATA-type;IPR013088 Zinc finger, NHR/GATA-type;IPR013860 Protein of unknown function DUF1752, fungi	0,95	1,93	0,06	
FGSG_01014	IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR006687 Small GTPase superfamily, SAR1-type;IPR006689 Small GTPase superfamily, ARF/SAR type;IPR024156 Small GTPase superfamily, ARF type	1,09	0,52	0,07	
FGSG_17289	n.d.	-1,47	0,11	0,07	+
FGSG_00793	n.d.	-4,61	-1,69	0,08	+ +
FGSG_01773	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	2,95	1,39	0,08	+
FGSG_04488	n.d.	4,04	0,75	0,10	+
FGSG_02407	IPR006139 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, catalytic domain;IPR006140 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,42	-0,93	0,11	+
FGSG_06290	IPR001085 Serine hydroxymethyltransferase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR019798 Serine hydroxymethyltransferase, pyridoxal phosphate binding site	-0,86	-0,08	0,11	
FGSG_15924	IPR000581 Dihydroxy-acid/6-phosphogluconate dehydratase;IPR004404 Dihydroxy-acid dehydratase;IPR015928 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase, swivel;IPR020558 Dihydroxy-acid/6-phosphogluconate dehydratase, conserved site	-1,76	-0,87	0,12	+
FGSG_11064	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,79	1,16	0,12	
FGSG_00686	IPR019133 Mitochondrial inner membrane protein Mitofilin	-1,29	-1,63	0,12	
FGSG_01970	IPR000999 Ribonuclease III;IPR001159 Double-stranded RNA-binding	-1,06	-0,04	0,12	
FGSG_02782	IPR005475 Transketolase-like, pyrimidine-binding domain;IPR005476 Transketolase, C-terminal;IPR009014 Transketolase, C-terminal/Pyruvate-ferredoxin oxidoreductase, domain II;IPR015941 Transketolase-like, C-terminal	-0,79	-0,48	0,12	
FGSG_00967	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	2,51	1,64	0,12	+
FGSG_01918	IPR005135 Endonuclease/exonuclease/phosphatase;IPR007010 Poly(A) polymerase, RNA-binding domain;IPR007012 Poly(A) polymerase, central domain;IPR007547 Uncharacterised protein family UPF0248;IPR009097 RNA ligase/cyclic nucleotide phosphodiesterase;IPR011068 Nucleotidyltransferase, class I, C-terminal-like	-1,05	-1,12	0,12	
FGSG_10805	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like;IPR023313 Ubiquitin-conjugating enzyme, active site	1,36	0,96	0,13	
FGSG_10832	IPR005024 Snf7	1,46	0,05	0,13	
FGSG_01176	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain	2,78	0,52	0,13	+
FGSG_17523	IPR007857 Skb1 methyltransferase	-1,17	-0,50	0,14	
FGSG_06072	IPR007740 Ribosomal protein L49/IMG2	-0,99	0,33	0,14	
FGSG_16780	IPR001202 WW/Rsp5/WWP	1,25	0,12	0,14	
FGSG_09635	IPR001096 Peptidase C13, legumain	-1,30	0,70	0,14	
FGSG_06549	IPR001002 Chitin-binding, type 1;IPR002509 Polysaccharide deacetylase;IPR011330 Glycoside hydrolase/deacetylase, beta/alpha-barrel;IPR018371 Chitin-binding, type 1, conserved site	-4,03	-2,12	0,15	+ +
FGSG_17278	IPR001155 NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, N-terminal;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	1,62	-1,06	0,15	
FGSG_17700	IPR003094 Fructose-2,6-bisphosphatase;IPR013078 Histidine phosphatase superfamily, clade-1;IPR013079 6-phosphofructo-2-kinase;IPR016260 Bifunctional 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2, 6-bisphosphate 2-phosphatase	-1,14	-0,38	0,15	

FGSG_05706	IPR001466 Beta-lactamase-related;IPR012338 Beta-lactamase/transpeptidase-like	0,84	-0,72	0,15	
FGSG_09660	IPR000008 C2 calcium-dependent membrane targeting;IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR000861 HR1 repeat, rho-binding;IPR000961 AGC-kinase, C-terminal;IPR002219 Protein kinase C-like, phorbol ester/diacylglycerol binding;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR008973 C2 calcium/lipid-binding domain, CaB;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR011072 HR1 rho-binding repeat;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR017892 Protein kinase, C-terminal;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	1,24	1,22	0,16	
FGSG_04788	n.d.	-0,41	-1,03	0,16	
FGSG_08851	IPR005656 MmgE/PrpD;IPR012705 2-methylcitrate dehydratase PrpD	-1,42	-0,05	0,16	+
FGSG_09122	IPR002018 Carboxylesterase, type B	-1,06	-2,60	0,16	+
FGSG_00863	IPR001431 Peptidase M16, zinc-binding site;IPR007863 Peptidase M16, C-terminal;IPR011237 Peptidase M16, core;IPR011249 Metalloenzyme, LuxS/M16 peptidase-like, metal-binding;IPR011765 Peptidase M16, N-terminal	-0,61	-0,87	0,17	
FGSG_17300	IPR000679 Zinc finger, GATA-type;IPR013088 Zinc finger, NHR/GATA-type	2,28	1,75	0,17	+
FGSG_05177	IPR004279 Perilipin	1,07	1,41	0,17	
FGSG_01544	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR004129 Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase;IPR004331 SPX, N-terminal;IPR017946 PLC-like phosphodiesterase, TIM beta/alpha-barrel domain;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	-1,46	-1,43	0,18	+
FGSG_05410	n.d.	2,25	1,47	0,18	+
FGSG_05281	IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR006186 Serine/threonine-specific protein phosphatase/bis(5-nucleosyl)-tetrakisphosphate	2,83	1,48	0,18	+
FGSG_07792	n.d.	0,27	2,70	0,18	+
FGSG_03668	IPR005130 Serine dehydratase-like, alpha subunit;IPR005131 Serine dehydratase beta chain	-3,95	-1,54	0,18	+
FGSG_16309	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR012941 Phenol hydroxylase, C-terminal dimerisation	-0,83	-0,40	0,18	
FGSG_05902	IPR007863 Peptidase M16, C-terminal;IPR011237 Peptidase M16, core;IPR011249 Metalloenzyme, LuxS/M16 peptidase-like, metal-binding;IPR011765 Peptidase M16, N-terminal;IPR013578 Peptidase M16C associated	-1,76	-0,79	0,19	+
FGSG_00490	IPR010061 Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase;IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-2,07	-0,29	0,19	+
FGSG_01972	IPR001128 Cytochrome P450;IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR003097 FAD-binding, type 1;IPR008254 Flavodoxin/nitric oxide synthase;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site;IPR023173 NADPH-cytochrome p450 reductase, FAD-binding, alpha-helical domain-3	-0,99	-0,38	0,19	
FGSG_03375	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-0,87	-0,37	0,19	
FGSG_04271	IPR008493 Protein of unknown function DUF775	-1,72	-0,03	0,19	
FGSG_03747	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR001242 Condensation domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020845 AMP-binding, conserved site	1,26	0,68	0,20	
FGSG_10848	IPR002937 Amine oxidase	-1,32	-0,42	0,20	
FGSG_17461	IPR013216 Methyltransferase type 11	-1,23	-0,36	0,20	

FGSG_07414	IPR013761 Sterile alpha motif/pointed domain;IPR019083 IGR protein motif	-1,38	0,55	0,21	
FGSG_06612	IPR006045 Cupin 1;IPR011051 Cupin, RmlC-type;IPR014710 RmlC-like jelly roll fold;IPR017774 Bicupin, oxalate decarboxylase/oxidase	2,92	-1,53	0,22	+
FGSG_00578	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-0,04	3,69	0,22	+
FGSG_15841	IPR000704 Casein kinase II, regulatory subunit;IPR016149 Casein kinase II, regulatory subunit, alpha-helical;IPR016150 Casein kinase II, regulatory subunit, beta-sheet	1,98	2,15	0,22	
FGSG_06104	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	0,12	-1,36	0,22	+
FGSG_01581	IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel	-1,19	-0,71	0,23	+
FGSG_16323	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	1,28	0,23	0,23	+
FGSG_04357	n.d.	1,99	0,60	0,23	+
FGSG_09092	n.d.	-2,15	-1,27	0,24	+
FGSG_05198	IPR000283 NADH:ubiquinone oxidoreductase, 75kDa subunit, conserved site;IPR001041 Ferredoxin;IPR006656 Molybdopterin oxidoreductase;IPR010228 NADH:ubiquinone oxidoreductase, subunit G;IPR012675 Beta-grasp fold, ferredoxin-type;IPR015405 NADH-quinone oxidoreductase, chain G, C-terminal;IPR019574 NADH:ubiquinone oxidoreductase, subunit G, iron-sulphur binding	-1,28	-1,10	0,24	
FGSG_06282	IPR002912 Amino acid-binding ACT;IPR004789 Acetolactate synthase, small subunit;IPR019455 Acetolactate synthase, small subunit, C-terminal	-0,57	-0,30	0,24	
FGSG_00861	IPR000644 Cystathionine beta-synthase, core;IPR001093 IMP dehydrogenase/GMP reductase;IPR005990 IMP dehydrogenase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR015875 IMP dehydrogenase / GMP reductase, conserved site;IPR018529 IMP dehydrogenase-related	-1,23	-0,07	0,24	+
FGSG_07265	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain	-2,03	-0,02	0,24	
FGSG_10835	IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	3,28	0,94	0,25	+
FGSG_11409	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	4,91	0,57	0,25	+
FGSG_16010	IPR002885 Pentatricopeptide repeat	-2,12	0,35	0,25	
FGSG_01639	IPR001753 Crotonase, core	-2,32	-0,61	0,25	+
FGSG_05454	IPR001017 Dehydrogenase, E1 component;IPR017597 Pyruvate dehydrogenase (acetyl-transferring) E1 component, alpha subunit, subgroup y	-0,68	-0,29	0,26	
FGSG_00757	IPR001163 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain;IPR006649 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM) domain, eukaryotic/archaea-type;IPR010920 Like-Sm ribonucleoprotein (LSM)-related domain	1,81	1,28	0,26	+
FGSG_11626	IPR000558 Histone H2B;IPR007125 Histone core;IPR009072 Histone-fold	2,01	1,54	0,27	+
FGSG_10396	n.d.	-1,13	-0,47	0,27	+
FGSG_02335	n.d.	-0,21	-1,45	0,27	
FGSG_02646	IPR001878 Zinc finger, CCHC-type;IPR013084 Zinc finger, CCHC retroviral-type	1,77	1,42	0,28	
FGSG_02717	IPR000581 Dihydroxy-acid/6-phosphogluconate dehydratase;IPR004404 Dihydroxy-acid dehydratase;IPR015928 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase, swivel;IPR020558 Dihydroxy-acid/6-phosphogluconate dehydratase, conserved site	-1,36	-0,50	0,28	+
FGSG_05858	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	1,28	0,36	0,28	

FGSG_00182	IPR000717 Proteasome component (PCI) domain;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR013143 PCI/PINT associated module	-0,76	-0,30	0,29		
FGSG_02347	IPR005708 Homogentisate 1,2-dioxygenase;IPR011051 Cupin, RmlC-type	-1,07	-0,58	0,29		
FGSG_04266	IPR024420 TRAPP III complex, Trs85	-2,23	-1,49	0,30		+
FGSG_00540	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	3,91	0,08	0,30		
FGSG_10133	IPR006674 Metal-dependent phosphohydrolase, HD subdomain;IPR023279 HD domain	0,67	-1,29	0,30		
FGSG_10198	IPR000573 Aconitase A/isopropylmalate dehydratase small subunit, swivel;IPR001030 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha;IPR006248 Aconitase, mitochondrial-like;IPR015928 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase, swivel;IPR015931 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 1/3;IPR015932 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 2;IPR015937 Aconitase/isopropylmalate dehydratase;IPR018136 Aconitase family, 4Fe-4S cluster binding site	-3,05	-0,87	0,31		+
FGSG_04445	n.d.	-1,95	-4,33	0,32		+ +
FGSG_10203	IPR002821 Hydantoinase/oxoprolinase;IPR003692 Hydantoinase B/oxoprolinase;IPR008040 Hydantoinase/oxoprolinase, N-terminal	-0,89	-0,21	0,32		
FGSG_00776	IPR001026 Epsin domain, N-terminal;IPR008942 ENTH/VHS;IPR013809 Epsin-like, N-terminal	2,38	0,93	0,32		
FGSG_13000	n.d.	-2,25	-0,72	0,32		+
FGSG_00249	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-1,31	-0,56	0,33		+
FGSG_03174	IPR001804 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase;IPR011829 Tartrate dehydrogenase;IPR019818 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase, conserved site;IPR024084 Isopropylmalate dehydrogenase-like domain	1,41	1,31	0,33		
FGSG_06737	IPR005033 YEATS	0,26	-1,33	0,33		
FGSG_03952	IPR003710 Ketopantoate reductase AppA/PanE;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR013332 Ketopantoate reductase AppA/PanE, N-terminal;IPR013752 Ketopantoate reductase AppA/PanE, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,10	-0,62	0,33		+
FGSG_01391	IPR000640 Translation elongation factor EFG/EF2, C-terminal;IPR000795 Protein synthesis factor, GTP-binding;IPR004161 Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2;IPR004540 Translation elongation factor EFG/EF2;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR005517 Translation elongation factor EFG/EF2, domain IV;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR009022 Elongation factor G/III/V;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	-4,53	-2,57	0,34		+
FGSG_15979	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR005399 Potassium channel, voltage-dependent, beta subunit, KCNAB-related;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-0,88	-0,28	0,34		
FGSG_02392	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-3,64	-0,20	0,34		+
FGSG_02621	IPR003126 Zinc finger, N-recogin;IPR013993 Zinc finger, N-recogin, metazoa	-1,24	-0,83	0,34		
FGSG_15909	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-2,11	-0,70	0,35		+
FGSG_07536	IPR000866 Alkyl hydroperoxide reductase subunit C/ Thiol specific antioxidant;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR019479 Peroxiredoxin, C-terminal	-0,71	0,53	0,36		
FGSG_06752	IPR010102 Succinic semialdehyde dehydrogenase;IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162	1,01	-0,19	0,36		+

	Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal				
FGSG_09923	n.d.	-0,86	-0,16	0,37	
FGSG_04113	IPR001401 Dynamin, GTPase domain	-3,26	-3,49	0,37	
FGSG_05854	IPR001474 GTP cyclohydrolase I;IPR018234 GTP cyclohydrolase I, conserved site;IPR020602 GTP cyclohydrolase I/Nitrile oxidoreductase	-1,28	0,21	0,37	
FGSG_16125	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter- like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	-1,12	-0,49	0,37	
FGSG_07006	n.d.	-1,54	0,04	0,37	
FGSG_04085	IPR000705 Galactokinase;IPR006203 GHMP kinase, ATP-binding, conserved site;IPR006204 GHMP kinase;IPR006206 Mevalonate/galactokinase;IPR013750 GHMP kinase, C-terminal;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR019539 Galactokinase galactose-binding domain;IPR019741 Galactokinase, conserved site;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2- type fold	-1,03	0,34	0,38	
FGSG_16544	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	3,48	1,33	0,38	+
FGSG_00186	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1;IPR008220 Homoserine acetyltransferase	-3,72	-0,89	0,38	+
FGSG_16377	IPR000782 FAS1 domain	-1,18	-0,24	0,38	+
FGSG_07862	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N- acetyltransferase	0,09	-0,61	0,38	
FGSG_17478	IPR002938 Monooxygenase, FAD- binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like	-2,17	-0,14	0,39	+
FGSG_10348	n.d.	-0,56	-0,51	0,39	
FGSG_06154	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR012725 Chaperone DnaK;IPR013126 Heat shock protein 70;IPR018181 Heat shock protein 70, conserved site	-1,48	-0,48	0,39	+
FGSG_08266	IPR003702 Acetyl-CoA hydrolase/transferase;IPR017821 Succinate CoA transferase	-1,44	-0,14	0,39	+
FGSG_00729	IPR000910 High mobility group, HMG1/HMG2;IPR009071 High mobility group, superfamily	1,76	1,68	0,39	+
FGSG_06875	IPR000131 ATPase, F1 complex, gamma subunit;IPR023632 ATPase, F1 complex, gamma subunit conserved site;IPR023633 ATPase, F1 complex, gamma subunit domain	-0,47	-0,75	0,40	
FGSG_00304	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	1,81	2,18	0,40	
FGSG_07296	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD- box, conserved site;IPR001650 Helicase, C- terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD- box type, Q motif	-1,10	-0,04	0,40	
FGSG_01629	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR001374 Single-stranded nucleic acid binding R3H;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha- beta plait	2,29	1,23	0,40	+
FGSG_11192	IPR002937 Amine oxidase	-4,88	0,18	0,41	+
FGSG_05323	IPR006680 Amidohydrolase 1;IPR014311 Guanine deaminase	-1,87	-0,09	0,41	+
FGSG_02931	IPR006913 Glutathione-dependent formaldehyde- activating family, GFA;IPR011057 Mss4-like	-0,80	0,10	0,42	
FGSG_10065	IPR004136 2-nitropropane dioxygenase, NPD;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-3,19	1,03	0,42	
FGSG_09241	IPR000569 HECT;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-1,27	-0,94	0,42	+
FGSG_01348	IPR001719 Endodeoxyribonuclease IV;IPR012307 Xylose isomerase, TIM barrel domain;IPR013022 Xylose isomerase-like, TIM barrel domain;IPR018246 AP endonuclease, family 2, zinc binding site	2,36	2,98	0,42	+
FGSG_09362	IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR013766 Thioredoxin domain	-0,66	0,06	0,42	
FGSG_08769	n.d.	-1,24	0,73	0,42	
FGSG_09862	IPR001589 Actinin-type, actin-binding, conserved site;IPR001715 Calponin homology domain;IPR011992 EF-hand-like domain	-0,20	-0,30	0,43	

FGSG_09934	IPR000583 Glutamine amidotransferase, class II; IPR001962 Asparagine synthase; IPR006426 Asparagine synthase, glutamine-hydrolyzing; IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold; IPR017932 Glutamine amidotransferase, type II	-0,64	0,19	0,43	
FGSG_15774	IPR000120 Amidase; IPR023631 Amidase signature domain	-0,92	-0,32	0,43	
FGSG_15024	IPR016712 Mitochondrial ribosomal protein MRP51, fungi	-3,48	-1,73	0,43	+
FGSG_06051	IPR001830 Glycosyl transferase, family 20; IPR012766 Alpha, alpha-trehalose-phosphate synthase	-0,65	0,13	0,43	
FGSG_01954	IPR007258 Vps52/Sac2	-1,84	-1,20	0,44	
FGSG_06503	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain; IPR007219 Transcription factor, fungi	1,78	1,13	0,44	+
FGSG_16022	IPR000587 Creatinase; IPR000994 Peptidase M24, structural domain; IPR001131 Peptidase M24B, X-Pro dipeptidase/aminopeptidase P, conserved site	-0,55	-0,28	0,44	
FGSG_00862	IPR008811 Raffinose synthase; IPR013785 Aldolase-type TIM barrel; IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-2,33	-1,01	0,44	+
FGSG_16648	IPR011989 Armadillo-like helical; IPR016024 Armadillo-type fold; IPR021843 Protein of unknown function DUF3437	-0,60	-0,14	0,44	
FGSG_09613	IPR000811 Glycosyl transferase, family 35; IPR011833 Glycogen/starch/alpha-glucan phosphorylase	-0,71	0,16	0,44	
FGSG_05430	IPR011989 Armadillo-like helical; IPR016024 Armadillo-type fold; IPR021133 HEAT, type 2	-0,44	-0,17	0,45	
FGSG_06631	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase	-0,47	-0,01	0,45	
FGSG_05197	IPR003846 Uncharacterised protein family UPF0061	-1,11	-0,19	0,45	
FGSG_10510	n.d.	1,63	0,53	0,45	
FGSG_04130	IPR001327 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, NAD-binding domain; IPR013027 FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase; IPR023753 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, FAD/NAD(P)-binding domain	-0,57	-1,74	0,46	
FGSG_12442	IPR000120 Amidase; IPR015830 Amidase, fungi; IPR020556 Amidase, conserved site; IPR023631 Amidase signature domain	-0,28	-0,48	0,46	
FGSG_05308	IPR009002 FMN-binding split barrel-related; IPR012349 FMN-binding split barrel; IPR024624 Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase, Alr4036 family, FMN-binding domain	-0,52	-0,12	0,46	
FGSG_16271	IPR000120 Amidase; IPR023631 Amidase signature domain	-2,61	-0,65	0,47	+
FGSG_16750	IPR001048 Aspartate/glutamate/uridylylate kinase; IPR001057 Glutamate/acetylglutamate kinase; IPR002478 Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase; IPR005715 Glutamate 5-kinase/delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase; IPR011529 Glutamate 5-kinase; IPR015947 PUA-like domain; IPR019797 Glutamate 5-kinase, conserved site	-1,34	0,43	0,47	
FGSG_10540	n.d.	-0,15	4,14	0,47	+
FGSG_09167	IPR008942 ENTH/VHS; IPR011417 ANTH; IPR013809 Epsin-like, N-terminal; IPR014712 Clathrin adaptor, phosphoinositide-binding, GAT-like	2,31	1,79	0,48	+
FGSG_04486	IPR015942 Asp/Glu/hydantoin racemase	-0,36	-0,30	0,48	
FGSG_02280	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR; IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase; IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,43	0,78	0,49	
FGSG_05284	IPR002204 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase-related, conserved site; IPR006115 6-phosphogluconate dehydrogenase, NADP-binding; IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like; IPR011548 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase; IPR013328 Dehydrogenase, multihelical; IPR015815 3-hydroxyacid dehydrogenase/reductase; IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,83	0,58	0,49	+
FGSG_17146	IPR000999 Ribonuclease III	-1,76	-0,03	0,49	
FGSG_06880	IPR002314 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (G/H/P/S), conserved domain; IPR004154 Anticodon-binding; IPR004516 Histidyl-tRNA synthetase, class IIa; IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II	-0,39	0,15	0,49	
FGSG_12689	n.d.	-0,66	-0,18	0,50	
FGSG_16591	IPR000127 Ubiquitin-activating enzyme repeat; IPR000594 UBA/THIF-type NAD/FAD binding fold; IPR009036 Molybdenum cofactor biosynthesis, MoeB; IPR016040 NAD(P)-binding domain; IPR018074 Ubiquitin-activating enzyme, E1, active site; IPR019572 Ubiquitin-activating	0,35	-0,80	0,50	

	enzyme;IPR023280 Ubiquitin-like 1 activating enzyme, catalytic cysteine domain				
FGSG_17445	IPR000573 Aconitase A/isopropylmalate dehydratase small subunit, swivel;IPR001030 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha;IPR006248 Aconitase, mitochondrial-like;IPR015928 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase, swivel;IPR015931 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 1/3;IPR015932 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 2;IPR015937 Aconitase/isopropylmalate dehydratase;IPR018136 Aconitase family, 4Fe-4S cluster binding site	-2,73	-0,93	0,50	+
FGSG_11062	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-0,70	-0,12	0,50	
FGSG_06521	n.d.	-0,49	-0,26	0,50	
FGSG_00826	n.d.	-0,87	0,04	0,50	
FGSG_01141	IPR005931 Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 1;IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-1,40	0,13	0,51	+
FGSG_05419	IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	2,38	0,26	0,51	+
FGSG_11217	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,32	-0,64	0,51	+
FGSG_17231	IPR002573 Choline/ethanolamine kinase;IPR007521 Choline kinase, N-terminal;IPR011009 Protein kinase-like domain	-0,78	0,07	0,52	
FGSG_06940	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	-1,39	-0,42	0,52	+
FGSG_10722	IPR001412 Aminoacyl-tRNA synthetase, class I, conserved site;IPR002300 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ia;IPR002301 Isoleucyl-tRNA synthetase;IPR009008 Valyl/Leucyl/Isoleucyl-tRNA synthetase, class Ia, editing domain;IPR009080 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ia, anticodon-binding;IPR013155 Valyl/Leucyl/Isoleucyl-tRNA synthetase, class I, anticodon-binding;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	-0,54	-0,03	0,52	
FGSG_07926	IPR001830 Glycosyl transferase, family 20;IPR003337 Trehalose-phosphatase;IPR006379 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IIB;IPR023214 HAD-like domain	-0,84	0,17	0,52	
FGSG_12878	IPR000449 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal;IPR000626 Ubiquitin;IPR009060 UBA-like;IPR015940 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal, eukaryote;IPR019103 Peptidase aspartic, eukaryotic predicted;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR021109 Peptidase aspartic	-0,34	-0,35	0,52	
FGSG_05957	IPR005624 Domain of unknown function DUF336	-0,94	0,00	0,53	
FGSG_05299	IPR001453 Molybdopterin binding;IPR005110 MoeA, N-terminal and linker domain;IPR005111 MoeA, C-terminal, domain IV;IPR008284 Molybdenum cofactor biosynthesis, conserved site;IPR020817 Molybdenum cofactor synthesis	-0,94	0,05	0,53	
FGSG_09397	IPR000903 Myristoyl-CoA:protein N-myristoyltransferase;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase;IPR022676 Myristoyl-CoA:protein N-myristoyltransferase, N-terminal;IPR022677 Myristoyl-CoA:protein N-myristoyltransferase, C-terminal;IPR022678 Myristoyl-CoA:protein N-myristoyltransferase, conserved site	-0,57	-0,08	0,53	
FGSG_09197	IPR000731 Sterol-sensing domain;IPR002202 Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase, class I/II;IPR004554 Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase, eukaryotic/arcaheal type;IPR009023 Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase, class I/II, NAD/NADP-binding;IPR009029 Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase, class I/II, substrate-binding;IPR023074 Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase, class I/II, catalytic domain;IPR023076 Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase, class I/II,	3,05	0,49	0,53	+

	conserved site;IPR023282 Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase, N-terminal					
FGSG_00649	IPR000851 Ribosomal protein S5;IPR005324 Ribosomal protein S5, C-terminal;IPR013810 Ribosomal protein S5, N-terminal;IPR014720 Double-stranded RNA-binding-like;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	-1,75	-0,82	0,53	+	
FGSG_10379	IPR001645 Folylpolyglutamate synthetase;IPR004101 Mur ligase, C-terminal;IPR013221 Mur ligase, central	-1,29	0,28	0,53		
FGSG_00421	IPR002133 S-adenosylmethionine synthetase;IPR022628 S-adenosylmethionine synthetase, N-terminal;IPR022629 S-adenosylmethionine synthetase, central domain;IPR022630 S-adenosylmethionine synthetase, C-terminal;IPR022631 S-adenosylmethionine synthetase, conserved site;IPR022636 S-adenosylmethionine synthetase superfamily	-0,70	0,28	0,54		
FGSG_02273	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-4,84	0,59	0,54	+	
FGSG_01235	IPR006047 Glycosyl hydrolase, family 13, catalytic domain;IPR006589 Glycosyl hydrolase, family 13, subfamily, catalytic domain;IPR013780 Glycosyl hydrolase, family 13, all-beta;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR015902 Alpha amylase;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,62	-1,42	0,54		
FGSG_00299	IPR004888 Glycoside hydrolase, family 63;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like	-0,60	0,02	0,54		
FGSG_05372	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR001242 Condensation domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-1,66	0,73	0,54		
FGSG_04570	IPR001544 Aminotransferase, class IV;IPR005786 Branched-chain amino acid aminotransferase II;IPR018300 Aminotransferase, class IV, conserved site	2,45	1,35	0,54	+	
FGSG_02108	IPR009783 Protein of unknown function DUF1348	0,85	-1,57	0,55		
FGSG_01744	IPR013216 Methyltransferase type 11	3,73	-2,98	0,55	+	+
FGSG_08607	IPR000704 Casein kinase II, regulatory subunit;IPR016149 Casein kinase II, regulatory subunit, alpha-helical;IPR016150 Casein kinase II, regulatory subunit, beta-sheet	2,15	1,45	0,55		
FGSG_04268	IPR000594 UBA/THIF-type NAD/FAD binding fold;IPR009036 Molybdenum cofactor biosynthesis, MoeB;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,43	-0,29	0,55		
FGSG_17612	IPR001608 Alanine racemase, N-terminal	-0,38	0,66	0,55		
FGSG_00906	IPR002318 Alanyl-tRNA synthetase, class IIc;IPR012947 Threonyl/alanyl tRNA synthetase, SAD;IPR018162 Alanyl-tRNA synthetase, class IIc, anti-codon-binding domain;IPR018163 Threonyl/alanyl tRNA synthetase, class II-like, putative editing domain;IPR018164 Alanyl-tRNA synthetase, class IIc, N-terminal	-0,46	0,07	0,56		
FGSG_03524	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,07	-0,12	0,56		
FGSG_16692	IPR000891 Pyruvate carboxyltransferase;IPR002034 Alpha-isopropylmalate/homocitrate synthase, conserved site;IPR013709 2-isopropylmalate synthase LeuA, allosteric (dimerisation) domain;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-0,50	-0,15	0,56		
FGSG_08418	IPR006015 Universal stress protein A;IPR006016 UspA;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	2,09	1,48	0,56	+	
FGSG_02095	IPR001810 F-box domain, cyclin-like;IPR006553 Leucine-rich repeat, cysteine-containing subtype;IPR022364 F-box domain, Skp2-like	-0,45	0,02	0,57		
FGSG_02753	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	1,43	2,11	0,57		
FGSG_10267	IPR000559 Formate-tetrahydrofolate ligase, FTHFS;IPR000672 Tetrahydrofolate dehydrogenase/cyclohydrolase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020628 Formate-tetrahydrofolate ligase, FTHFS, conserved site;IPR020630 Tetrahydrofolate dehydrogenase/cyclohydrolase, catalytic domain;IPR020631 Tetrahydrofolate dehydrogenase/cyclohydrolase, NAD(P)-binding	-0,79	0,20	0,57		

	domain;IPR020867 Tetrahydrofolate dehydrogenase/cyclohydrolase, conserved site				
FGSG_06693	IPR000008 C2 calcium-dependent membrane targeting;IPR000909 Phospholipase C, phosphatidylinositol-specific, X domain;IPR001192 Phosphoinositide phospholipase C;IPR001711 Phospholipase C, phosphatidylinositol-specific, Y domain;IPR008973 C2 calcium/lipid-binding domain, CaLB;IPR017946 PLC-like phosphodiesterase, TIM beta/alpha-barrel domain;IPR018029 C2 membrane targeting protein	-0,60	-0,56	0,57	
FGSG_04165	n.d.	3,56	1,74	0,57	+
FGSG_12895	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR016040 NAD(P)-binding domain	2,48	0,75	0,57	+
FGSG_04171	IPR000089 Biotin/lipoyl attachment;IPR001078 2-oxoacid dehydrogenase acyltransferase, catalytic domain;IPR003016 2-oxo acid dehydrogenase, lipoyl-binding site;IPR004167 E3 binding;IPR006257 Dihydroliipoamide acetyltransferase, long form;IPR011053 Single hybrid motif;IPR023213 Chloramphenicol acetyltransferase-like domain	-0,63	-0,32	0,57	
FGSG_07793	IPR004119 Protein of unknown function DUF227;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR015897 CHK kinase-like	0,70	2,96	0,58	+
FGSG_08644	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70	-0,31	0,14	0,58	
FGSG_04134	IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR013087 Zinc finger, C2H2-type/integrase, DNA-binding	2,87	0,29	0,58	+
FGSG_08955	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	-0,81	-0,06	0,58	
FGSG_12154	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR004046 Glutathione S-transferase, C-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-0,96	-0,28	0,58	
FGSG_00321	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-5,54	0,70	0,58	+
FGSG_08913	n.d.	3,29	-0,72	0,58	+
FGSG_06515	IPR003767 Malate/L-lactate dehydrogenase	0,32	-0,95	0,59	
FGSG_05769	IPR019183 N-acetyltransferase B complex, non-catalytic subunit	-0,51	-0,25	0,59	
FGSG_13137	IPR001683 Phox homologous domain;IPR024554 Domain of unknown function DUF3818, PX-associated;IPR024555 PX-associated domain	0,32	-0,40	0,59	
FGSG_09456	IPR000023 Phosphofruktokinase domain;IPR009161 6-phosphofruktokinase, eukaryotic type;IPR015912 Phosphofruktokinase, conserved site;IPR022953 Phosphofruktokinase	-0,56	0,03	0,59	
FGSG_16527	IPR001830 Glycosyl transferase, family 20;IPR003337 Trehalose-phosphatase;IPR006379 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IIB;IPR023214 HAD-like domain	-1,03	0,17	0,59	
FGSG_17725	IPR000092 Polyprenyl synthetase;IPR008949 Terpenoid synthase;IPR017446 Polyprenyl synthetase-related	-0,39	-0,08	0,60	
FGSG_01575	IPR001451 Bacterial transferase hexapeptide repeat;IPR011004 Trimeric LpxA-like	-0,22	-0,38	0,60	
FGSG_05443	IPR000560 Histidine phosphatase superfamily, clade-2	-2,42	-0,36	0,60	+
FGSG_03235	IPR004843 Metallophosphoesterase domain	0,83	-1,08	0,60	
FGSG_09803	IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	-1,35	-0,52	0,60	
FGSG_08614	IPR001412 Aminoacyl-tRNA synthetase, class I, conserved site;IPR009080 Aminoacyl-tRNA synthetase, class 1a, anticodon-binding;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR014758 Methionyl-tRNA synthetase;IPR015413 Aminoacyl-tRNA synthetase, class I (M)	-0,35	-0,07	0,60	
FGSG_06661	IPR016024 Armadillo-type fold	-1,06	-0,66	0,61	
FGSG_13136	IPR003952 Fumarate reductase/succinate dehydrogenase, FAD-binding site;IPR003953 Fumarate reductase/succinate dehydrogenase flavoprotein, N-terminal;IPR004112 Fumarate reductase/succinate dehydrogenase flavoprotein, C-terminal;IPR011281 Succinate dehydrogenase, flavoprotein subunit;IPR014006 Succinate dehydrogenase/fumarate reductase, flavoprotein subunit;IPR015939 Fumarate reductase/succinate dehydrogenase flavoprotein-like, C-terminal	-1,46	-0,86	0,61	

FGSG_01204	IPR000198 Rho GTPase-activating protein domain;IPR001781 Zinc finger, LIM-type;IPR008936 Rho GTPase activation protein	1,64	0,95	0,61	+
FGSG_08979	IPR002818 ThiI/Pfpi	-0,36	-0,21	0,62	
FGSG_06523	IPR006683 Thioesterase superfamily	-0,98	-1,54	0,62	
FGSG_04287	IPR000623 Shikimate kinase;IPR001381 Dehydroquinase class I;IPR001986 Enolpyruvate transferase domain;IPR006151 Quinate/shikimate 5-dehydrogenase/glutamyl-tRNA reductase;IPR006264 3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase;IPR008289 Pentafunctional AroM protein;IPR010110 Shikimate dehydrogenase, AroM-type;IPR013708 Shikimate dehydrogenase substrate binding, N-terminal;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR013792 RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta;IPR016037 3-dehydroquinase synthase AroB;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018508 3-dehydroquinase dehydratase, active site;IPR023000 Shikimate kinase, conserved site;IPR023193 3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase, conserved site	-0,63	-0,23	0,62	
FGSG_10355	IPR024388 Ribosomal protein L20, mitochondrial	-0,52	0,78	0,62	
FGSG_00644	IPR007863 Peptidase M16, C-terminal;IPR011237 Peptidase M16, core;IPR011249 Metalloenzyme, LuxS/M16 peptidase-like, metal-binding;IPR011765 Peptidase M16, N-terminal	-0,53	-0,82	0,62	
FGSG_15673	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR001242 Condensation domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-1,06	-0,11	0,62	
FGSG_08419	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	-1,43	-1,43	0,62	
FGSG_07953	IPR000573 Aconitase A/isopropylmalate dehydratase small subunit, swivel;IPR001030 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha;IPR006248 Aconitase, mitochondrial-like;IPR015928 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase, swivel;IPR015931 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 1/3;IPR015932 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 2;IPR015937 Aconitase/isopropylmalate dehydratase;IPR018136 Aconitase family, 4Fe-4S cluster binding site	-1,47	-0,76	0,62	+
FGSG_01387	n.d.	-1,54	-0,03	0,62	
FGSG_03466	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR005399 Potassium channel, voltage-dependent, beta subunit, KCNAB-related;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-0,55	0,03	0,62	
FGSG_07094	IPR006652 Kelch repeat type 1;IPR015915 Kelch-type beta propeller	-2,28	-1,64	0,63	+
FGSG_02811	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR013535 PUL;IPR015155 PLAA family ubiquitin binding, PFU;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	-0,45	-0,03	0,63	
FGSG_10232	IPR006652 Kelch repeat type 1;IPR015915 Kelch-type beta propeller	-0,14	-0,17	0,63	
FGSG_11152	IPR001810 F-box domain, cyclin-like	-1,16	-0,46	0,63	
FGSG_09546	n.d.	2,82	0,95	0,63	+
FGSG_15696	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-7,82	1,51	0,63	+
FGSG_11176	n.d.	-5,82	-0,25	0,63	+
FGSG_17688	n.d.	-0,99	-0,10	0,64	
FGSG_06696	IPR018849 Nucleolar 27S pre-rRNA processing, Urb2/Npa2, C-terminal	-1,90	-0,23	0,64	+
FGSG_12536	n.d.	-0,83	-0,05	0,64	
FGSG_02700	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40	-0,78	-0,27	0,64	

	repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat;IPR022052 Histone-binding protein RBBP4				
FGSG_01017	IPR005317 Peptidase M49, dipeptidyl-peptidase III;IPR016526 Peptidase M49, dipeptidyl-peptidase 3, eukaryotic	-0,92	-0,02	0,64	
FGSG_03734	IPR002818 ThiI/Pfpl	-1,92	-0,93	0,64	+
FGSG_08425	IPR007859 Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase;IPR017896 4Fe-4S ferredoxin, iron-sulphur binding domain	-1,09	-0,68	0,65	
FGSG_09431	IPR005645 Serine hydrolase FSH	-0,51	0,02	0,65	
FGSG_11158	IPR006680 Amidohydrolase 1;IPR011059 Metal-dependent hydrolase, composite domain	-1,35	0,65	0,66	
FGSG_07917	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	4,06	2,36	0,66	+
FGSG_11915	IPR005746 Thioredoxin;IPR005788 Disulphide isomerase;IPR005792 Protein disulphide isomerase;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR013766 Thioredoxin domain;IPR017937 Thioredoxin, conserved site	-0,75	-0,23	0,66	
FGSG_06717	IPR010721 Protein of unknown function DUF1295	-0,76	1,40	0,66	
FGSG_03318	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribose dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,25	0,03	0,66	
FGSG_05271	IPR019128 Sister chromatid cohesion protein DCC1	0,04	-0,43	0,66	
FGSG_16827	IPR003010 Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase;IPR003694 NAD synthase;IPR014445 Glutamine-dependent NAD(+) synthetase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR022310 NAD/GMP synthase	-0,54	-0,15	0,66	
FGSG_01470	IPR004457 Zinc finger, ZPR1-type	-0,47	0,18	0,66	
FGSG_02467	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	1,62	0,03	0,67	+
FGSG_05969	IPR001223 Glycoside hydrolase, family 18, catalytic domain;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,48	-0,48	0,67	
FGSG_13483	IPR002933 Peptidase M20;IPR010158 Amidase, hydantoinase/carbamoylase;IPR011650 Peptidase M20, dimerisation	-1,46	-1,84	0,67	
FGSG_05218	IPR004888 Glycoside hydrolase, family 63;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like	-0,58	-0,46	0,67	
FGSG_04558	IPR001765 Carbonic anhydrase;IPR015892 Carbonic anhydrase, prokaryotic-like, conserved site	0,79	0,35	0,67	+
FGSG_10897	IPR000374 Phosphatidate cytidyltransferase	4,16	2,88	0,67	+
FGSG_05550	IPR009668 RNA polymerase I associated factor, A49-like	-0,78	-0,26	0,67	
FGSG_04031	IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR015374 Chs5p-Arf1p binding	-0,32	-0,03	0,68	
FGSG_04290	IPR000164 Histone H3;IPR007125 Histone core;IPR009072 Histone-fold	1,99	1,87	0,68	+
FGSG_13231	IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR002213 UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase;IPR004182 GRAM;IPR004276 Glycosyl transferase, family 28;IPR011993 Pleckstrin homology-type	1,15	-0,04	0,68	+
FGSG_04235	IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR006179 5'-Nucleotidase/apyrase;IPR008334 5'-Nucleotidase, C-terminal	-0,35	-0,68	0,68	
FGSG_10669	IPR000031 Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, core;IPR003135 ATP-grasp fold, ATP-dependent carboxylate-amine ligase-type;IPR005875 Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, ATPase subunit;IPR011054 Rudiment single hybrid motif;IPR011761 ATP-grasp fold;IPR013815 ATP-grasp fold, subdomain 1;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR013817 Pre-ATP-grasp fold;IPR016185 PreATP-grasp-like fold;IPR016301 Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase	-1,21	-0,30	0,68	+
FGSG_03364	IPR001466 Beta-lactamase-related;IPR012338 Beta-lactamase/transpeptidase-like	0,38	-0,68	0,68	
FGSG_04420	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like	-0,16	-0,26	0,69	
FGSG_06265	IPR001680 WD40 repeat;IPR009917 Steroid receptor RNA activator-protein/coat protein complex II, Sec31;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-	1,12	0,95	0,69	+

	containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2						
FGSG_10188	IPR001930 Peptidase M1, alanine aminopeptidase/leukotriene hydrolase;IPR012777 Leukotriene A4 hydrolase;IPR014782 Peptidase M1, membrane alanine aminopeptidase, N-terminal;IPR015211 Peptidase M1, leukotriene A4 hydrolase, aminopeptidase C-terminal;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,59	0,08	0,69			
FGSG_07205	n.d.	-0,37	0,05	0,70			
FGSG_02477	IPR002048 Calcium-binding EF-hand;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018248 EF-hand;IPR018249 EF-HAND 2;IPR023753 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, FAD/NAD(P)-binding domain	-1,26	-2,38	0,70			
FGSG_00838	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70;IPR018181 Heat shock protein 70, conserved site	-0,36	0,19	0,70			+
FGSG_01950	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70;IPR018181 Heat shock protein 70, conserved site	-0,22	0,01	0,70			
FGSG_01300	IPR003107 RNA-processing protein, HAT helix;IPR008847 Suppressor of forked;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	-0,02	-0,19	0,70			
FGSG_04202	IPR002314 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (G/H/ P/ S), conserved domain;IPR002317 Seryl-tRNA synthetase, class IIa;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II;IPR010978 tRNA-binding arm;IPR015866 Seryl-tRNA synthetase, class IIa, N-terminal	-0,16	0,14	0,71			
FGSG_00865	IPR001692 Histidinol dehydrogenase, conserved site;IPR002496 Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase;IPR008179 Phosphoribosyl-ATP pyrophosphohydrolase;IPR012131 Histidinol dehydrogenase;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016298 Histidine biosynthesis trifunctional-protein;IPR021130 Phosphoribosyl-ATP pyrophosphohydrolase-like	-0,50	-0,07	0,71			
FGSG_08841	IPR011419 ATP12, ATPase F1F0-assembly protein;IPR023335 ATPase assembly, ATP12, domain	-2,86	-0,35	0,71			+
FGSG_02210	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-3,35	-0,40	0,71			+
FGSG_11326	IPR000165 Glycoside hydrolase, family 15;IPR002044 Glycoside hydrolase, carbohydrate-binding;IPR008291 Glucan 1,4-alpha-glucosidase, starch-binding;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR011613 Glycoside hydrolase 15-related;IPR012341 Six-hairpin glycosidase;IPR013783 Immunoglobulin-like fold;IPR013784 Carbohydrate-binding-like fold;IPR015902 Alpha amylase	-0,87	-0,16	0,71			
FGSG_04312	IPR000194 ATPase, F1/V1/A1 complex, alpha/beta subunit, nucleotide-binding domain;IPR000793 ATPase, F1/V1/A1 complex, alpha/beta subunit, C-terminal;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR004100 ATPase, F1/V1/A1 complex, alpha/beta subunit, N-terminal;IPR005722 ATPase, F1 complex, beta subunit;IPR018118 ATPase, F1/A1 complex, alpha/beta subunit, N-terminal;IPR020003 ATPase, alpha/beta subunit, nucleotide-binding domain, active site;IPR024034 ATPase, F1 complex beta subunit/V1 complex, C-terminal	-0,44	-0,90	0,71			
FGSG_08078	IPR000120 Amidase;IPR015830 Amidase, fungi;IPR023631 Amidase signature domain	2,27	-0,18	0,72			+
FGSG_09998	IPR005474 Transketolase, N-terminal;IPR005475 Transketolase-like, pyrimidine-binding domain;IPR005476 Transketolase, C-terminal;IPR005478 Transketolase, bacterial-like;IPR009014 Transketolase, C-terminal/Pyruvate-ferreredoxin oxidoreductase, domain II;IPR015941 Transketolase-like, C-terminal;IPR020826 Transketolase binding site	-0,78	0,05	0,72			
FGSG_02040	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR005910 Histone acetyltransferase ELP3;IPR006638 Elongator protein 3/MiaB/NifB;IPR007197 Radical SAM;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase;IPR023404 Radical SAM, alpha/beta horseshoe	-1,24	-0,54	0,73			
FGSG_10325	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	2,98	-0,82	0,74			+
FGSG_12489	IPR002018 Carboxylesterase, type B;IPR019826 Carboxylesterase type B, active site	-0,32	-0,69	0,74			
FGSG_05236	IPR001567 Peptidase M3A/M3B;IPR024077 Neurolysin/Thimet oligopeptidase, domain 2;IPR024079 Metallopeptidase, catalytic domain;IPR024080 Neurolysin/Thimet oligopeptidase, N-terminal	-0,37	-0,30	0,74			

FGSG_12369	IPR000763 Catalase-peroxidase haem;IPR002016 Haem peroxidase, plant/fungal/bacterial;IPR010255 Haem peroxidase;IPR019793 Peroxidases haem-ligand binding site;IPR019794 Peroxidase, active site	0,57	-0,75	0,74		
FGSG_16779	IPR001330 Prenyltransferase/squalene oxidase;IPR008930 Terpenoid cyclases/protein prenyltransferase alpha-alpha toroid	-1,42	-0,70	0,74		
FGSG_07284	IPR001589 Actinin-type, actin-binding, conserved site;IPR001715 Calponin homology domain;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR014837 EF-hand, Ca insensitive;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018249 EF-HAND 2	-0,37	-0,24	0,75		
FGSG_09218	IPR003000 NAD-dependent deacetylase, sirtuin family;IPR017328 NAD-dependent deacetylase sirtuin-2, eukaryota	-1,46	-0,21	0,75		
FGSG_08077	IPR001155 NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, N-terminal;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	4,23	-1,85	0,76	+	+
FGSG_00872	IPR002618 UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase	-0,60	-0,12	0,76		
FGSG_10949	IPR000573 Aconitase A/isopropylmalate dehydratase small subunit, swivel;IPR001030 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha;IPR004418 Homoaconitase, mitochondrial;IPR015928 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase, swivel;IPR015931 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 1/3;IPR015932 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 2;IPR015937 Aconitase/isopropylmalate dehydratase;IPR018136 Aconitase family, 4Fe-4S cluster binding site	-1,95	-0,60	0,76	+	
FGSG_06925	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR019442 Domain of unknown function DUF2428, death-receptor-like	-1,29	-0,41	0,77		
FGSG_09432	IPR000717 Proteasome component (PCI) domain;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding	-0,40	-0,22	0,77		+
FGSG_07422	IPR001810 F-box domain, cyclin-like;IPR009976 Exocyst complex component Sec10;IPR022364 F-box domain, Skp2-like	-1,82	-1,95	0,77		
FGSG_16007	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR013890 Transcriptional repressor Tup1, N-terminal;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,29	0,11	0,77		+
FGSG_09364	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR002328 Alcohol dehydrogenase, zinc-type, conserved site;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	1,83	3,36	0,77		+
FGSG_15743	IPR000277 Cys/Met metabolism, pyridoxal phosphate-dependent enzyme;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,60	-0,20	0,77		
FGSG_07931	IPR007122 Gelsolin;IPR007123 Gelsolin domain	-1,62	-0,92	0,78		
FGSG_13946	IPR011766 Thiamine pyrophosphate enzyme, C-terminal TPP-binding;IPR012000 Thiamine pyrophosphate enzyme, central domain;IPR012001 Thiamine pyrophosphate enzyme, N-terminal TPP-binding domain;IPR012110 Pyruvate decarboxylase/indolepyruvate decarboxylase	-2,49	-0,33	0,78	+	+
FGSG_10284	IPR002937 Amine oxidase	-1,38	-0,91	0,78		
FGSG_00864	IPR003162 Transcription factor TAFII-31;IPR009072 Histone-fold	1,92	1,64	0,79	+	
FGSG_02785	IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR018253 Heat shock protein DnaJ, conserved site	-0,35	0,11	0,79		+
FGSG_16751	n.d.	-0,89	-0,24	0,79		
FGSG_09018	IPR019341 Alpha/gamma-adaptin-binding protein p34	-0,26	-0,85	0,79		
FGSG_01894	IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel	-0,70	-0,26	0,79		
FGSG_06822	IPR008631 Glycogen synthase	-0,47	0,24	0,79		

FGSG_00189	IPR005013 Oligosaccharyl transferase complex, subunit Wbp1	-0,20	0,23	0,79	
FGSG_03769	IPR001563 Peptidase S10, serine carboxypeptidase;IPR018202 Peptidase S10, serine carboxypeptidase, active site	-0,77	-0,92	0,79	
FGSG_02421	IPR008576 Protein of unknown function DUF858, methyltransferase-like	-0,51	-0,64	0,79	+
FGSG_10760	IPR016024 Armadillo-type fold;IPR019414 Domain of unknown function DUF2411	-1,70	-0,38	0,80	
FGSG_04408	IPR000999 Ribonuclease III;IPR001159 Double-stranded RNA-binding;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR005034 Dicer double-stranded RNA-binding fold;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase	2,03	0,01	0,80	+
FGSG_06307	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR015416 Zinc finger, H2C2-type, histone UAS binding;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	-1,88	0,50	0,80	+
FGSG_16174	IPR002921 Lipase, class 3	-1,09	-0,39	0,80	
FGSG_15911	IPR000795 Protein synthesis factor, GTP-binding;IPR004161 Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR015760 Translation initiation factor IF-2;IPR023115 Translation initiation factor IF-2, domain 3	-0,45	-0,27	0,80	+
FGSG_12975	IPR004918 Cdc37;IPR013855 Cdc37, N-terminal;IPR013873 Cdc37, C-terminal;IPR013874 Cdc37, Hsp90 binding	-1,01	-0,42	0,80	+
FGSG_09471	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70;IPR018181 Heat shock protein 70, conserved site	-0,38	0,03	0,80	+
FGSG_01900	IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013699 Signal recognition particle, SRP72 subunit, RNA-binding;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	-0,22	0,33	0,81	+
FGSG_09878	IPR001063 Ribosomal protein L22/L17;IPR005727 Ribosomal protein L22, bacterial-type	-2,42	-0,39	0,81	
FGSG_03816	IPR011042 Six-bladed beta-propeller, TolB-like;IPR013658 SMP-30/Gluconolactonase/LRE-like region	-0,99	-0,48	0,81	
FGSG_03853	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,05	-0,65	0,81	+
FGSG_10361	IPR001060 Fps/Fes/Fer/CIP4 homology;IPR001452 Src homology-3 domain;IPR002219 Protein kinase C-like, phorbol ester/diacylglycerol binding;IPR020454 Diacylglycerol/phorbol-ester binding	-0,47	-0,97	0,82	
FGSG_05224	IPR008429 Cleft lip and palate transmembrane 1	-0,42	0,58	0,82	
FGSG_09544	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,31	0,13	0,82	
FGSG_06260	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR010339 TIP49, C-terminal;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	1,17	0,99	0,82	+
FGSG_00359	IPR001373 Cullin, N-terminal;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR016158 Cullin homology;IPR016159 Cullin repeat-like-containing domain;IPR019559 Cullin protein, neddylation domain	-0,37	-0,06	0,83	
FGSG_16411	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR001245 Serine-threonine/tyrosine-protein kinase;IPR011009 Protein kinase-like domain	-0,62	-0,61	0,83	
FGSG_07940	IPR009448 UDP-glucose:Glycoprotein Glucosyltransferase	-0,83	-0,22	0,83	+
FGSG_16731	n.d.	-0,46	-0,34	0,83	+
FGSG_03069	IPR002220 Dihydrodipicolinate synthetase-like;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-0,38	0,21	0,83	
FGSG_01854	IPR000357 HEAT;IPR001494 Importin-beta, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,52	-0,16	0,84	+
FGSG_04911	IPR007266 Endoplasmic reticulum oxidoreductin 1	-0,27	0,10	0,84	
FGSG_07528	IPR001697 Pyruvate kinase;IPR011037 Pyruvate kinase-like, insert domain;IPR015793 Pyruvate kinase, barrel;IPR015794 Pyruvate kinase, alpha/beta;IPR015795 Pyruvate kinase, C-terminal;IPR015806 Pyruvate kinase, beta-barrel insert domain;IPR015813 Pyruvate/Phosphoenolpyruvate kinase;IPR018209 Pyruvate kinase, active site	-0,36	-0,03	0,84	+
FGSG_00800	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	2,29	1,21	0,84	+
FGSG_04366	IPR005613 Actin interacting protein 3;IPR022782 Actin interacting protein 3, C-terminal	0,67	-0,61	0,84	

FGSG_03116	n.d.	-0,87	-0,33	0,84	
FGSG_08761	IPR002313 Lysyl-tRNA synthetase, class II;IPR004364 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (D/K/N);IPR004365 Nucleic acid binding, OB-fold, tRNA/helicase-type;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR018149 Lysyl-tRNA synthetase, class II, C-terminal;IPR018150 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (D/K/N)-like	-0,23	0,14	0,85	+
FGSG_01337	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	1,40	-0,64	0,85	
FGSG_03163	IPR020946 Flavin monooxygenase-like	-1,37	-0,44	0,85	
FGSG_02441	IPR006102 Glycoside hydrolase, family 2, immunoglobulin-like beta-sandwich;IPR006103 Glycoside hydrolase, family 2, TIM barrel;IPR006104 Glycoside hydrolase, family 2, N-terminal;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013812 Glycoside hydrolase, family 2/20, immunoglobulin-like beta-sandwich domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,84	-0,24	0,85	+
FGSG_10995	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	0,66	-0,09	0,85	
FGSG_06009	IPR002300 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ia;IPR004493 Leucyl-tRNA synthetase, class Ia, archaeal/eukaryotic cytosolic;IPR009008 Valyl/Leucyl/Isoleucyl-tRNA synthetase, class Ia, editing domain;IPR009080 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ia, anticodon-binding;IPR013155 Valyl/Leucyl/Isoleucyl-tRNA synthetase, class I, anticodon-binding;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	-0,19	0,20	0,85	+
FGSG_13099	IPR000089 Biotin/lipoyl attachment;IPR003016 2-oxo acid dehydrogenase, lipoyl-binding site;IPR004167 E3 binding;IPR011053 Single hybrid motif	-0,68	-0,30	0,85	+
FGSG_16594	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR010080 Thioester reductase;IPR013120 Male sterility, NAD-binding;IPR014397 L-aminoacidopate-semialdehyde dehydrogenase, large subunit;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-0,62	-0,08	0,85	
FGSG_05181	IPR010326 Exocyst complex component Sec6	0,66	-0,59	0,85	
FGSG_09829	IPR013946 Nuclear control of ATP synthase 2	-0,83	-0,35	0,86	
FGSG_04282	IPR002646 Poly A polymerase, head domain	-0,58	-0,32	0,86	+
FGSG_09465	IPR002194 Chaperonin TCP-1, conserved site;IPR002423 Chaperonin Cpn60/TCP-1;IPR012718 T-complex protein 1, epsilon subunit;IPR017998 Chaperone, tailless complex polypeptide 1	-0,04	0,04	0,86	+
FGSG_09440	IPR000728 AIR synthase-related protein;IPR010073 Phosphoribosylformylglycinamide synthase;IPR010918 AIR synthase-related protein, C-terminal;IPR016188 PurM, N-terminal-like;IPR017926 Glutamine amidotransferase type 1	-0,47	-0,33	0,86	+
FGSG_08586	IPR000648 Oxysterol-binding protein;IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR002110 Ankyrin repeat;IPR011993 Pleckstrin homology-type;IPR018494 Oxysterol-binding protein, conserved site;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	-0,54	0,04	0,86	+
FGSG_16824	IPR001394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2;IPR002083 MATH;IPR008974 TRAF-like;IPR018200 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2, conserved site;IPR024729 Peptidase C19 domain	-0,23	0,15	0,86	+
FGSG_06156	n.d.	0,15	0,88	0,87	+
FGSG_01188	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR000961 AGC-kinase, C-terminal;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active	2,59	1,37	0,87	+

	site;IPRO11009 Protein kinase-like domain;IPRO17441 Protein kinase, ATP binding site;IPRO17442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPRO17892 Protein kinase, C-terminal;IPRO20635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain					
FGSG_05884	IPRO11989 Armadillo-like helical;IPRO13932 TATA-binding protein interacting (TIP20);IPRO16024 Armadillo-type fold	-0,23	0,02	0,87		+
FGSG_05387	IPRO11990 Tetratricopeptide-like helical;IPRO13026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPRO19734 Tetratricopeptide repeat;IPRO23231 GSKIP/TIF31 domain	-0,80	0,01	0,87		+
FGSG_01399	IPRO01680 WD40 repeat;IPRO11046 WD40 repeat-like-containing domain;IPRO15943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPRO17986 WD40-repeat-containing domain;IPRO19781 WD40 repeat, subgroup;IPRO19782 WD40 repeat 2;IPRO20472 G-protein beta WD-40 repeat	-0,65	-0,72	0,88		
FGSG_01604	IPRO01930 Peptidase M1, alanine aminopeptidase/leukotriene A4 hydrolase;IPRO14782 Peptidase M1, membrane alanine aminopeptidase, N-terminal	-0,52	0,11	0,88		+
FGSG_05038	IPRO01680 WD40 repeat;IPRO11046 WD40 repeat-like-containing domain;IPRO15943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPRO17252 Dynein regulator;IPRO17986 WD40-repeat-containing domain;IPRO19775 WD40 repeat, conserved site;IPRO19781 WD40 repeat, subgroup;IPRO19782 WD40 repeat 2;IPRO20472 G-protein beta WD-40 repeat	0,77	-0,11	0,88		+
FGSG_00921	IPRO01023 Heat shock protein Hsp70;IPRO13126 Heat shock protein 70;IPRO18181 Heat shock protein 70, conserved site	-0,42	0,11	0,88		+
FGSG_00489	IPRO02938 Monooxygenase, FAD-binding;IPRO03042 Aromatic-ring hydroxylase-like;IPRO12336 Thioredoxin-like fold;IPRO12941 Phenol hydroxylase, C-terminal dimerisation	-0,30	0,12	0,88		+
FGSG_00434	IPRO01849 Pleckstrin homology domain;IPRO11993 Pleckstrin homology-type	0,02	-0,11	0,88		+
FGSG_15956	IPRO01680 WD40 repeat;IPRO15943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPRO17986 WD40-repeat-containing domain;IPRO19781 WD40 repeat, subgroup;IPRO19782 WD40 repeat 2	-1,93	-0,73	0,88		
FGSG_09984	IPRO04651 Histidine biosynthesis, HisF;IPRO06062 Histidine biosynthesis;IPRO10139 Imidazole glycerol phosphate synthase, subunit H;IPRO11060 Ribulose-phosphate binding barrel;IPRO13785 Aldolase-type TIM barrel;IPRO14640 Imidazole glycerol phosphate synthase HisHF;IPRO17926 Glutamine amidotransferase type 1	-0,83	-0,13	0,89		+
FGSG_09311	IPRO01106 Phenylalanine/histidine ammonia-lyase;IPRO05922 Phenylalanine ammonia-lyase;IPRO08948 L-Aspartase-like;IPRO24083 L-Aspartase-like, N-terminal	-4,38	-0,21	0,89		+
FGSG_16586	IPRO00719 Protein kinase, catalytic domain;IPRO01789 Signal transduction response regulator, receiver domain;IPRO02290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPRO03594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPRO03661 Signal transduction histidine kinase, subgroup 1, dimerisation/phosphoacceptor domain;IPRO04358 Signal transduction histidine kinase-related protein, C-terminal;IPRO05467 Signal transduction histidine kinase, core;IPRO09082 Signal transduction histidine kinase, homodimeric;IPRO11006 CheY-like superfamily;IPRO11009 Protein kinase-like domain;IPRO11990 Tetratricopeptide-like helical;IPRO17442 Serine/threonine-protein kinase-like domain	-0,29	-1,19	0,89		
FGSG_11113	IPRO06045 Cupin 1;IPRO11051 Cupin, RmlC-type;IPRO14710 RmlC-like jelly roll fold;IPRO17774 Bicupin, oxalate decarboxylase/oxidase	-3,34	-1,39	0,89		
FGSG_02640	IPRO00449 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal;IPRO01394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2;IPRO01607 Zinc finger, UBP-type;IPRO09060 UBA-like;IPRO13083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPRO15940 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal, eukaryote;IPRO16652 Ubiquitinyl hydrolase;IPRO18200 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2, conserved site	-0,62	-0,06	0,89		+
FGSG_01216	IPRO07716 NPL4, zinc-binding putative;IPRO07717 Nuclear pore localisation protein NPL4;IPRO16563 Polyubiquitin-tagged protein recognition complex, Npl4 component	-0,23	-0,37	0,89		+
FGSG_08875	IPRO02650 Sulphate adenylyltransferase;IPRO02891 Adenylylsulphate kinase, C-terminal;IPRO14729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPRO15947 PUA-like domain	-0,69	-0,01	0,89		+
FGSG_01208	IPRO03593 ATPase, AAA+ type, core;IPRO03959 ATPase, AAA-type, core;IPRO08921 DNA	2,21	1,37	0,89		+

	polymerase III, clamp loader complex, gamma/delta/delta subunit, C-terminal;IPR013748 Replication factor C				
FGSG_06224	IPR012678 Ribosomal protein L23/L15e;IPR013025 Ribosomal protein L25/L23	-1,81	-0,12	0,89	+
FGSG_09383	IPR002935 O-methyltransferase, family 3	-3,12	-0,83	0,90	+ +
FGSG_01290	IPR002171 Ribosomal protein L2;IPR005880 Ribosomal protein L2, bacterial-type;IPR008991 Translation protein SH3-like;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR014722 Translation protein SH3-like, subgroup;IPR014726 Ribosomal protein L2, domain 3;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR022666 Ribosomal Proteins L2, RNA binding domain;IPR022669 Ribosomal protein L2, C-terminal;IPR022671 Ribosomal protein L2, conserved site	-2,94	-1,60	0,90	+
FGSG_03088	n.d.	-0,68	0,07	0,90	
FGSG_09704	IPR006421 Glycogen debranching enzyme, metazoa;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR010401 Amylo-alpha-1,6-glucosidase;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,83	0,06	0,90	
FGSG_06914	IPR002073 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase, catalytic domain;IPR003607 Metal-dependent phosphohydrolase, HD domain;IPR023174 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase, conserved site	-0,43	-1,14	0,91	
FGSG_05593	IPR003333 Mycolic acid cyclopropane synthase	-0,12	0,74	0,91	+
FGSG_01881	IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR024766 Zinc finger, RING-H2-type	-1,06	-0,32	0,91	
FGSG_03562	IPR005321 Peptidase S58, DmpA;IPR016117 Peptidase S58 DmpA/arginine biosynthesis protein ArgJ	-2,65	-0,10	0,91	+
FGSG_01248	IPR002314 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (G/H/ P/ S), conserved domain;IPR002320 Threonyl-tRNA synthetase, class IIa;IPR004095 TGS;IPR004154 Anticodon-binding;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II;IPR012675 Beta-grasp fold, ferredoxin-type;IPR012676 TGS-like;IPR012947 Threonyl/alanyl tRNA synthetase, SAD;IPR018163 Threonyl/alanyl tRNA synthetase, class II-like, putative editing domain	-0,21	0,14	0,91	+
FGSG_02701	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-1,61	-1,97	0,92	
FGSG_05507	IPR000577 Carbohydrate kinase, FGGY;IPR018484 Carbohydrate kinase, FGGY, N-terminal;IPR018485 Carbohydrate kinase, FGGY, C-terminal	-1,04	-0,19	0,92	+
FGSG_05117	IPR010422 Protein of unknown function DUF1014	-3,06	-0,91	0,92	+
FGSG_07169	IPR001494 Importin-beta, N-terminal;IPR005043 CAS/CSE, C-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR013713 Exportin/Importin, Cse1-like;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,35	0,00	0,92	+
FGSG_00766	IPR001440 Tetrapeptide TPR-1;IPR006636 Heat shock chaperonin-binding;IPR011990 Tetrapeptide-like helical;IPR013026 Tetrapeptide repeat-containing;IPR019734 Tetrapeptide repeat;IPR023114 Elongated TPR repeat-containing domain	-0,82	-0,23	0,93	+
FGSG_04273	IPR005570 RNA polymerase, Rpb8;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	-0,11	-0,81	0,93	+
FGSG_05276	IPR001494 Importin-beta, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,27	-0,03	0,93	+
FGSG_17384	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	-1,13	0,31	0,93	+
FGSG_07741	IPR001615 Delta-endotoxin CytB	-1,00	-0,29	0,93	
FGSG_00387	IPR005841 Alpha-D-phosphohexomutase superfamily;IPR005843 Alpha-D-phosphohexomutase, C-terminal;IPR005844 Alpha-D-phosphohexomutase, alpha/beta/alpha domain I;IPR005845 Alpha-D-phosphohexomutase, alpha/beta/alpha domain II;IPR005846 Alpha-D-phosphohexomutase, alpha/beta/alpha domain III;IPR016055 Alpha-D-phosphohexomutase, alpha/beta/alpha I/II/III;IPR016066 Alpha-D-phosphohexomutase, conserved site	-0,61	0,06	0,94	+
FGSG_06861	IPR000648 Oxysterol-binding protein;IPR018494 Oxysterol-binding protein, conserved site	0,09	0,13	0,94	+
FGSG_13892	IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,24	0,31	0,94	+
FGSG_17511	IPR000571 Zinc finger, CCCH-type	-0,16	0,20	0,94	

FGSG_03915	IPR023753 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, FAD/NAD(P)-binding domain	-0,30	-0,22	0,94			+
FGSG_08710	IPR00038 Cell division protein GTP binding	3,65	2,68	0,94	+	+	
FGSG_00833	IPR008803 Root hair defective 3 GTP-binding	-0,44	0,30	0,94			+
FGSG_01024	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	-0,08	-0,43	0,94			
FGSG_06053	IPR002937 Amine oxidase;IPR010795 Prenylcysteine lyase;IPR017046 Prenylcysteine oxidase	-0,64	-0,04	0,95			
FGSG_04554	IPR002312 Aspartyl/Asparaginyl-tRNA synthetase, class IIb;IPR004364 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (D/K/N);IPR004523 Aspartyl-tRNA synthetase, class IIb, archea/euk type;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR018150 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (D/K/N)-like	-0,37	0,22	0,95			+
FGSG_06889	IPR001129 Membrane-associated, eicosanoid/glutathione metabolism (MAPEG) protein;IPR023352 Membrane associated eicosanoid/glutathione metabolism-like domain	-2,18	-0,35	0,95			
FGSG_11398	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	1,37	-0,76	0,95	+		+
FGSG_00261	IPR011047 Quinonprotein alcohol dehydrogenase-like;IPR011678 Domain of unknown function DUF1620	-0,30	0,27	0,95			
FGSG_06843	IPR000795 Protein synthesis factor, GTP-binding;IPR004161 Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR009001 Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma, C-terminal;IPR015256 Translation initiation factor 2, gamma subunit, C-terminal	-0,21	0,03	0,95			+
FGSG_04819	IPR007325 Putative cyclase	-1,47	-1,89	0,95			
FGSG_08487	IPR007230 Peptidase S59, nucleoporin;IPR021967 Nuclear protein 96	1,50	1,01	0,95		+	
FGSG_00176	IPR000918 Isocitrate lyase/phosphorylmutase;IPR006254 Isocitrate lyase;IPR015813 Pyruvate/Phosphoenolpyruvate kinase;IPR018523 Isocitrate lyase/phosphorylmutase, conserved site	-2,02	-0,40	0,95	+		
FGSG_05173	IPR001130 Deoxyribonuclease, TatD-related;IPR015992 Deoxyribonuclease, TatD;IPR018228 Deoxyribonuclease, TatD-related, conserved site	-1,33	-1,74	0,96			
FGSG_11337	IPR002139 Ribokinase;IPR011611 Carbohydrate/purine kinase	0,24	-0,27	0,96			
FGSG_06628	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	-0,54	1,03	0,96			
FGSG_08509	IPR000022 Carboxyl transferase;IPR011762 Acetyl-coenzyme A carboxyltransferase, N-terminal;IPR011763 Acetyl-coenzyme A carboxyltransferase, C-terminal	-2,34	-0,41	0,96	+		+
FGSG_06644	IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR003095 Heat shock protein DnaJ;IPR004179 Sec63 domain;IPR018253 Heat shock protein DnaJ, conserved site	0,01	0,32	0,96			+
FGSG_07853	IPR001357 BRCT;IPR004274 NLI interacting factor;IPR011053 Single hybrid motif;IPR011947 FCP1-like phosphatase, phosphatase domain;IPR023214 HAD-like domain	-0,70	-0,44	0,96			+
FGSG_10148	IPR019680 Mediator complex, subunit Med1, metazoa/fungi	0,31	-0,49	0,96			
FGSG_06379	IPR001494 Importin-beta, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,02	-0,19	0,96			+
FGSG_05436	IPR008968 Clathrin adaptor, mu subunit, C-terminal;IPR011012 Longin-like;IPR022775 AP complex, mu/sigma subunit	0,50	0,31	0,97			+
FGSG_03703	IPR006047 Glycosyl hydrolase, family 13, catalytic domain;IPR006589 Glycosyl hydrolase, family 13, subfamily, catalytic domain;IPR013780 Glycosyl hydrolase, family 13, all-beta;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR015902 Alpha amylase;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-3,18	-1,31	0,97	+		
FGSG_08840	IPR002553 Clathrin/coatomer adaptor, adaptin-like, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR013040 Coatomer, gamma subunit, appendage, Ig-like subdomain;IPR013041 Coatomer/clathrin adaptor appendage, Ig-like subdomain;IPR014863 Coatomer, gamma subunit,	0,30	0,27	0,98			+

FGSG_10345	appendage;IPR015873 Clathrin alpha-adaptin/coatomer adaptor, appendage, C-terminal subdomain;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR017106 Coatomer, gamma subunit IPR001619 Sec1-like protein	-0,61	-0,47	0,98		+
FGSG_08917	IPR001251 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, C-terminal;IPR011074 Phosphatidylinositol transfer protein-like, N-terminal	0,18	-0,29	0,98		+
FGSG_06850	IPR001412 Aminoacyl-tRNA synthetase, class I, conserved site;IPR002300 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ia;IPR002303 Valyl-tRNA synthetase;IPR009008 Valyl/Leucyl/Isoleucyl-tRNA synthetase, class Ia, editing domain;IPR009080 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ia, anticodon-binding;IPR010978 tRNA-binding arm;IPR013155 Valyl/Leucyl/Isoleucyl-tRNA synthetase, class I, anticodon-binding;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR019499 Valyl-tRNA synthetase, class Ia, tRNA-binding arm	-0,42	-0,01	0,98		+
FGSG_08920	IPR000626 Ubiquitin;IPR001394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2;IPR018200 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2, conserved site;IPR019955 Ubiquitin supergroup	-0,26	0,01	0,98		+
FGSG_09454	IPR001494 Importin-beta, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,12	-0,01	0,98		+
FGSG_16677	IPR011766 Thiamine pyrophosphate enzyme, C-terminal TPP-binding;IPR012000 Thiamine pyrophosphate enzyme, central domain;IPR012001 Thiamine pyrophosphate enzyme, N-terminal TPP-binding domain	-0,89	-1,11	0,98		
FGSG_05169	IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	1,28	1,05	0,99	+	+
FGSG_01964	IPR001199 Cytochrome b5;IPR001609 Myosin head, motor domain;IPR004835 Fungal chitin synthase;IPR014876 DEK, C-terminal	-0,12	-0,27	0,99		+
FGSG_09783	IPR002015 Proteasome/cyclosome, regulatory subunit;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR016643 26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn1 subunit	-0,37	-0,17	0,99		+
FGSG_00500	IPR001312 Hexokinase;IPR019807 Hexokinase, conserved site;IPR022672 Hexokinase, N-terminal;IPR022673 Hexokinase, C-terminal	-0,72	0,26	0,99		+
FGSG_11814	IPR004584 Recombination/repair protein Rad50;IPR009053 Prefoldin	-1,29	0,41	0,99		
FGSG_00343	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR013905 Lethal giant larvae (Lgl)-like, C-terminal;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR019782 WD40 repeat 2	0,20	-0,04	1,00		+
FGSG_09687	n.d.	-0,60	0,57	1,00		
FGSG_10894	IPR001494 Importin-beta, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR013598 Exportin-1/Importin-beta-like;IPR014877 Exportin 1, C-terminal;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,08	-0,03	1,00		+
FGSG_00688	IPR002013 Synaptojanin, N-terminal	0,25	0,23	1,00		+
FGSG_05120	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	0,26	-0,66	1,00		
FGSG_04181	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR015688 Elongation Factor 3;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR021133 HEAT, type 2	-0,56	0,07	1,00		+
FGSG_05221	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR003248 Phosphoserine aminotransferase, subgroup;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR022278 Phosphoserine aminotransferase	-0,12	0,09	1,00		+
FGSG_00050	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	0,55	-1,42	1,00		
FGSG_01104	IPR002319 Phenylalanyl-tRNA synthetase;IPR004529 Phenylalanyl-tRNA synthetase, class IIc, alpha subunit;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II	-0,57	-0,13	1,01		+
FGSG_00665	IPR000571 Zinc finger, CCCH-type;IPR001269 tRNA-dihydrouridine synthase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR018517 tRNA-dihydrouridine synthase, conserved site	-0,99	-0,46	1,01		+

FGSG_13254	IPR000357 HEAT;IPR001494 Importin-beta, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,28	-0,02	1,01		+
FGSG_00499	IPR007676 Ribophorin I	0,07	0,19	1,01		+
FGSG_00608	IPR003342 Glycosyl transferase, family 39;IPR003608 MIR;IPR016093 MIR motif	-0,12	0,45	1,01		+
FGSG_16595	IPR005995 Phosphoglycerate mutase, 2,3-bisphosphoglycerate-independent;IPR006124 Metalloenzyme;IPR011258 BPG-independent PGAM, N-terminal;IPR017849 Alkaline phosphatase-like, alpha/beta/alpha;IPR017850 Alkaline-phosphatase-like, core domain	-0,71	0,09	1,01		+
FGSG_01279	IPR001282 Glucose-6-phosphate dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR019796 Glucose-6-phosphate dehydrogenase, active site;IPR022674 Glucose-6-phosphate dehydrogenase, NAD-binding;IPR022675 Glucose-6-phosphate dehydrogenase, C-terminal	-0,61	-0,10	1,01		+
FGSG_17651	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR010339 TIP49, C-terminal;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	0,90	0,91	1,01		+
FGSG_10903	IPR003338 ATPase, AAA-type, VAT, N-terminal;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site;IPR004201 Cell division protein 48, Cdc48, domain 2;IPR009010 Aspartate decarboxylase-like fold	1,12	0,98	1,02		+
FGSG_06576	IPR001278 Arginyl-tRNA synthetase, class Ia;IPR001412 Aminoacyl-tRNA synthetase, class I, conserved site;IPR005148 Arginyl tRNA synthetase, class Ia, N-terminal;IPR008909 DALR anticodon binding;IPR009080 Aminoacyl-tRNA synthetase, class Ia, anticodon-binding;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR015945 Arginyl-tRNA synthetase, class Ia, core	-0,34	-0,07	1,02		+
FGSG_06958	IPR002314 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (G/H/P/S), conserved domain;IPR002315 Glycyl-tRNA synthetase, alpha2 dimer;IPR004154 Anticodon-binding;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II	-0,28	0,13	1,02		+
FGSG_01314	IPR007783 Eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 7	-0,28	0,03	1,03		+
FGSG_02780	IPR002553 Clathrin/coatomer adaptor, adaptin-like, N-terminal;IPR011710 Coatomer, beta subunit, C-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR016460 Coatomer, beta subunit	0,28	0,31	1,03		+
FGSG_08946	IPR006710 Glycoside hydrolase, family 43;IPR023296 Glycosyl hydrolase family 43, five-bladed beta-propellor domain	-1,71	0,06	1,03		+
FGSG_02014	IPR001404 Heat shock protein Hsp90;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR019805 Heat shock protein Hsp90, conserved site;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold;IPR020575 Heat shock protein Hsp90, N-terminal	-0,26	0,10	1,04		+
FGSG_09543	IPR001965 Zinc finger, PHD-type;IPR011011 Zinc finger, FYVE/PHD-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR019786 Zinc finger, PHD-type, conserved site;IPR019787 Zinc finger, PHD-finger	-0,74	0,06	1,04		+
FGSG_16956	n.d.	-0,07	-0,66	1,04		+
FGSG_05054	IPR021773 Foie gras liver health family 1;IPR022233 TRAPP II complex, TRAPP C10	0,44	0,24	1,04		+
FGSG_13389	IPR001930 Peptidase M1, alanine aminopeptidase/leukotriene A4 hydrolase;IPR014782 Peptidase M1, membrane alanine aminopeptidase, N-terminal	-0,90	-0,26	1,05		+
FGSG_10362	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-1,40	-0,37	1,05	+	+
FGSG_01244	IPR003107 RNA-processing protein, HAT helix;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical	-0,19	-0,17	1,05		+
FGSG_05619	IPR000547 Clathrin, heavy chain/VPS, 7-fold repeat;IPR001473 Clathrin, heavy chain, propeller, N-terminal;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR016025 Clathrin, heavy chain, linker/propeller domain;IPR016341 Clathrin, heavy chain;IPR022365 Clathrin, heavy chain, propeller repeat	-0,25	-0,15	1,05		+
FGSG_12182	IPR005749 Ribosomal protein L15, bacterial-type;IPR021131 Ribosomal protein L18e/L15P	-1,89	-0,18	1,05		+
FGSG_10522	IPR004648 Tetrapeptide transporter, OPT1/isp4;IPR004813 Oligopeptide transporter OPT superfamily	-0,78	-0,56	1,05		+
FGSG_11228	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-terminal;IPR012132 Glucose-methanol-choline oxidoreductase	4,17	-3,98	1,05	+	+

FGSG_05144	IPR008580 Domain of unknown function DUF862, eukaryotic;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR013535 PUL;IPR013766 Thioredoxin domain;IPR017937 Thioredoxin, conserved site	-0,83	-1,03	1,06		
FGSG_06799	IPR004859 Putative 5-3 exonuclease;IPR016494 5'-3' exoribonuclease 1	-0,13	0,22	1,06		+
FGSG_07939	IPR001680 WD40 repeat;IPR006692 Coatomer, WD associated region;IPR010714 Coatomer, alpha subunit, C-terminal;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR011047 Quinonprotein alcohol dehydrogenase-like;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR016391 Coatomer, alpha subunit;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,18	0,14	1,06		+
FGSG_07538	IPR001466 Beta-lactamase-related;IPR009090 D-aminopeptidase, middle/C-terminal;IPR012338 Beta-lactamase/transpeptidase-like;IPR012857 Peptidase S12, aminopeptidase DmpB, domain C	-1,28	0,06	1,06	+	+
FGSG_12901	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	0,44	0,40	1,07		+
FGSG_01612	IPR000547 Clathrin, heavy chain/VPS, 7-fold repeat;IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR016528 Vacuolar protein sorting-associated protein 11;IPR024763 Vacuolar protein sorting protein 11, C-terminal	0,90	0,12	1,07		+
FGSG_03568	IPR001077 O-methyltransferase, family 2;IPR016461 O-methyltransferase, COMT, eukaryota	0,73	0,30	1,07		+
FGSG_07849	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,49	0,34	1,07		+
FGSG_17540	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,47	0,38	1,07	+	
FGSG_00443	IPR006840 ChaC-like protein;IPR013024 Butirosin biosynthesis, BtrG-like	-2,28	-1,16	1,07	+	+
FGSG_04582	IPR000924 Glutamyl/glutaminyl-tRNA synthetase, class Ib;IPR001412 Aminoacyl-tRNA synthetase, class I, conserved site;IPR004526 Glutamyl-tRNA synthetase, class Ib, archaeal/eukaryotic cytosolic;IPR011035 Ribosomal protein L25/Gln-tRNA synthetase, anti-codon-binding domain;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR020056 Ribosomal protein L25/Gln-tRNA synthetase, beta-barrel domain;IPR020058 Glutamyl/glutaminyl-tRNA synthetase, class Ib, catalytic domain;IPR020059 Glutamyl/glutaminyl-tRNA synthetase, class Ib, anti-codon binding domain;IPR020061 Glutamyl/glutaminyl-tRNA synthetase, class Ib, alpha-bundle domain	-0,50	-0,04	1,07		+
FGSG_08192	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	-0,47	0,15	1,07		
FGSG_05973	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,24	0,07	1,08		+
FGSG_10819	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70	-0,19	0,14	1,08		+
FGSG_09417	IPR004879 Domain of unknown function DUF255;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR012341 Six-hairpin glycosidase	-0,63	-0,61	1,08		+
FGSG_05431	IPR004531 Phenylalanyl-tRNA synthetase, class IIc, beta subunit, archae/euk cytosolic;IPR005146 B3/B4 tRNA-binding domain;IPR005147 tRNA synthetase, B5-domain;IPR009061 DNA binding domain, putative;IPR020825 Phenylalanyl-tRNA synthetase, B3/B4	-0,20	-0,09	1,08		+
FGSG_04361	IPR006849 IK13;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	-1,85	0,16	1,09	+	+
FGSG_06749	IPR012879 Protein of unknown function DUF1682	-0,41	0,35	1,09		+
FGSG_01097	IPR002483 Splicing factor PWI	-1,00	-0,05	1,09		+
FGSG_09528	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR017871 ABC transporter, conserved site	-0,10	0,22	1,09		+
FGSG_03666	IPR003673 CoA-transferase family III;IPR023606 CoA-transferase family III domain	-0,47	-0,12	1,09		+
FGSG_06130	n.d.	-0,78	-0,98	1,09		

FGSG_01899	IPR000904 SEC7-like;IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011993 Pleckstrin homology-type;IPR023394 SEC7-like, alpha orthogonal bundle	0,49	-0,08	1,09			+
FGSG_08834	IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel;IPR013097 Stress responsive alpha-beta barrel	-1,19	0,03	1,10			+
FGSG_00780	IPR000286 Histone deacetylase superfamily;IPR003084 Histone deacetylase;IPR023801 Histone deacetylase domain	-0,24	-0,35	1,10			
FGSG_12373	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-1,96	-0,43	1,10			
FGSG_09616	IPR001373 Cullin, N-terminal;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR016157 Cullin, conserved site;IPR016158 Cullin homology;IPR016159 Cullin repeat-like-containing domain;IPR019559 Cullin protein, neddylation domain	-0,43	-0,04	1,10			+
FGSG_03256	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR018170 Aldo/keto reductase, conserved site;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-1,39	0,75	1,10			+
FGSG_07172	IPR000375 Dynamin central domain;IPR001401 Dynamin, GTPase domain;IPR003130 Dynamin GTPase effector;IPR019762 Dynamin, GTPase region, conserved site;IPR020850 GTPase effector domain, GED;IPR022812 Dynamin	0,12	0,05	1,10			+
FGSG_06353	IPR011042 Six-bladed beta-propeller, TolB-like;IPR011387 Translation initiation factor 2A;IPR013979 Translation initiation factor 2A, beta propellor-like domain	0,32	0,86	1,11			+
FGSG_01463	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR005120 Regulator of nonsense-mediated decay, UPF3;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,26	0,68	1,11			+
FGSG_06659	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR013598 Exportin-1/Importin-beta-like;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,38	-0,03	1,12			+
FGSG_01212	IPR020795 Origin recognition complex, subunit 3	-3,35	-1,09	1,12		+	+
FGSG_09786	IPR001094 Flavodoxin;IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR001709 Flavoprotein pyridine nucleotide cytochrome reductase;IPR003097 FAD-binding, type 1;IPR008254 Flavodoxin/nitric oxide synthase;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel;IPR023173 NADPH-cytochrome p450 reductase, FAD-binding, alpha-helical domain-3	0,36	0,13	1,12			+
FGSG_01197	IPR015362 Exon junction complex, Pym	-1,49	0,44	1,12			
FGSG_13881	IPR006710 Glycoside hydrolase, family 43;IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase;IPR013320 Concanavalin A-like lectin/glucanase, subgroup;IPR023296 Glycosyl hydrolase family 43, five-bladed beta-propellor domain	-1,55	-0,18	1,12		+	+
FGSG_07294	IPR001656 Pseudouridine synthase, TruD;IPR011760 Pseudouridine synthase, TruD, insertion domain;IPR017091 Pseudouridine synthase TruD, eukaryotic;IPR020103 Pseudouridine synthase, catalytic domain	-0,01	-0,30	1,12			
FGSG_12747	IPR007400 PrpF protein	-2,89	-2,73	1,12		+	+
FGSG_08739	IPR001464 Annexin;IPR018502 Annexin repeat	1,99	1,89	1,13			+
FGSG_04384	IPR002314 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (G/H/P/S), conserved domain;IPR002317 Seryl-tRNA synthetase, class IIa;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II;IPR010978 tRNA-binding arm;IPR015866 Seryl-tRNA synthetase, class IIa, N-terminal	-2,14	-2,38	1,13		+	+
FGSG_08127	n.d.	-1,83	-0,85	1,13			
FGSG_00165	IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR010905 Glycosyl hydrolase, family 88;IPR012341 Six-hairpin glycosidase	-2,54	-1,07	1,13		+	+
FGSG_01439	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,57	-0,15	1,13			
FGSG_06405	IPR001611 Leucine-rich repeat;IPR003591 Leucine-rich repeat, typical subtype	-0,50	-0,29	1,13			+
FGSG_16745	IPR001683 Phox homologous domain;IPR015404 Vps5 C-terminal	0,27	0,19	1,13			+
FGSG_02768	IPR012664 Conserved hypothetical protein CHP02452;IPR019261 Domain of unknown function DUF2263	-0,68	-1,49	1,14			
FGSG_06116	IPR004015 SKI-interacting protein SKIP, SNW domain;IPR017862 SKI-interacting protein, SKIP	-0,05	-0,15	1,14			+
FGSG_02075	IPR000683 Oxidoreductase, N-terminal;IPR004104 Oxidoreductase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,77	0,23	1,14			+
FGSG_08935	IPR003342 Glycosyl transferase, family 39;IPR003608 MIR;IPR016093 MIR motif	-0,20	0,23	1,14			+

FGSG_07087	IPR003956 Transcription factor, NFYB/HAP3, conserved site;IPR003957 Transcription factor, CBFA/NFYB, DNA topoisomerase;IPR003958 Transcription factor CBF/NF-Y/archaeal histone;IPR009072 Histone-fold	3,75	1,92	1,14	+	
FGSG_01285	IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,76	-0,92	1,15		+
FGSG_09534	n.d.	1,74	-0,15	1,15		
FGSG_00874	IPR004000 Actin-like;IPR004001 Actin, conserved site	0,24	0,40	1,15		+
FGSG_01886	IPR006569 RNA polymerase II, large subunit, CTD;IPR006903 Domain of unknown function DUF618;IPR008942 ENTH/VHS	1,34	-0,39	1,15		+
FGSG_05586	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	-0,80	-1,25	1,15		
FGSG_02170	IPR001223 Glycoside hydrolase, family 18, catalytic domain;IPR001579 Glycoside hydrolase, chitinase active site;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,06	-0,05	1,16		+
FGSG_08334	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,75	-0,27	1,17		+
FGSG_11690	n.d.	-0,54	0,43	1,17		
FGSG_00491	IPR001580 Calreticulin/calnexin;IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase;IPR009033 Calreticulin/calnexin, P;IPR013320 Concanavalin A-like lectin/glucanase, subgroup;IPR018124 Calreticulin/calnexin, conserved site	-0,15	0,09	1,17		+
FGSG_00200	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-terminal;IPR012132 Glucose-methanol-choline oxidoreductase	0,36	-0,18	1,17		+
FGSG_10016	IPR001452 Src homology-3 domain;IPR001660 Sterile alpha motif domain;IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011510 Sterile alpha motif, type 2;IPR011993 Pleckstrin homology-type;IPR013761 Sterile alpha motif/pointed domain	2,35	0,33	1,17		+
FGSG_02783	IPR013216 Methyltransferase type 11;IPR013705 Sterol methyltransferase C-terminal	0,93	0,41	1,18		+
FGSG_01699	IPR003701 DNA repair exonuclease;IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR007281 Mre11, DNA-binding	1,36	0,00	1,18	+	+
FGSG_12357	IPR006151 Quinate/shikimate 5-dehydrogenase/glutamyl-tRNA reductase;IPR013708 Shikimate dehydrogenase substrate binding, N-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,58	-0,54	1,18		
FGSG_09747	n.d.	-0,05	0,45	1,19		+
FGSG_05541	IPR001240 N-(5'-phosphoribosyl)anthranilate isomerase (PRAI);IPR006220 Anthranilate synthase component II/delta crystallin;IPR006221 Anthranilate synthase, glutamine amidotransferase;IPR011060 Ribulose-phosphate binding barrel;IPR011702 Glutamine amidotransferase superfamily;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR013798 Indole-3-glycerol phosphate synthase;IPR016302 Anthranilate synthase, component II, fungi;IPR017926 Glutamine amidotransferase type 1	1,38	0,41	1,19	+	+
FGSG_00389	IPR000683 Oxidoreductase, N-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,90	-1,88	1,19		+
FGSG_13319	IPR001510 Zinc finger, PARP-type	1,47	1,72	1,19	+	+
FGSG_08845	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	-0,58	-1,05	1,20		
FGSG_15738	IPR021850 Protein of unknown function DUF3453	1,46	1,67	1,20		+
FGSG_03979	IPR019412 Outer membrane protein, IML2, mitochondrial/Tetratricopeptide repeat protein 39	-0,17	-0,59	1,20		+
FGSG_09217	IPR003958 Transcription factor CBF/NF-Y/archaeal histone;IPR009072 Histone-fold	-1,24	0,81	1,20		
FGSG_16837	IPR001223 Glycoside hydrolase, family 18, catalytic domain;IPR011583 Chitinase II;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,44	-1,34	1,20		
FGSG_05128	IPR002220 Dihydrodipicolinate synthetase-like;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-0,22	0,22	1,20		

FGSG_01220	IPR003029 Ribosomal protein S1, RNA-binding domain;IPR005576 RNA polymerase Rpb7, N-terminal;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like	2,02	1,03	1,20	+	+
FGSG_08656	IPR000697 EVH1;IPR003124 Actin-binding WH2;IPR011993 Pleckstrin homology-type	-0,09	0,98	1,21		+
FGSG_01293	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	0,62	-0,70	1,21		
FGSG_10282	IPR002495 Glycosyl transferase, family 8	-1,98	2,27	1,21		
FGSG_06912	IPR001394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2;IPR006615 Peptidase C19, ubiquitin-specific peptidase, DUSP domain;IPR018200 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2, conserved site	0,29	-0,19	1,21		+
FGSG_05777	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR011400 Translation initiation factor eIF-3b;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait;IPR013979 Translation initiation factor 2A, beta propeller-like domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	-0,34	0,06	1,21		+
FGSG_07659	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase	-4,03	0,51	1,21		
FGSG_06045	IPR000717 Proteasome component (PCI) domain;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR013143 PCI/PINT associated module;IPR013586 26S proteasome regulatory subunit, C-terminal	-0,31	0,04	1,21		+
FGSG_06402	n.d.	2,36	0,73	1,21	+	
FGSG_02544	IPR000717 Proteasome component (PCI) domain;IPR008905 Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 8, N-terminal;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding	-0,23	0,14	1,21		+
FGSG_10205	IPR001365 Adenosine/AMP deaminase	-0,50	-0,52	1,21		+
FGSG_08688	IPR000089 Biotin/lipoyl attachment;IPR005479 Carbamoyl-phosphate synthetase, large subunit, ATP-binding;IPR005481 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, N-terminal;IPR005482 Biotin carboxylase, C-terminal;IPR011053 Single hybrid motif;IPR011054 Rudiment single hybrid motif;IPR011761 ATP-grasp fold;IPR011764 Biotin carboxylation domain;IPR013815 ATP-grasp fold, subdomain 1;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR013817 Pre-ATP-grasp fold;IPR016185 PreATP-grasp-like fold	-2,34	-0,22	1,22	+	+
FGSG_02168	IPR005814 Aminotransferase class-III;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-1,86	-0,38	1,22		+
FGSG_16580	IPR009080 Aminoacyl-tRNA synthetase, class 1a, anticodon-binding;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR015273 CysteinyI-tRNA synthetase, class 1a, DALR;IPR015803 CysteinyI-tRNA synthetase, class 1a	-0,39	0,32	1,22		+
FGSG_10837	IPR001406 Pseudouridine synthase I, TruA;IPR020094 Pseudouridine synthase I, TruA, N-terminal;IPR020095 Pseudouridine synthase I, TruA, C-terminal;IPR020097 Pseudouridine synthase I, TruA, alpha/beta domain;IPR020103 Pseudouridine synthase, catalytic domain	-1,89	-1,04	1,22		
FGSG_16839	IPR002015 Proteasome/cyclosome, regulatory subunit;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR016642 26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	-0,22	-0,07	1,22		+
FGSG_04944	IPR008672 Mitotic checkpoint	1,14	1,02	1,22		+
FGSG_06301	IPR007528 RINT-1/TIP-1	0,45	0,37	1,22		+
FGSG_05978	IPR000449 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal;IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR009060 UBA-like;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR015940 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal, eukaryote	2,02	1,63	1,23		+
FGSG_02781	IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR012961 DSH, C-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR016438 RNA helicase, ATP-dependent, SK12/DOB1	-0,63	-0,46	1,23		+
FGSG_12866	IPR001394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2;IPR018200 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2, conserved site	-0,50	-0,13	1,23		+
FGSG_09589	IPR000573 Aconitase A/isopropylmalate dehydratase small subunit, swivel;IPR001030 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha;IPR004430 3-isopropylmalate dehydratase, large	-0,80	0,40	1,23		+

	subunit;IPR004431 3-isopropylmalate dehydratase, small subunit;IPR012235 3-isopropylmalate dehydratase, fused small/large subunit;IPR015928 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase, swivel;IPR015931 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 1/3;IPR015932 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase large subunit, alpha/beta/alpha, subdomain 2;IPR015936 Homoaconitase/3-isopropylmalate dehydratase, small/large subunit;IPR015937 Aconitase/isopropylmalate dehydratase;IPR018136 Aconitase family, 4Fe-4S cluster binding site								
FGSG_02220	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-3,75	-0,84	1,23			+	+	
FGSG_02595	IPR001619 Sec1-like protein	0,28	-0,63	1,24				+	
FGSG_08797	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,46	-0,24	1,24			+	+	
FGSG_17089	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase;IPR006181 D-amino acid oxidase, conserved site;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR023209 D-amino-acid oxidase	-1,13	-0,78	1,24					
FGSG_07141	IPR000225 Armadillo;IPR002652 Importin-alpha, importin-beta-binding domain;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,19	-0,01	1,24				+	
FGSG_04298	IPR003347 Transcription factor jumonji/aspartyl beta-hydroxylase;IPR015915 Kelch-type beta propeller;IPR021121 Leucine carboxyl methyltransferase, eukaryotic	-0,20	-1,19	1,25					
FGSG_15678	IPR019019 H-type lectin domain	0,58	-0,06	1,25				+	
FGSG_06181	IPR004087 K Homology;IPR004088 K Homology, type 1;IPR018111 K Homology, type 1, subgroup	0,82	0,54	1,25				+	
FGSG_07268	IPR004887 Glutathione synthase, substrate-binding, eukaryotic;IPR005615 Glutathione synthase, eukaryotic;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR014042 Glutathione synthase, alpha-helical, eukaryotic;IPR014049 Glutathione synthase, N-terminal, eukaryotic;IPR014709 Glutathione synthase, C-terminal, eukaryotic;IPR016185 PreATP-grasp-like fold	-0,58	-0,49	1,25				+	
FGSG_02937	IPR013595 Peptidase S33 tripeptidyl aminopeptidase-like, C-terminal	-0,11	-0,37	1,25				+	
FGSG_05301	IPR003194 Transcription initiation factor IIA, gamma subunit;IPR009083 Transcription factor IIA, helical;IPR009088 Transcription factor IIA, beta-barrel;IPR015871 Transcription initiation factor IIA, gamma subunit, C-terminal;IPR015872 Transcription initiation factor IIA, gamma subunit, N-terminal	1,58	1,61	1,25			+	+	+
FGSG_01072	IPR018531 Domain of unknown function DUF1993	-2,33	0,09	1,25			+	+	
FGSG_10820	n.d.	-0,01	-0,03	1,25				+	
FGSG_06642	IPR002123 Phospholipid/glycerol acyltransferase;IPR004552 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase	0,02	0,64	1,26				+	
FGSG_10078	n.d.	0,57	-0,68	1,26				+	
FGSG_09855	IPR000277 Cys/Met metabolism, pyridoxal phosphate-dependent enzyme;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,67	-0,52	1,26				+	
FGSG_04451	IPR009011 Mannose-6-phosphate receptor, binding;IPR012913 Glucosidase II beta subunit-like	0,19	-0,22	1,26					
FGSG_05530	IPR003338 ATPase, AAA-type, VAT, N-terminal;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site;IPR004201 Cell division protein 48, Cdc48, domain 2;IPR005938 ATPase, AAA-type, CDC48;IPR009010 Aspartate decarboxylase-like fold	-0,32	-0,02	1,26				+	
FGSG_04279	IPR000904 SEC7-like;IPR023394 SEC7-like, alpha orthogonal bundle	-0,12	-0,14	1,26				+	
FGSG_02774	IPR001440 Tetra tricopeptide TPR-1;IPR008940 Protein prenyltransferase;IPR011717 Tetra tricopeptide TPR-4;IPR011990 Tetra tricopeptide-like helical;IPR013026 Tetra tricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetra tricopeptide repeat;IPR021183 Alpha-acetyltransferase 15, NatA	-0,17	0,28	1,26				+	

FGSG_06211	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site	-1,49	-0,93	1,26		
FGSG_08476	n.d.	-0,64	-0,26	1,26		+
FGSG_08548	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70	0,35	0,37	1,27		+
FGSG_03475	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-terminal;IPR012132 Glucose-methanol-choline oxidoreductase	-2,33	0,07	1,27	+	+
FGSG_17193	IPR000640 Translation elongation factor EFG/EF2, C-terminal;IPR000795 Protein synthesis factor, GTP-binding;IPR004161 Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR005517 Translation elongation factor EFG/EF2, domain IV;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR009022 Elongation factor G/III/V;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	0,10	-0,42	1,27		+
FGSG_05417	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR003954 RNA recognition motif domain, eukaryote;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	4,61	3,17	1,27	+	+
FGSG_13370	IPR019410 Nicotinamide N-methyltransferase, putative	-2,71	0,75	1,27	+	
FGSG_03259	IPR015904 Sulphide quinone-reductase;IPR023753 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, FAD/NAD(P)-binding domain	-1,08	-0,53	1,27		+
FGSG_00633	IPR000569 HECT;IPR010309 E3 ubiquitin ligase, domain of unknown function DUF908;IPR010314 E3 ubiquitin ligase, domain of unknown function DUF913	-0,29	-0,30	1,27		+
FGSG_00480	IPR001680 WD40 repeat;IPR002130 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015891 Cyclophilin-like;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020892 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type, conserved site	0,53	-1,69	1,27		
FGSG_00538	IPR002995 Surfeit locus 4	0,46	0,78	1,27		+
FGSG_10850	IPR006994 Basic helix-loop-helix, Nulp1-type	1,66	0,31	1,27	+	
FGSG_12407	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	0,10	-0,57	1,27		+
FGSG_05327	IPR002942 RNA-binding S4;IPR018079 Ribosomal protein S4, conserved site;IPR022801 Ribosomal protein S4/S9	-2,41	-0,97	1,27	+	+
FGSG_07328	IPR015172 MIF4G-like, type 1;IPR015174 MIF4G-like, type 2;IPR016021 MIF4-like, type 1/2/3;IPR016024 Armadillo-type fold	0,02	-0,11	1,27		+
FGSG_07467	IPR002164 Nucleosome assembly protein (NAP)	0,01	0,22	1,28		+
FGSG_08445	IPR004971 mRNA capping enzyme, large subunit;IPR016899 mRNA (guanine-N(7))-methyltransferase	0,31	0,63	1,28		+
FGSG_16217	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,22	0,57	1,29		+
FGSG_05686	IPR012580 NUC153	-0,86	-0,89	1,29		+
FGSG_09011	IPR004823 TATA box binding protein associated factor (TAF);IPR009072 Histone-fold;IPR011442 Domain of unknown function DUF1546	1,92	1,42	1,29	+	+
FGSG_04836	IPR001509 NAD-dependent epimerase/dehydratase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,68	-1,29	1,29		+
FGSG_17550	IPR001117 Multicopper oxidase, type 1;IPR002355 Multicopper oxidase, copper-binding site;IPR008972 Cupredoxin;IPR011706 Multicopper oxidase, type 2;IPR011707 Multicopper oxidase, type 3	-4,48	-0,36	1,29	+	
FGSG_16958	IPR001461 Peptidase A1;IPR001969 Peptidase aspartic, active site;IPR009007 Peptidase aspartic, catalytic;IPR021109 Peptidase aspartic	-0,58	0,11	1,29		+
FGSG_07237	IPR000717 Proteasome component (PCI) domain	-0,23	0,21	1,29		+
FGSG_00224	IPR018712 Domain of unknown function DUF2235	-3,69	0,46	1,29	+	
FGSG_09157	IPR001683 Phox homologous domain;IPR004148 BAR	0,12	0,18	1,29		+
FGSG_09750	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR021133 HEAT, type 2;IPR022577 Tubulin-specific chaperone D, C-terminal	-0,31	-0,12	1,30		+
FGSG_06384	IPR006895 Zinc finger, Sec23/Sec24-type;IPR006896 Sec23/Sec24, trunk domain;IPR006900 Sec23/Sec24, helical	1,38	1,16	1,30	+	+

	domain;IPR007123 Gelsolin domain;IPR012990 Sec23/Sec24 beta-sandwich					
FGSG_04547	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold	-0,68	-0,12	1,30		+
FGSG_15824	IPR000194 ATPase, F1/V1/A1 complex, alpha/beta subunit, nucleotide-binding domain;IPR000793 ATPase, F1/V1/A1 complex, alpha/beta subunit, C-terminal;IPR004100 ATPase, F1/V1/A1 complex, alpha/beta subunit, N-terminal;IPR005294 ATPase, F1 complex, alpha subunit;IPR018118 ATPase, F1/A1 complex, alpha/beta subunit, N-terminal;IPR020003 ATPase, alpha/beta subunit, nucleotide-binding domain, active site;IPR023366 ATPase, F1/A1 complex, alpha subunit, N-terminal	-0,94	-0,77	1,30		+
FGSG_00710	IPR000014 PAS;IPR000679 Zinc finger, GATA-type;IPR013088 Zinc finger, NHR/GATA-type;IPR013655 PAS fold-3	3,37	1,98	1,30		+
FGSG_05713	IPR001926 Pyridoxal phosphate-dependent enzyme, beta subunit;IPR004450 Threonine synthase	-0,42	0,07	1,30		+
FGSG_08448	IPR011021 Arrestin-like, N-terminal;IPR011022 Arrestin-like, C-terminal;IPR014756 Immunoglobulin E-set	-0,31	1,16	1,31		+
FGSG_17003	IPR013904 RXT2-like, N-terminal	1,37	1,72	1,31		+
FGSG_06599	IPR002882 LPPG:FO 2-phospho-L-lactate transferase CofD/UPF0052	-1,71	-0,12	1,31		+
FGSG_09689	IPR000011 Ubiquitin/SUMO-activating enzyme E1;IPR000127 Ubiquitin-activating enzyme repeat;IPR000594 UBA/THIF-type NAD/FAD binding fold;IPR009036 Molybdenum cofactor biosynthesis, MoeB;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018074 Ubiquitin-activating enzyme, E1, active site;IPR018075 Ubiquitin-activating enzyme, E1;IPR018965 Ubiquitin-activating enzyme e1, C-terminal;IPR019572 Ubiquitin-activating enzyme;IPR023280 Ubiquitin-like 1 activating enzyme, catalytic cysteine domain	-0,36	-0,12	1,31		+
FGSG_08449	IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011993 Pleckstrin homology-type	-0,23	1,20	1,31		+
FGSG_16098	IPR002575 Aminoglycoside phosphotransferase;IPR011009 Protein kinase-like domain	0,42	-0,50	1,31		+
FGSG_01713	IPR011059 Metal-dependent hydrolase, composite domain;IPR013108 Amidohydrolase 3	-1,18	-0,05	1,32		+
FGSG_07484	IPR002728 Diphthamide synthesis, DPH1/DHP2;IPR010014 Diphthamide synthesis, DHP2	-0,75	0,00	1,32		+
FGSG_05105	IPR003395 RecF/RecN/SMC;IPR010935 SMCs flexible hinge	1,51	0,40	1,32		+
FGSG_09238	IPR018829 Domain of unknown function DUF2433	0,65	0,77	1,32		+
FGSG_08873	IPR001727 Uncharacterised protein family UPF0016	-0,17	0,07	1,33		+
FGSG_09019	IPR001356 Homeobox;IPR009057 Homeodomain-like;IPR012287 Homeodomain-related;IPR017970 Homeobox, conserved site	-0,41	-0,55	1,33		+
FGSG_09564	IPR001870 B30.2/SPRY domain;IPR003877 SPLa/Ryanodine receptor SPRY;IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase;IPR018355 SPLa/Ryanodine receptor subgroup	-1,56	0,32	1,33		+
FGSG_06170	n.d.	0,04	0,66	1,34		+
FGSG_13626	IPR002905 N2,N2-dimethylguanosine tRNA methyltransferase	-0,88	-0,84	1,34		+
FGSG_06039	IPR013650 ATP-grasp fold, succinyl-CoA synthetase-type;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR016102 Succinyl-CoA synthetase-like	-0,68	0,37	1,34		+
FGSG_06329	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	-0,90	-1,57	1,34		+
FGSG_07432	IPR002553 Clathrin/coatomer adaptor, adaptin-like, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR017105 Adaptor protein complex AP-3, delta subunit	-0,70	-0,31	1,34		+
FGSG_17463	IPR002155 Thiolase;IPR016039 Thiolase-like	-2,46	0,04	1,34		+
FGSG_05843	IPR001672 Phosphoglucose isomerase (PGI);IPR018189 Phosphoglucose isomerase, conserved site;IPR023096 Phosphoglucose isomerase, C-terminal	-0,59	0,14	1,34		+
FGSG_07558	IPR009104 Sea anemone cytolysin;IPR009960 Fungal fruit body lectin;IPR015926 Cytolysin/lectin	-7,02	0,51	1,34		+
FGSG_04309	IPR001017 Dehydrogenase, E1 component;IPR005475 Transketolase-like, pyrimidine-binding domain;IPR011603 2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	-1,23	-0,45	1,34		+
FGSG_17186	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR001772 Kinase-associated KA1;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP	0,64	0,81	1,34		+

	binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain					
FGSG_02191	IPR007245 Gpi16 subunit, GPI transamidase component	-0,51	-0,34	1,34		+
FGSG_07441	IPR024722 BIG/ATPase V1 complex, subunit S1	0,04	-0,66	1,35		+
FGSG_02536	IPR000555 Mov34/MPN/PAD-1;IPR012591 Pre-mRNA-processing-splicing factor 8;IPR012592 PROCN;IPR012984 PRO, C-terminal;IPR019580 Pre-mRNA-processing-splicing factor 8, U6-snRNA-binding;IPR019581 Pre-mRNA-processing-splicing factor 8, U5-snRNA-binding;IPR019582 RNA recognition motif, spliceosomal PrP8;IPR021983 PRP8 domain IV core	0,20	-0,10	1,35		+
FGSG_06246	IPR001844 Chaperonin Cpn60;IPR002423 Chaperonin Cpn60/TCP-1;IPR018370 Chaperonin Cpn60, conserved site	-1,34	-0,24	1,35	+	+
FGSG_01665	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR013258 Striatin, N-terminal;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,34	-0,16	1,35		+
FGSG_01182	IPR003958 Transcription factor CBF/NF-Y/archaeal histone;IPR009072 Histone-fold	3,53	3,06	1,36	+	+
FGSG_15784	IPR001891 Malic oxidoreductase;IPR012301 Malic enzyme, N-terminal;IPR012302 Malic enzyme, NAD-binding;IPR015884 Malic enzyme, conserved site;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,01	-0,52	1,36		
FGSG_08248	n.d.	-0,94	-0,81	1,36		
FGSG_02314	IPR006102 Glycoside hydrolase, family 2, immunoglobulin-like beta-sandwich;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013812 Glycoside hydrolase, family 2/20, immunoglobulin-like beta-sandwich domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,69	-0,45	1,36		+
FGSG_12522	IPR013216 Methyltransferase type 11	-0,37	0,40	1,36		
FGSG_01892	IPR001382 Glycoside hydrolase, family 47	-0,30	-0,06	1,37		+
FGSG_05143	IPR000407 Nucleoside phosphatase GDA1/CD39;IPR015605 Guanosine diphosphatase	-0,35	0,09	1,37		+
FGSG_02696	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	0,30	0,02	1,37		+
FGSG_08722	IPR002999 Tudor domain;IPR006021 Staphylococcal nuclease (SNase-like);IPR008191 Maternal tudor protein;IPR016071 Staphylococcal nuclease (SNase-like), OB-fold;IPR016685 RNA-induced silencing complex, nuclease component Tudor-SN;IPR018351 Tudor subgroup	-0,40	0,25	1,37		+
FGSG_08754	IPR002125 CMP/dCMP deaminase, zinc-binding;IPR016193 Cytidine deaminase-like	-0,70	-0,46	1,37		+
FGSG_05939	IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR015813 Pyruvate/Phosphoenolpyruvate kinase	-2,36	-1,52	1,37	+	+
FGSG_00425	IPR000938 Cytoskeleton-associated protein, Gly-rich domain;IPR001611 Leucine-rich repeat;IPR003591 Leucine-rich repeat, typical subtype;IPR023092 Cytoskeleton-associated protein, Gly-rich conserved site	-0,41	-0,24	1,37		+
FGSG_06816	IPR000642 Peptidase M41;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site;IPR005936 Peptidase M41, FtsH;IPR011546 Peptidase M41, FtsH extracellular	-0,98	-1,61	1,37		+
FGSG_05735	IPR001012 UBX;IPR006577 UAS;IPR009060 UBA-like	-0,64	-0,35	1,37		+
FGSG_05390	IPR003008 Tubulin/FtsZ, GTPase domain;IPR019605 Misato Segment II, myosin-like	0,15	0,42	1,37		+
FGSG_03269	IPR004199 Glycoside hydrolase, family 2, domain 5;IPR006101 Glycoside hydrolase, family 2;IPR006102 Glycoside hydrolase, family 2, immunoglobulin-like beta-sandwich;IPR006103 Glycoside hydrolase, family 2, TIM barrel;IPR006104 Glycoside hydrolase, family 2, N-terminal;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013812 Glycoside hydrolase, family 2/20, immunoglobulin-like beta-sandwich domain;IPR014718 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding, subgroup;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily;IPR023232 Glycoside hydrolase, family 2, active site	-0,95	-0,20	1,38		+
FGSG_03767	IPR005002 Eukaryotic phosphomannomutase;IPR006379 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IIB;IPR023214 HAD-like domain	0,69	-0,69	1,38		+

FGSG_07453	IPR000375 Dynamin central domain;IPR001401 Dynamin, GTPase domain;IPR011254 Prismane-like;IPR019762 Dynamin, GTPase region, conserved site;IPR020850 GTPase effector domain, GED;IPR022812 Dynamin	-0,49	-2,05	1,38			+
FGSG_08328	IPR009446 Mitochondrial genome maintenance MGM101	1,43	1,71	1,38			+
FGSG_11347	IPR000627 Intradiol ring-cleavage dioxygenase, C-terminal;IPR007535 Catechol dioxygenase, N-terminal;IPR015889 Intradiol ring-cleavage dioxygenase, core	-1,09	0,82	1,39			+
FGSG_07897	IPR004468 CTP synthase;IPR017456 CTP synthase, N-terminal;IPR017926 Glutamine amidotransferase type 1	0,08	0,25	1,39			+
FGSG_01320	IPR000375 Dynamin central domain;IPR001401 Dynamin, GTPase domain;IPR003130 Dynamin GTPase effector;IPR019762 Dynamin, GTPase region, conserved site;IPR020850 GTPase effector domain, GED;IPR022812 Dynamin	0,12	0,30	1,39			+
FGSG_08738	IPR008532 Domain of unknown function DUF814;IPR008616 Fibronectin-binding A, N-terminal;IPR021846 Protein of unknown function DUF3441	-0,17	0,16	1,39			+
FGSG_07099	IPR024662 TRAPP II complex, Trs65	0,02	-0,27	1,39			+
FGSG_04423	IPR001487 Bromodomain	0,66	0,54	1,39			+
FGSG_06725	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1;IPR013595 Peptidase S33 tripeptidyl aminopeptidase-like, C-terminal	0,33	0,40	1,39			+
FGSG_01194	IPR003126 Zinc finger, N-recognin;IPR003769 Adaptor protein ClpS, core;IPR013993 Zinc finger, N-recognin, metazoa	-0,22	-0,67	1,39			+
FGSG_06264	IPR014802 GET complex, subunit GET2	-0,37	0,26	1,40			+
FGSG_16790	IPR000331 Rap/ran-GAP;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR018515 Tuberin-type domain;IPR024584 Tuberin, N-terminal	0,08	-0,33	1,40			+
FGSG_00370	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	3,24	2,76	1,40	+	+	
FGSG_01936	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	4,21	4,34	1,41	+	+	
FGSG_09919	IPR004343 Plus-3;IPR018144 Plus-3 domain, subgroup	-0,29	0,02	1,41			+
FGSG_16946	IPR001494 Importin-beta, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR013713 Exportin/Importin, Cse1-like;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,26	-0,05	1,41			+
FGSG_00524	IPR002618 UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase;IPR016267 UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase, subgroup	-0,10	0,27	1,41			+
FGSG_00309	IPR007244 Mak10 subunit, NatC N(alpha)-terminal acetyltransferase	-1,05	-1,08	1,41			+
FGSG_07901	IPR008441 Capsular polysaccharide synthesis	0,22	0,33	1,42			+
FGSG_07101	IPR001450 4Fe-4S binding domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR007209 RNase L inhibitor RL, possible metal-binding domain;IPR013283 ABC transporter, ABCE;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017896 4Fe-4S ferredoxin, iron-sulphur binding domain	-0,17	0,08	1,42			+
FGSG_16755	n.d.	-0,39	0,19	1,42			
FGSG_08774	IPR001312 Hexokinase;IPR019807 Hexokinase, conserved site;IPR022672 Hexokinase, N-terminal;IPR022673 Hexokinase, C-terminal	-0,39	-0,46	1,43			+
FGSG_00416	IPR004737 Nitrate transporter;IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	-0,53	-0,10	1,43			+
FGSG_08546	IPR013078 Histidine phosphatase superfamily, clade-1	-2,19	-0,17	1,43	+		+
FGSG_02944	IPR002018 Carboxylesterase, type B;IPR019826 Carboxylesterase type B, active site	-1,38	-0,95	1,43			+
FGSG_01620	IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR003095 Heat shock protein DnaJ;IPR015399 Domain of unknown function DUF1977, DnaJ-like	0,55	-0,80	1,43			
FGSG_07537	n.d.	-0,48	-0,52	1,43			
FGSG_11824	IPR000834 Peptidase M14, carboxypeptidase A;IPR001375 Peptidase S9, prolyl oligopeptidase, catalytic domain;IPR011042 Six-bladed beta-propeller, TolB-like	-1,84	-0,32	1,44	+		+
FGSG_10073	n.d.	2,46	1,80	1,44	+		+
FGSG_00856	IPR000014 PAS;IPR000700 PAS-associated, C-terminal;IPR001789 Signal transduction response regulator, receiver domain;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR003661 Signal	0,09	0,82	1,44			+

	transduction histidine kinase, subgroup 1, dimerisation/phosphoacceptor domain;IPR004358 Signal transduction histidine kinase-related protein, C-terminal;IPR005467 Signal transduction histidine kinase, core;IPR009082 Signal transduction histidine kinase, homodimeric;IPR011006 CheY-like superfamily							
FGSG_04975	IPR011058 Cyanovirin-N	0,30	-0,06	1,44				+
FGSG_09570	n.d.	-1,24	-1,37	1,44				+
FGSG_00982	IPR003695 Ppx/GppA phosphatase	0,82	0,77	1,44				+
FGSG_05942	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,69	-0,72	1,45				+
FGSG_07946	IPR003440 Glycosyl transferase, family 48	0,34	0,20	1,45				+
FGSG_08570	IPR007568 RTA-like protein	-0,73	-0,45	1,46				+
FGSG_05416	IPR002575 Aminoglycoside phosphotransferase;IPR011009 Protein kinase-like domain	-0,25	-0,41	1,46				+
FGSG_06706	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR002075 Nuclear transport factor 2;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait;IPR018222 Nuclear transport factor 2, Eukaryote	0,14	0,52	1,47				+
FGSG_00820	IPR007900 Transcription initiation factor TFIID component TAF4	0,51	0,44	1,47				+
FGSG_17646	IPR001752 Kinesin, motor domain;IPR019821 Kinesin, motor region, conserved site	0,38	0,00	1,47				+
FGSG_01948	IPR003890 MIF4G-like, type 3;IPR007193 Up-frameshift suppressor 2;IPR016021 MIF4-like, type 1/2/3;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,13	0,26	1,48				+
FGSG_09678	IPR005719 Dihydroorotate dehydrogenase, class 2;IPR012135 Dihydroorotate dehydrogenase, class 1/ 2;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-0,83	-0,64	1,48				+
FGSG_07964	IPR001025 Bromo adjacent homology (BAH) domain;IPR001487 Bromodomain;IPR018359 Bromodomain, conserved site	1,08	1,37	1,48				+
FGSG_08703	IPR006652 Kelch repeat type 1;IPR015915 Kelch-type beta propeller	0,52	0,44	1,48				+
FGSG_00539	IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	0,64	1,34	1,48				+
FGSG_00968	IPR001087 Lipase, GDSL;IPR013830 Esterase, SGNH hydrolase-type;IPR013831 Esterase, SGNH hydrolase-type, subgroup	0,29	-0,67	1,48				+
FGSG_01757	IPR001451 Bacterial transferase hexapeptide repeat;IPR011004 Trimeric LpxA-like;IPR024688 Maltose/galactoside acetyltransferase	-1,26	-1,33	1,49				+
FGSG_09275	IPR007216 Cell differentiation, Rcd1-like;IPR016024 Armadillo-type fold	1,58	1,42	1,49			+	+
FGSG_05565	IPR006941 Ribonuclease CAF1;IPR012337 Ribonuclease H-like	3,00	2,76	1,49			+	+
FGSG_06826	IPR001680 WD40 repeat;IPR011042 Six-bladed beta-propeller, TolB-like;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,05	0,37	1,49				+
FGSG_06718	IPR006349 2-phosphoglycolate phosphatase, eukaryotic;IPR006357 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IIA;IPR023214 HAD-like domain;IPR023215 Nitrophenylphosphatase-like domain	1,33	1,10	1,49				+
FGSG_04168	IPR000904 SEC7-like;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR015403 Domain of unknown function DUF1981, SEC7 associated;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR023394 SEC7-like, alpha orthogonal bundle	-0,06	-0,34	1,49				+
FGSG_01917	IPR006895 Zinc finger, Sec23/Sec24-type;IPR006896 Sec23/Sec24, trunk domain;IPR006900 Sec23/Sec24, helical domain;IPR007123 Gelsolin domain;IPR012990 Sec23/Sec24 beta-sandwich	1,30	1,20	1,49			+	+
FGSG_02022	IPR004886 Glycolipid anchored surface protein GAS1;IPR012946 X8;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,35	0,32	1,50				+
FGSG_05174	IPR000788 Ribonucleotide reductase large subunit, C-terminal;IPR005144 ATP-cone;IPR008926 Ribonucleotide reductase R1 subunit, N-terminal;IPR013346 Ribonucleoside-diphosphate reductase, alpha subunit;IPR013509 Ribonucleotide reductase large subunit, N-terminal	0,91	0,70	1,50				+
FGSG_09226	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,93	-0,59	1,50				+
FGSG_08603	IPR000795 Protein synthesis factor, GTP-binding;IPR003285 Yeast eukaryotic release factor;IPR004160 Translation elongation factor EFTu/EF1A, C-terminal;IPR004161 Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR009001 Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma, C-terminal	1,58	1,22	1,51				+

FGSG_05378	IPR002673 Ribosomal protein L29e	1,50	-0,37	1,51		
FGSG_04948	IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR016024 Armadillo-type fold	0,31	0,36	1,51		+
FGSG_17264	IPR001678 Bacterial Fmu (Sun)/eukaryotic nucleolar NOL1/Nop2p;IPR018314 Bacterial Fmu (Sun)/eukaryotic nucleolar NOL1/Nop2p, conserved site;IPR023267 RNA (C5-cytosine) methyltransferase;IPR023270 RNA (C5-cytosine) methyltransferase, NCL1	-0,07	0,22	1,51		+
FGSG_10825	IPR002629 Methionine synthase, vitamin-B12 independent;IPR006276 Cobalamin-independent methionine synthase;IPR013215 Cobalamin (vitamin B12)-independent methionine synthase MetE, N-terminal	-0,89	0,21	1,51		+
FGSG_09904	IPR000980 SH2 motif;IPR003029 Ribosomal protein S1, RNA-binding domain;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR017072 Transcription elongation factor Spt6;IPR023097 Tex RuvX-like domain;IPR023323 Tex-like domain	-0,03	-0,16	1,51		+
FGSG_01217	IPR005479 Carbamoyl-phosphate synthetase, large subunit, ATP-binding;IPR005480 Carbamoyl-phosphate synthetase, large subunit, oligomerisation;IPR005481 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, N-terminal;IPR005483 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, CPS-domain;IPR006275 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit;IPR011607 Methylglyoxal synthase-like domain;IPR011761 ATP-grasp fold;IPR013815 ATP-grasp fold, subdomain 1;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR013817 Pre-ATP-grasp fold;IPR016185 PreATP-grasp-like fold	-1,02	-0,09	1,52		+
FGSG_02570	IPR000640 Translation elongation factor EFG/EF2, C-terminal;IPR000795 Protein synthesis factor, GTP-binding;IPR004161 Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR009022 Elongation factor G/III/V;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	0,08	-1,75	1,52		+
FGSG_09715	IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR013087 Zinc finger, C2H2-type/integrase, DNA-binding;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like	-0,93	0,24	1,52		+
FGSG_05223	IPR005269 Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase LOG	1,34	-0,55	1,52		
FGSG_05364	IPR001965 Zinc finger, PHD-type;IPR003618 Transcription elongation factor S-II, central domain;IPR011011 Zinc finger, FYVE/PHD-type;IPR012921 Spen paralogue and orthologue SPOC, C-terminal;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR017890 Transcription elongation factor S-IIIM;IPR019786 Zinc finger, PHD-type, conserved site;IPR019787 Zinc finger, PHD-finger	0,36	-1,10	1,52		+
FGSG_09706	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core	0,32	0,36	1,53		+
FGSG_06183	IPR003111 Peptidase S16, lon N-terminal;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR004815 Peptidase S16, ATP-dependent protease La;IPR008268 Peptidase S16, active site;IPR008269 Peptidase S16, lon C-terminal;IPR015947 PUA-like domain;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	-1,48	-0,50	1,53		+
FGSG_07854	IPR007673 Condensin complex, subunit 1;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR024324 Condensin complex, subunit 1, N-terminal	0,39	-0,24	1,53		+
FGSG_16138	IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	-1,53	-0,20	1,53		+
FGSG_03710	IPR001155 NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, N-terminal;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	2,71	-0,50	1,54		+
FGSG_15914	IPR001199 Cytochrome b5;IPR001609 Myosin head, motor domain;IPR004835 Fungal chitin synthase	-0,20	-0,75	1,54		+
FGSG_17280	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	1,85	1,53	1,54		+
FGSG_12857	IPR002020 Citrate synthase-like;IPR003781 CoA-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR016102 Succinyl-CoA synthetase-like;IPR016141 Citrate synthase-like, core;IPR016142 Citrate synthase-like, large alpha subdomain;IPR016143 Citrate synthase-like, small alpha subdomain;IPR017440 ATP-citrate lyase/succinyl-CoA ligase, active site	-0,68	0,35	1,55		+
FGSG_00643	IPR009604 LsmAD domain	-0,40	0,13	1,55		+

FGSG_16514	IPR005532 Formylglycine-generating sulphatase enzyme domain;IPR016187 C-type lectin fold;IPR017805 SAM-dependent methyltransferase, EsaF-type, putative;IPR019257 Methyltransferase, domain of unknown function DUF2260;IPR024775 DinB-like domain	0,17	0,23	1,55			+
FGSG_12483	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR020471 Aldo/keto reductase subgroup;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	1,05	-0,14	1,55			+
FGSG_02575	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,01	0,53	1,55			+
FGSG_05040	IPR000639 Epoxide hydrolase-like	-2,27	-0,14	1,56		+	+
FGSG_12292	IPR006913 Glutathione-dependent formaldehyde-activating family, GFA;IPR011057 Mss4-like	0,64	0,57	1,56			+
FGSG_08457	IPR019156 Ataxin-10 domain	0,57	0,23	1,56			+
FGSG_05844	IPR001680 WD40 repeat;IPR006692 Coatomer, WD associated region;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR016453 Coatomer, beta' subunit;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,37	0,48	1,56			+
FGSG_06069	IPR005135 Endonuclease/exonuclease/phosphatase;IPR019402 Frag1/DRAM/Sfk1	-0,40	0,13	1,57			
FGSG_05423	n.d.	0,17	-0,10	1,58			+
FGSG_01189	IPR021056 Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim54	-0,24	0,18	1,58			+
FGSG_00590	IPR005123 Oxoglutarate/iron-dependent oxygenase;IPR006620 Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit;IPR019601 Oxoglutarate/iron-dependent oxygenase, C-terminal degradation domain	0,60	1,26	1,58			+
FGSG_11264	n.d.	0,38	-0,41	1,58			+
FGSG_09895	IPR001661 Glycoside hydrolase, family 37;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR011120 Neutral trehalase Ca2+ binding;IPR018232 Glycoside hydrolase, family 37, conserved site	-0,25	0,51	1,58			+
FGSG_17043	IPR008570 ESCRT-II complex, vps25 subunit;IPR014040 ESCRT-II complex, Vps25 subunit, C-terminal winged helix;IPR014041 ESCRT-II complex, Vps25 subunit, N-terminal winged helix	0,80	-0,11	1,58			+
FGSG_05418	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	1,78	1,46	1,59			+
FGSG_07096	IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006402 HAD-superfamily hydrolase, subfamily IA, variant 3;IPR023198 Phosphoglycolate phosphatase, domain 2;IPR023214 HAD-like domain	4,84	-0,66	1,59		+	
FGSG_11027	IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase;IPR019432 Siderophore biosynthesis protein, conserved domain	-2,56	-0,54	1,59			
FGSG_11478	n.d.	-2,74	0,93	1,59		+	+
FGSG_15701	IPR003323 Ovarian tumour, otubain;IPR019400 Peptidase C65, otubain	4,06	3,42	1,60		+	+
FGSG_03278	IPR000269 Copper amine oxidase;IPR015798 Copper amine oxidase, C-terminal;IPR015800 Copper amine oxidase, N2-terminal;IPR015801 Copper amine oxidase, N2/N3-terminal;IPR015802 Copper amine oxidase, N3-terminal;IPR016182 Copper amine oxidase, N-terminal	-2,65	0,01	1,60		+	+
FGSG_02025	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR017871 ABC transporter, conserved site	-0,15	0,43	1,60			+
FGSG_07121	IPR000253 Forkhead-associated (FHA) domain;IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR008984 SMAD/FHA domain;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	-0,09	-0,23	1,61			+
FGSG_11703	IPR000409 BEACH domain;IPR001680 WD40 repeat;IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR013320 Concanavalin A-like lectin/glucanase, subgroup;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing	-0,63	-0,71	1,61			+

	domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR023362 PH-BEACH domain						
FGSG_09929	IPR004154 Anticodon-binding;IPR007109 Brix domain	-0,34	-0,61	1,61			
FGSG_10175	IPR001537 tRNA/rRNA methyltransferase, SpoU;IPR013123 RNA 2-O ribose methyltransferase, substrate binding	-0,15	0,34	1,61			+
FGSG_16981	IPR004843 Metallophosphoesterase domain	-0,69	1,07	1,61			+
FGSG_01055	IPR004087 K Homology;IPR004088 K Homology, type 1;IPR018111 K Homology, type 1, subgroup	0,90	0,72	1,61			+
FGSG_02373	n.d.	-0,27	1,45	1,61			+
FGSG_01177	IPR000277 Cys/Met metabolism, pyridoxal phosphate-dependent enzyme;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,77	-0,96	1,62			+
FGSG_12904	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	-0,13	0,26	1,62			+
FGSG_13345	IPR005198 Glycoside hydrolase, family 76;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like	-0,80	0,02	1,62			+
FGSG_02460	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR006544 ATPase, P-type, unknown pump specificity (type V);IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	0,24	0,35	1,63			+
FGSG_09513	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain	-0,32	0,27	1,63			+
FGSG_09100	IPR011394 NTP Pyrophosphohydrolase MazG-related, RS21-C6	-0,61	-0,98	1,63			+
FGSG_04124	IPR001424 Superoxide dismutase, copper/zinc binding domain;IPR006121 Heavy metal-associated domain, HMA;IPR024134 Superoxide dismutase (Cu/Zn) / chaperones;IPR024142 Superoxide dismutase copper chaperone	0,59	-0,46	1,64			
FGSG_09495	IPR001606 ARID/BRIGHT DNA-binding domain;IPR016024 Armadillo-type fold	0,47	0,88	1,64			+
FGSG_05337	IPR009053 Prefoldin;IPR012929 Tetratricopeptide, MLP1/MLP2-like	0,02	-0,05	1,65			+
FGSG_03579	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-1,09	-0,88	1,65			+
FGSG_03220	n.d.	1,32	-1,91	1,65			+
FGSG_08126	IPR009011 Mannose-6-phosphate receptor, binding;IPR012913 Glucosidase II beta subunit-like	-0,15	-0,02	1,65			+
FGSG_09366	IPR000490 Glycoside hydrolase, family 17;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	1,35	-0,32	1,65			+
FGSG_02920	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,41	-0,68	1,65		+	+
FGSG_02029	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR009060 UBA-like;IPR015368 Ubiquitin-conjugating enzyme, C-terminal fungi;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like;IPR023313 Ubiquitin-conjugating enzyme, active site	3,84	3,31	1,65		+	+
FGSG_01299	IPR002687 Pre-mRNA processing ribonucleoprotein, snoRNA-binding domain;IPR012976 NOSIC;IPR019175 Prp31 C-terminal	0,74	-0,15	1,65			
FGSG_04037	IPR006591 RNA polymerase Rbp10	2,07	2,08	1,65		+	+
FGSG_06641	IPR007122 Gelsolin	-1,40	0,14	1,66			+
FGSG_05857	IPR000690 Zinc finger, C2H2-type matrix;IPR003604 Zinc finger, U1-type;IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like;IPR021966 Splicing factor SF3a60 binding domain;IPR022755 Zinc finger, double-stranded RNA binding;IPR024598 Domain of unknown function DUF3449	-0,10	-0,48	1,66			+

FGSG_03106	n.d.	-0,27	-0,11	1,66				+
FGSG_03307	IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal; IPR012951 Berberine/berberine-like; IPR016166 FAD-binding, type 2; IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2	-0,34	-1,22	1,66				+
FGSG_07469	IPR000048 IQ motif, EF-hand binding site; IPR001609 Myosin head, motor domain; IPR002710 Dilute; IPR008989 Myosin S1 fragment, N-terminal; IPR018444 Dil domain	-0,21	-0,04	1,66				+
FGSG_05095	IPR001478 PDZ/DHR/GLGF; IPR001940 Peptidase S1C, HrtA/DegP2/Q/S; IPR009003 Peptidase cysteine/serine, trypsin-like	-0,60	0,13	1,67				+
FGSG_00435	IPR001932 Protein phosphatase 2C-like	-0,22	-1,00	1,67				+
FGSG_04571	IPR004820 Cytidyltransferase; IPR004821 Cytidyltransferase-related; IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	-0,55	0,45	1,67				+
FGSG_00217	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain; IPR007219 Transcription factor, fungi	-0,98	0,17	1,67				+
FGSG_12508	n.d.	0,69	1,24	1,67				+
FGSG_10717	IPR006953 Vesicle tethering protein Uso1/P115-like, head domain; IPR006955 Uso1/p115-like vesicle tethering protein, C-terminal; IPR009053 Prefoldin; IPR011989 Armadillo-like helical; IPR016024 Armadillo-type fold; IPR024095 Vesicle tethering protein p115-like	0,55	0,65	1,67				+
FGSG_10757	IPR001650 Helicase, C-terminal; IPR002464 DNA/RNA helicase, ATP-dependent, DEAH-box type, conserved site; IPR007502 Helicase-associated domain; IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal; IPR011709 Domain of unknown function DUF1605; IPR014001 DEAD-like helicase	-0,63	0,04	1,67				+
FGSG_10744	IPR001383 Ribosomal protein L28	-1,72	0,60	1,68			+	
FGSG_07104	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core; IPR003959 ATPase, AAA-type, core; IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site; IPR009010 Aspartate decarboxylase-like fold; IPR015342 Peroxisome biogenesis factor 1, N-terminal	0,56	1,90	1,68				+
FGSG_00508	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter; IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal; IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase; IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal; IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain; IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site; IPR023214 HAD-like domain; IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain; IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N; IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A	-1,10	-0,95	1,68				
FGSG_02530	IPR000994 Peptidase M24, structural domain; IPR001131 Peptidase M24B, X-Pro dipeptidase/aminopeptidase P, conserved site; IPR007865 Peptidase M24B, X-Pro dipeptidase/aminopeptidase P N-terminal	1,65	1,42	1,68		+	+	+
FGSG_10377	n.d.	0,73	-0,29	1,68				+
FGSG_09857	IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal; IPR003095 Heat shock protein DnaJ; IPR003604 Zinc finger, U1-type; IPR007087 Zinc finger, C2H2; IPR015880 Zinc finger, C2H2-like; IPR018253 Heat shock protein DnaJ, conserved site; IPR022755 Zinc finger, double-stranded RNA binding	0,85	1,43	1,68				+
FGSG_10032	IPR011990 Tetratricopeptide-like helical; IPR019544 Tetratricopeptide, SHNI-TPR domain	-0,50	-0,73	1,69				+
FGSG_02364	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR; IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase; IPR016040 NAD(P)-binding domain	1,53	-0,13	1,69				+
FGSG_01453	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR; IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase; IPR016040 NAD(P)-binding domain; IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR	2,51	1,59	1,69		+		+
FGSG_04692	IPR003480 Transferase; IPR023213 Chloramphenicol acetyltransferase-like domain	6,44	-1,43	1,70			+	
FGSG_16390	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase; IPR013217 Methyltransferase type 12	-4,54	-2,38	1,70			+	+
FGSG_10105	IPR001870 B30.2/SPRY domain; IPR003877 SPla/Ryanodine receptor SPRY; IPR006594 LisH dimerisation motif; IPR006595 CTLH, C-terminal LisH motif; IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase; IPR013144 Ran binding protein-like, CRA domain; IPR018355 SPla/Ryanodine receptor subgroup; IPR019589 Ran binding protein, CRA domain	0,26	0,48	1,70				+
FGSG_01648	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-0,27	-0,83	1,70				+

FGSG_06500	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,36	0,44	1,70		+
FGSG_03119	IPR010541 Domain of unknown function DUF1115;IPR017359 Uncharacterised conserved protein UCP038021, RWD	2,45	2,00	1,71		+
FGSG_00712	IPR000960 Flavin monooxygenase FMO;IPR012143 Dimethylaniline monooxygenase, N-oxide-forming;IPR020946 Flavin monooxygenase-like	-1,11	0,27	1,71		+
FGSG_03672	n.d.	-1,66	-1,81	1,71		+
FGSG_01798	IPR002838 Protein of unknown function DUF124;IPR016031 Tryptophan RNA-binding attenuator protein-like	-1,62	0,86	1,72		+
FGSG_05452	IPR016024 Armadillo-type fold	2,17	0,53	1,72		+
FGSG_03594	IPR001950 Translation initiation factor SUI1;IPR015947 PUA-like domain	-0,25	0,25	1,72		+
FGSG_16207	IPR007138 Antibiotic biosynthesis monooxygenase;IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel	5,04	0,44	1,72	+	
FGSG_07159	IPR012486 N1221-like;IPR021819 Protein of unknown function DUF3402	-0,88	-0,63	1,73		+
FGSG_00615	IPR002860 BNR repeat;IPR006581 VPS10;IPR011040 Neuraminidase	0,64	0,08	1,73		+
FGSG_05009	IPR005605 Sporulation/nuclear morphology, Spo7	-1,40	-1,30	1,73		+
FGSG_09914	IPR021822 Protein of unknown function DUF3405	0,05	-0,14	1,73		+
FGSG_13983	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR012941 Phenol hydroxylase, C-terminal dimerisation	-0,75	0,28	1,74		+
FGSG_00243	n.d.	0,86	0,55	1,74		+
FGSG_13343	IPR000577 Carbohydrate kinase, FGGY;IPR005999 Glycerol kinase;IPR018483 Carbohydrate kinase, FGGY, conserved site;IPR018484 Carbohydrate kinase, FGGY, N-terminal;IPR018485 Carbohydrate kinase, FGGY, C-terminal	-0,75	-0,27	1,74		+
FGSG_10791	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	0,79	1,13	1,74		+
FGSG_02615	IPR001077 O-methyltransferase, family 2;IPR016461 O-methyltransferase, COMT, eukaryota	3,70	0,95	1,74	+	+
FGSG_16516	IPR021418 THO complex, subunitTHOC2, C-terminal;IPR021726 THO complex, subunitTHOC2, N-terminal	0,27	-0,01	1,74		+
FGSG_04135	IPR007946 A1 cistron-splicing factor, AAR2	0,42	-0,26	1,74		+
FGSG_07289	IPR007133 RNA polymerase II-associated, Paf1	0,89	0,87	1,74		+
FGSG_16747	IPR016024 Armadillo-type fold	0,81	0,83	1,75		+
FGSG_10795	IPR011108 RNA-metabolising metallo-beta-lactamase;IPR022712 Beta-Casp domain	1,24	1,02	1,75		+
FGSG_01156	IPR021717 Nucleoporin Nup120/160	0,70	0,32	1,75		+
FGSG_05900	IPR007863 Peptidase M16, C-terminal;IPR011237 Peptidase M16, core;IPR011249 Metalloenzyme, LuxS/M16 peptidase-like, metal-binding;IPR011765 Peptidase M16, N-terminal	-0,73	0,14	1,75		+
FGSG_07051	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR015016 Splicing factor 3B subunit 1;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,27	-0,09	1,75		+
FGSG_15796	IPR006597 Sel1-like;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical	0,20	0,05	1,75		+
FGSG_09491	IPR004087 K Homology;IPR004088 K Homology, type 1;IPR018111 K Homology, type 1, subgroup	0,18	0,55	1,76		+
FGSG_00576	IPR001424 Superoxide dismutase, copper/zinc binding domain	0,79	-0,26	1,76		+
FGSG_11594	IPR012387 tRNA ligase, fungi;IPR015965 tRNA ligase, phosphodiesterase, fungi;IPR015966 tRNA ligase, kinase, fungi;IPR019039 RNA ligase, T4 RnA-like	0,40	-0,05	1,76		+
FGSG_12821	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR004046 Glutathione S-transferase, C-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-1,20	-0,79	1,76		+
FGSG_10242	IPR003107 RNA-processing protein, HAT helix;IPR010491 PRP1 splicing factor, N-terminal;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	-0,25	-0,91	1,76		+
FGSG_01968	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR002344 Lupus La protein;IPR006630 RNA-binding protein Lupus La;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-	1,05	0,87	1,76		+

	binding;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait						
FGSG_01925	IPR000433 Zinc finger, ZZ-type;IPR001005 SANT domain, DNA binding;IPR007526 SWIRM;IPR009057 Homeodomain-like;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR012287 Homeodomain-related;IPR014778 Myb, DNA-binding;IPR017884 SANT, eukarya	1,47	1,79	1,76	+	+	+
FGSG_06591	IPR010323 Protein of unknown function DUF924;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical	-1,50	-1,03	1,76			+
FGSG_17376	IPR001680 WD40 repeat;IPR001810 F-box domain, cyclin-like;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat;IPR022364 F-box domain, Skp2-like	-1,51	0,06	1,76			
FGSG_16838	IPR004206 mRNA capping enzyme, beta subunit, structural domain;IPR023577 CYTH-like domain	0,27	1,87	1,76		+	+
FGSG_02325	IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel	-0,45	-0,20	1,77			+
FGSG_00959	IPR001487 Bromodomain	0,50	0,83	1,77			+
FGSG_09717	IPR000210 BTB/POZ-like;IPR001487 Bromodomain;IPR011333 BTB/POZ fold;IPR013069 BTB/POZ	1,73	1,21	1,77			+
FGSG_15881	n.d.	0,78	1,32	1,78			+
FGSG_16769	IPR011043 Galactose oxidase/kelch, beta-propeller	1,68	0,70	1,78			+
FGSG_10528	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	1,69	1,32	1,78			+
FGSG_06789	IPR001394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2;IPR001607 Zinc finger, UBP-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type	0,21	-0,20	1,78			+
FGSG_09663	IPR019167 Topoisomerase II-associated protein PAT1	0,54	0,65	1,78			+
FGSG_10187	IPR001683 Phox homologous domain;IPR003114 Phox-associated domain;IPR013937 Sorting nexin, C-terminal;IPR013996 PX-associated, sorting nexin 13	-0,04	0,01	1,78			+
FGSG_09306	IPR003822 Paired amphipathic helix;IPR013194 Histone deacetylase interacting	-0,01	0,09	1,78			+
FGSG_07131	IPR002048 Calcium-binding EF-hand;IPR002067 Mitochondrial carrier protein;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018108 Mitochondrial substrate/solute carrier;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018248 EF-hand;IPR018249 EF-HAND 2;IPR023395 Mitochondrial carrier domain	-2,35	-2,27	1,79	+		+
FGSG_16718	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,84	1,16	1,79			+
FGSG_00974	n.d.	0,14	0,29	1,80			+
FGSG_07457	IPR008610 Eukaryotic rRNA processing	0,46	0,59	1,80			+
FGSG_00592	IPR003892 Ubiquitin system component Cue;IPR009060 UBA-like	0,24	0,35	1,81			+
FGSG_09412	n.d.	-0,52	-0,38	1,81			+
FGSG_04419	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70	-0,02	-0,41	1,81			+
FGSG_06212	IPR006887 Domain of unknown function DUF625;IPR016024 Armadillo-type fold	-1,05	-0,37	1,82			+
FGSG_17691	n.d.	2,33	1,97	1,83			+
FGSG_17695	n.d.	1,20	0,66	1,83			+
FGSG_06710	IPR001313 Pumilio RNA-binding repeat;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,18	-0,70	1,83			+
FGSG_03075	IPR000304 Pyrroline-5-carboxylate reductase;IPR004455 NADP oxidoreductase, coenzyme F420-dependent;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,96	-0,95	1,84			+
FGSG_09233	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR003954 RNA recognition motif domain, eukaryote;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type	2,74	0,32	1,84			+
FGSG_00314	IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase,	1,17	1,53	1,84			+

FGSG_04514	superfamily;IPR024655 Uncharacterised protein family, glycosyl hydrolase catalytic domain	n.d.	-0,35	-0,42	1,84		+
FGSG_06724	IPR009888 Ribosomal protein L24e-related;IPR011017 TRASH;IPR023441 Ribosomal protein L24e domain;IPR024546 Ribosome biogenesis protein RLP24	0,40		-0,05	1,85		+
FGSG_11848	IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	-0,33		-1,09	1,85		
FGSG_06088	IPR009288 AIG2-like;IPR013024 Butirosin biosynthesis, BtrG-like	-0,61		0,78	1,85		+
FGSG_02925	n.d.	-1,23		0,33	1,85		+
FGSG_08462	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	0,02		-0,35	1,86		+
FGSG_09729	IPR000225 Armadillo;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,49		-0,10	1,86		+
FGSG_02797	IPR017923 Transcription factor IIS, N-terminal	1,47		0,61	1,86		+
FGSG_09631	n.d.	-0,32		1,83	1,86		
FGSG_07306	IPR000330 SNF2-related;IPR001487 Bromodomain;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR006562 HSA;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014012 Helicase/SANT-associated, DNA binding;IPR014978 Glutamine-Leucine-Glutamine, QLQ	1,19		1,25	1,86		+
FGSG_07307	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	0,96		0,70	1,87		+
FGSG_00971	n.d.	-0,19		0,28	1,87		+
FGSG_00408	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017240 MAP kinase kinase kinase, SSK22;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	1,12		1,40	1,87	+	+
FGSG_07217	IPR001269 tRNA-dihydrouridine synthase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR018517 tRNA-dihydrouridine synthase, conserved site	-0,52		-1,16	1,87		+
FGSG_09156	IPR000209 Peptidase S8/S53, subtilisin/kexin/sedolisin;IPR002884 Proprotein convertase, P;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR015500 Peptidase S8, subtilisin-related;IPR022398 Peptidase S8, subtilisin, His-active site;IPR023827 Peptidase S8, subtilisin, Asp-active site;IPR023828 Peptidase S8, subtilisin, Ser-active site	-1,13		-0,54	1,87		+
FGSG_10688	n.d.	-3,06		1,06	1,88	+	+
FGSG_01514	IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	-0,01		0,77	1,88		+
FGSG_09522	IPR002227 Tyrosinase;IPR008922 Uncharacterised domain, di-copper centre	-0,07		-0,66	1,88		+
FGSG_15861	IPR003613 U box domain;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR019474 Ubiquitin conjugation factor E4, core	-0,47		-0,32	1,88		+
FGSG_07540	IPR019540 Phosphatidylinositol-glycan biosynthesis class S protein	0,56		0,45	1,89		+
FGSG_16761	IPR006084 DNA repair protein (XPGC)/yeast Rad;IPR006085 XPG N-terminal;IPR022039 Temperature dependent protein affecting M2 dsRNA replication, C-terminal;IPR022040 Temperature dependent protein affecting M2 dsRNA replication, N-terminal	0,51		1,12	1,89		+
FGSG_02251	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR013120 Male sterility, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-2,27		-1,07	1,89		+
FGSG_16184	IPR004045 Glutathione S-transferase, N-terminal;IPR010987 Glutathione S-transferase, C-terminal-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR017933 Glutathione S-transferase/chloride channel, C-terminal	-0,63		-0,39	1,89		+
FGSG_08985	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006414 ATPase, P-type, potassium/sodium efflux, fungal;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-	-2,22		1,61	1,89	+	+

	associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N					
FGSG_16815	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,41	1,47	1,89		+
FGSG_15831	IPR011598 Helix-loop-helix DNA-binding	-0,10	1,54	1,89		+
FGSG_10724	IPR003121 SWIB/MDM2 domain;IPR019835 SWIB domain	1,11	1,58	1,90	+	+
FGSG_12211	IPR008030 NmrA-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,80	-0,49	1,90		+
FGSG_07945	IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,33	-0,20	1,90		+
FGSG_12397	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1	-2,03	-0,76	1,90		+
FGSG_00363	IPR019337 Telomere length regulation protein, conserved domain	-0,39	2,02	1,90		+
FGSG_12651	n.d.	3,59	0,10	1,91	+	+
FGSG_12042	IPR000560 Histidine phosphatase superfamily, clade-2	-0,88	-0,49	1,91		+
FGSG_03770	IPR013216 Methyltransferase type 11	0,81	0,24	1,92		+
FGSG_10614	IPR014710 RmlC-like jelly roll fold	-0,27	-1,01	1,92		+
FGSG_10911	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	-0,79	0,56	1,92		+
FGSG_07423	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	2,52	1,48	1,92		+
FGSG_04421	n.d.	0,56	-0,63	1,93		+
FGSG_03966	IPR007632 Anoctamin/TMEM 16	1,27	1,56	1,94		+
FGSG_06572	IPR000209 Peptidase S8/S53, subtilisin/kexin/sedolisin;IPR003137 Protease-associated domain, PA;IPR010435 Peptidase S8A, DUF1034 C-terminal;IPR015500 Peptidase S8, subtilisin-related;IPR022398 Peptidase S8, subtilisin, His-active site;IPR023827 Peptidase S8, subtilisin, Asp-active site;IPR023828 Peptidase S8, subtilisin, Ser-active site	-1,46	-1,00	1,94	+	+
FGSG_00398	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	-1,07	-0,28	1,95		+
FGSG_03940	n.d.	-1,47	0,43	1,95		+
FGSG_05322	IPR001227 Acyl transferase domain;IPR002539 MaoC-like dehydratase;IPR003965 Fatty acid synthase;IPR013565 Domain of unknown function DUF1729;IPR014043 Acyl transferase;IPR016035 Acyl transferase/acyl hydrolase/lysophospholipase;IPR016452 Fatty acid synthase, beta subunit, fungi;IPR020801 Polyketide synthase, acyl transferase domain	-1,37	0,01	1,95	+	+
FGSG_04665	IPR003953 Fumarate reductase/succinate dehydrogenase flavoprotein, N-terminal	0,12	0,50	1,95		+
FGSG_16351	IPR011766 Thiamine pyrophosphate enzyme, C-terminal TPP-binding;IPR012000 Thiamine pyrophosphate enzyme, central domain;IPR012001 Thiamine pyrophosphate enzyme, N-terminal TPP-binding domain;IPR012110 Pyruvate decarboxylase/indolepyruvate decarboxylase	-0,68	-2,07	1,96		+
FGSG_01265	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005782 ATPase, P-type, calcium-transporting;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006069	0,97	0,39	1,96		+

	ATPase, P-type cation exchange, alpha subunit;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N					
FGSG_00468	IPR001680 WD40 repeat;IPR003648 Splicing factor motif;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR014906 Pre-mRNA processing factor 4 (PRP4)-like;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	-0,72	-1,56	1,96		+
FGSG_12370	n.d.	0,18	0,42	1,96		+
FGSG_03881	IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like	0,74	-1,68	1,97		+
FGSG_16979	n.d.	3,56	0,87	1,97	+	
FGSG_02789	IPR012472 Domain of unknown function DUF1691	-0,97	-2,13	1,97		+
FGSG_10194	IPR002129 Pyridoxal phosphate-dependent decarboxylase;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR021115 Pyridoxal-phosphate binding site	-1,57	-0,31	1,97		+
FGSG_01478	n.d.	2,81	3,51	1,98		+
FGSG_01911	IPR013244 Secretory pathway Sec39	0,53	0,57	1,98		+
FGSG_05542	IPR018864 Nucleoporin	0,91	0,76	1,98		+
FGSG_07612	IPR000120 Amidase;IPR015830 Amidase, fungi;IPR023631 Amidase signature domain	1,01	-2,18	1,98		+
FGSG_13662	IPR000722 RNA polymerase, alpha subunit;IPR006592 RNA polymerase, N-terminal;IPR007066 RNA polymerase Rpb1, domain 3;IPR007080 RNA polymerase Rpb1, domain 1;IPR007081 RNA polymerase Rpb1, domain 5;IPR007083 RNA polymerase Rpb1, domain 4;IPR015700 DNA-directed RNA polymerase III largest subunit	-0,20	-0,59	1,98		+
FGSG_15711	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core	-0,97	0,22	1,99		+
FGSG_07891	IPR001173 Glycosyl transferase, family 2	1,05	0,23	1,99		+
FGSG_10788	IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	1,06	0,76	1,99		+
FGSG_09400	IPR001447 N-acetyltransferase	-0,63	-0,11	1,99		+
FGSG_06586	IPR001406 Pseudouridine synthase I, TruA;IPR020094 Pseudouridine synthase I, TruA, N-terminal;IPR020095 Pseudouridine synthase I, TruA, C-terminal;IPR020097 Pseudouridine synthase I, TruA, alpha/beta domain;IPR020103 Pseudouridine synthase, catalytic domain	-1,62	-0,15	1,99	+	+
FGSG_05523	IPR004443 YjeF-related protein, N-terminal;IPR019050 DFD motif	-1,42	-0,67	1,99		+
FGSG_06339	IPR002755 DNA primase, small subunit;IPR014052 DNA primase, small subunit, eukaryotic/archaeal	-0,03	-0,25	1,99		+
FGSG_10970	IPR012943 Spindle associated;IPR024545 Mto2p-binding domain	0,26	1,45	1,99		+
FGSG_13839	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR012941 Phenol hydroxylase, C-terminal dimerisation	-3,31	-0,65	1,99	+	+
FGSG_07387	IPR014801 Mediator complex, subunit Med5, fungi	0,36	-0,78	1,99		
FGSG_16919	IPR006115 6-phosphogluconate dehydrogenase, NADP-binding;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR015815 3-hydroxyacid dehydrogenase/reductase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,93	0,21	2,00		+
FGSG_09251	n.d.	0,97	0,49	2,00		+
FGSG_06948	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	0,19	0,36	2,00		+
FGSG_04128	IPR004305 TENA/THI-4 protein/Coenzyme PQQ biosynthesis protein C domain;IPR004399 Phosphomethylpyrimidine kinase type-2;IPR013749 Phosphomethylpyrimidine kinase	-0,75	-0,12	2,01		+

	type-1;IPR016084 Haem oxygenase-like, multi-helical					
FGSG_11884	IPR000089 Biotin/lipoyl attachment;IPR001078 2-oxoacid dehydrogenase acyltransferase, catalytic domain;IPR003016 2-oxo acid dehydrogenase, lipoyl-binding site;IPR004167 E3 binding;IPR011053 Single hybrid motif;IPR015761 Lipoamide Acyltransferase;IPR023213 Chloramphenicol acetyltransferase-like domain	-1,59	0,17	2,01	+	+
FGSG_06895	IPR001563 Peptidase S10, serine carboxypeptidase;IPR008442 Propeptide, carboxypeptidase Y;IPR018202 Peptidase S10, serine carboxypeptidase, active site	-0,55	0,33	2,02		+
FGSG_06234	IPR016624 Uncharacterised conserved protein UCPO14753	-2,57	-0,85	2,02	+	+
FGSG_06540	IPR009959 Polyketide cyclase, Snoal-like	-1,97	-0,53	2,03		+
FGSG_08694	IPR006093 Oxygen oxidoreductase covalent FAD-binding site;IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR007173 D-arabinono-1,4-lactone oxidase;IPR010031 Sugar 1,4-lactone oxidase;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2;IPR023595 L-gulonolactone/D-arabinono-1,4-lactone oxidase	-2,69	3,21	2,03	+	+
FGSG_10302	IPR004274 NLI interacting factor;IPR011948 Dullard phosphatase domain, eukaryotic;IPR023214 HAD-like domain	-0,88	0,06	2,03		+
FGSG_05321	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR004568 Phosphopantetheine-protein transferase;IPR008278 4'-phosphopantetheinyl transferase;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR021186 Fatty acid synthase, alpha subunit, fungi	-1,38	-0,01	2,03	+	+
FGSG_04042	IPR003864 Domain of unknown function DUF221	-1,23	-0,74	2,04		+
FGSG_06544	IPR000644 Cystathionine beta-synthase, core;IPR001216 Cysteine synthase/cystathionine beta-synthase P-phosphate-binding site;IPR001926 Pyridoxal phosphate-dependent enzyme, beta subunit;IPR005857 Cystathionine beta-synthase	-0,59	0,29	2,04		+
FGSG_07466	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006544 ATPase, P-type, unknown pump specificity (type V);IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	0,21	0,11	2,04		+
FGSG_16166	IPR007109 Brix domain	0,18	0,45	2,04		+
FGSG_04470	n.d.	1,79	0,84	2,04		+
FGSG_13428	n.d.	-1,18	-1,40	2,05		+
FGSG_01175	IPR007109 Brix domain	-0,43	0,94	2,05		+
FGSG_10244	n.d.	0,19	-0,62	2,05		+
FGSG_06730	IPR017946 PLC-like phosphodiesterase, TIM beta/alpha-barrel domain	1,34	-0,22	2,05		+
FGSG_05964	IPR014816 tRNA methyltransferase complex GCD14 subunit	-0,34	-1,02	2,05		+
FGSG_09032	IPR002213 UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase;IPR015815 3-hydroxyacid dehydrogenase/reductase	0,04	-0,20	2,05		+
FGSG_03481	IPR001261 ArgE/DapE/ACY1/CPG2/YscS, conserved site;IPR002933 Peptidase M20;IPR011650 Peptidase M20, dimerisation	-0,63	-0,60	2,06		+
FGSG_02635	IPR015880 Zinc finger, C2H2-like	0,23	0,58	2,06		+
FGSG_01211	IPR000313 PWWP	0,55	0,79	2,07		+
FGSG_07421	IPR001048 Aspartate/glutamate/uridylylate kinase;IPR001341 Aspartate kinase domain;IPR002912 Amino acid-binding ACT;IPR018042 Aspartate kinase, conserved site	-0,28	-1,24	2,07		+
FGSG_01106	IPR007042 Arsenite-resistance protein 2;IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR021933 Protein of unknown function DUF3546	0,21	0,18	2,08		+
FGSG_12814	IPR001382 Glycoside hydrolase, family 47	0,68	-1,20	2,08		+

FGSG_10725	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	2,86	2,95	2,08	+	+	+
FGSG_08407	IPR000172 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, N-terminal;IPR007867 Glucose-methanol-choline oxidoreductase, C-terminal;IPR012132 Glucose-methanol-choline oxidoreductase	0,00	0,17	2,08			+
FGSG_05422	IPR003890 MIF4G-like, type 3;IPR016021 MIF4-like, type 1/2/3;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR022745 Eukaryotic translation initiation factor 4G1, eIF4E-binding domain	0,97	0,63	2,09			+
FGSG_12534	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-0,65	0,42	2,09			+
FGSG_01632	IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	2,65	0,80	2,09	+		+
FGSG_06375	IPR003386 Lecithin:cholesterol/phospholipid:diacylglycerol acyltransferase	1,47	0,22	2,09			+
FGSG_12187	IPR000529 Ribosomal protein S6;IPR014717 Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	0,68	1,05	2,09			+
FGSG_16875	IPR004199 Glycoside hydrolase, family 2, domain 5;IPR006101 Glycoside hydrolase, family 2;IPR006102 Glycoside hydrolase, family 2, immunoglobulin-like beta-sandwich;IPR006103 Glycoside hydrolase, family 2, TIM barrel;IPR006104 Glycoside hydrolase, family 2, N-terminal;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013812 Glycoside hydrolase, family 2/20, immunoglobulin-like beta-sandwich domain;IPR014718 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding, subgroup;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily;IPR023230 Glycoside hydrolase, family 2, conserved site;IPR023232 Glycoside hydrolase, family 2, active site	-3,29	0,51	2,09	+		+
FGSG_10718	IPR010456 Ribosomal L11 methyltransferase, PrmA	-2,12	-0,35	2,09	+		+
FGSG_01656	IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR012961 DSH, C-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR016438 RNA helicase, ATP-dependent, SK12/DOB1	0,27	0,03	2,09			+
FGSG_07196	IPR005062 SAC3/GANP/Nin1/mts3/eIF-3 p25	0,62	0,52	2,10			+
FGSG_16620	IPR000342 Regulator of G protein signalling;IPR000591 DEP domain;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR016137 Regulator of G protein signalling superfamily	0,02	0,28	2,10			+
FGSG_02326	IPR001077 O-methyltransferase, family 2	-0,13	-0,20	2,10			+
FGSG_04041	IPR010828 Alcohol acetyltransferase	0,25	0,21	2,11			+
FGSG_16186	IPR002642 Lysophospholipase, catalytic domain;IPR016035 Acyl transferase/acyl hydrolase/lysophospholipase	0,77	-0,67	2,11			+
FGSG_09154	IPR003140 Phospholipase/carboxylesterase/thioesterase	-2,08	-1,00	2,11			+
FGSG_01353	IPR000286 Histone deacetylase superfamily;IPR003084 Histone deacetylase;IPR023801 Histone deacetylase domain	1,15	1,41	2,11			+
FGSG_09579	n.d.	0,21	0,17	2,11			+
FGSG_16123	IPR000547 Clathrin, heavy chain/VPS, 7-fold repeat;IPR001180 Citron-like;IPR019452 Vacuolar sorting protein 39/Transforming growth factor beta receptor-associated domain 1;IPR019453 Vacuolar sorting protein 39/Transforming growth factor beta receptor-associated domain 2	1,51	0,19	2,12	+		+
FGSG_06821	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR012972 NLE;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	-0,13	0,85	2,12			+
FGSG_09205	IPR001202 WW/Rsp5/WWP	4,37	0,35	2,12	+		
FGSG_01442	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR002909 Cell surface receptor IPT/TIG;IPR013783 Immunoglobulin-like	2,08	1,27	2,12			+

	fold;IPR014756 Immunoglobulin E-set;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain					
FGSG_00530	IPR000560 Histidine phosphatase superfamily, clade-2	-0,19	-0,08	2,12		+
FGSG_12461	IPR006102 Glycoside hydrolase, family 2, immunoglobulin-like beta-sandwich;IPR006103 Glycoside hydrolase, family 2, TIM barrel;IPR006104 Glycoside hydrolase, family 2, N-terminal;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013812 Glycoside hydrolase, family 2/20, immunoglobulin-like beta-sandwich domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,49	-0,44	2,12		+
FGSG_04263	IPR002058 PAP/25A-associated	-0,40	-1,50	2,13		+
FGSG_16036	IPR022190 Protein of unknown function DUF3716	0,85	0,86	2,13		+
FGSG_05208	IPR009053 Prefoldin;IPR010978 tRNA-binding arm	0,73	0,77	2,13		+
FGSG_16862	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	2,28	0,33	2,14	+	+
FGSG_03738	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	0,10	0,30	2,14		+
FGSG_04102	IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	0,45	1,14	2,14		+
FGSG_07264	IPR000417 Hydroxyethylthiazole kinase;IPR003733 Thiamine monophosphate synthase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR022998 Thiamin phosphate synthase superfamily	0,40	0,72	2,15		+
FGSG_11344	IPR013216 Methyltransferase type 11	0,00	-0,64	2,15		+
FGSG_02043	IPR001611 Leucine-rich repeat;IPR005135 Endonuclease/exonuclease/phosphatase	0,91	1,15	2,15		+
FGSG_06411	IPR005037 Pre-mRNA-splicing factor 38	0,72	1,97	2,16		+
FGSG_03333	IPR023214 HAD-like domain	2,51	-1,23	2,16	+	+
FGSG_10467	IPR002678 NGG1p interacting factor 3, NIF3	-0,13	0,94	2,16		+
FGSG_02482	IPR001094 Flavodoxin;IPR002880 Pyruvate flavodoxin/ferredoxin oxidoreductase, N-terminal;IPR005117 Nitrite/sulphite reductase, hemoprotein beta-component, ferredoxin-like;IPR006066 Nitrite/sulphite reductase iron-sulphur/siroheam-binding site;IPR006067 Nitrite/sulphite reductase 4Fe-4S domain;IPR008254 Flavodoxin/nitric oxide synthase;IPR009014 Transketolase, C-terminal/Pyruvate-ferredoxin oxidoreductase, domain II;IPR015941 Transketolase-like, C-terminal	-0,96	-0,06	2,16		+
FGSG_09830	IPR006694 Fatty acid hydroxylase	0,97	0,39	2,16		+
FGSG_00957	IPR014848 Reduced growth phenotype protein 1	-1,43	0,21	2,16	+	+
FGSG_12799	IPR010839 Protein of unknown function DUF1446	-2,00	-0,90	2,17		+
FGSG_01125	IPR005574 RNA polymerase II, Rpb4;IPR006590 RNA polymerase II, Rpb4, core;IPR010997 HRDC-like	0,75	1,64	2,17		+
FGSG_03664	IPR003507 Peptidase S66, LD-carboxypeptidase A	-0,27	-2,37	2,17		+
FGSG_01809	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-1,72	-0,30	2,18		+
FGSG_06123	IPR000374 Phosphatidate cytidyltransferase	0,68	0,76	2,18		+
FGSG_09991	IPR004308 Glutamate-cysteine ligase catalytic subunit	-1,30	-0,24	2,18		+
FGSG_02527	IPR004022 DDT domain;IPR013136 WSTF/Acf1/Cbp146;IPR018501 DDT domain superfamily	-1,26	0,71	2,18		+
FGSG_04320	IPR006568 PSP, proline-rich;IPR007180 Domain of unknown function DUF382	0,28	-0,36	2,18		+
FGSG_01475	IPR000642 Peptidase M41;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site;IPR005936 Peptidase M41, FtsH	-2,04	-2,04	2,19		+
FGSG_03607	IPR001764 Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal;IPR002772 Glycoside hydrolase, family 3, C-terminal;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily;IPR019800 Glycoside hydrolase, family 3, active site	0,84	0,12	2,19		+
FGSG_00136	IPR013057 Amino acid transporter, transmembrane	-0,81	0,23	2,19		+
FGSG_08427	IPR000814 TATA-box binding protein;IPR012294 Transcription factor TFIID, C-terminal/DNA glycosylase, N-terminal;IPR012295 Beta2-adaptin/TATA-box binding, C-terminal	2,95	1,03	2,19	+	+

FGSG_05161	n.d.	1,12	0,17	2,20			+
FGSG_17040	IPR000048 IQ motif, EF-hand binding site;IPR000569 HECT	-0,49	-0,37	2,20			+
FGSG_03184	n.d.	3,71	-0,19	2,20		+	+
FGSG_06043	n.d.	1,01	0,98	2,20			+
FGSG_02754	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	1,35	0,45	2,20			+
FGSG_10865	IPR019049 Nucleoporin protein Ndc1-Nup	2,28	0,94	2,21		+	
FGSG_10007	IPR000008 C2 calcium-dependent membrane targeting;IPR003817 Phosphatidylserine decarboxylase-related;IPR005221 Phosphatidylserine decarboxylase;IPR008973 C2 calcium/lipid-binding domain, CaLB;IPR011992 EF-hand-like domain;IPR018029 C2 membrane targeting protein;IPR018247 EF-Hand 1, calcium-binding site;IPR018249 EF-HAND 2	0,10	0,14	2,21			+
FGSG_00449	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,19	-0,49	2,21			+
FGSG_02689	n.d.	0,31	0,09	2,21			+
FGSG_13746	IPR007207 Not CCR4-Not complex component, N-terminal;IPR007282 NOT2/NOT3/NOT5;IPR012270 CCR4-NOT complex, subunit 3/ 5	1,90	1,85	2,22			+
FGSG_02510	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	1,48	0,78	2,22			+
FGSG_10687	n.d.	0,10	5,05	2,22		+	+
FGSG_04278	IPR005109 Anp1	0,03	0,18	2,23			+
FGSG_14016	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	-3,63	-0,79	2,23		+	+
FGSG_04284	IPR003107 RNA-processing protein, HAT helix;IPR011990 Tetra-ricopeptide-like helical	0,70	0,28	2,23			+
FGSG_02010	IPR001680 WD40 repeat;IPR006594 LisH dimerisation motif;IPR007582 TFIID subunit, WD40-associated region;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR013720 LisH dimerisation motif, subgroup;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,87	0,63	2,23			+
FGSG_00870	IPR007234 Vps53-like, N-terminal	1,30	0,88	2,24			+
FGSG_09266	IPR000590 Hydroxymethylglutaryl-coenzyme A synthase, active site;IPR010122 Hydroxymethylglutaryl-CoA synthase, eukaryotic;IPR013528 Hydroxymethylglutaryl-coenzyme A synthase, N-terminal;IPR013746 Hydroxymethylglutaryl-coenzyme A synthase C-terminal;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like	2,67	1,74	2,24		+	+
FGSG_04095	IPR006153 Cation/H ⁺ exchanger;IPR013928 Alkali metal cation/H ⁺ antiporter Nha1, C-terminal	-1,29	-1,58	2,24			+
FGSG_05781	n.d.	4,14	4,37	2,25		+	+
FGSG_06751	IPR004631 4-aminobutyrate aminotransferase, eukaryotic;IPR005814 Aminotransferase class-III;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	3,09	1,52	2,25		+	+
FGSG_10664	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	-0,47	-1,76	2,25			+
FGSG_17640	IPR024553 Domain of unknown function DUF2828	-2,52	-0,79	2,25		+	+
FGSG_10292	IPR001394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2;IPR018200 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2, conserved site	0,42	0,38	2,25			+
FGSG_09981	IPR000648 Oxysterol-binding protein;IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR009038 GOLD;IPR011993 Pleckstrin homology-type	0,09	-0,04	2,26			+
FGSG_00916	IPR000684 RNA polymerase II, heptapeptide repeat, eukaryotic;IPR000722 RNA polymerase, alpha subunit;IPR006592 RNA polymerase, N-terminal;IPR007066 RNA polymerase Rpb1, domain 3;IPR007073 RNA polymerase Rpb1, domain 7;IPR007075 RNA polymerase Rpb1, domain 6;IPR007080 RNA polymerase Rpb1, domain 1;IPR007081 RNA polymerase Rpb1,	0,45	0,59	2,26			+

	domain 5;IPR007083 RNA polymerase Rpb1, domain 4					
FGSG_06325	IPR001547 Glycoside hydrolase, family 5;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily;IPR018087 Glycoside hydrolase, family 5, conserved site	0,26	-0,12	2,26		+
FGSG_00297	IPR001965 Zinc finger, PHD-type;IPR011011 Zinc finger, FYVE/PHD-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR019786 Zinc finger, PHD-type, conserved site;IPR019787 Zinc finger, PHD-finger	1,60	1,98	2,26		+
FGSG_07332	IPR001394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2	-1,14	0,48	2,27		
FGSG_05831	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-1,05	0,25	2,27		+
FGSG_16947	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	-0,36	0,09	2,28		+
FGSG_02793	IPR000237 GRIP;IPR009053 Prefoldin	1,03	0,83	2,28		+
FGSG_03242	IPR005069 Nucleotide-diphospho-sugar transferase	1,02	0,45	2,28		+
FGSG_17042	IPR011598 Helix-loop-helix DNA-binding;IPR019006 Domain of unknown function DUF2014	1,34	1,02	2,29		+
FGSG_08015	n.d.	-1,18	-0,09	2,29		
FGSG_06395	IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR004179 Sec63 domain;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase	-0,40	-1,11	2,30		+
FGSG_06687	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,10	0,52	2,30		+
FGSG_05848	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	1,85	-0,06	2,30		+
FGSG_11236	IPR007312 Phosphoesterase	0,51	-0,56	2,30		+
FGSG_00604	IPR001962 Asparagine synthase;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold;IPR017932 Glutamine amidotransferase, type II	1,16	-0,31	2,31		+
FGSG_11986	IPR006076 FAD dependent oxidoreductase	-1,17	-1,41	2,31		+
FGSG_03838	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	2,18	-1,15	2,31	+	+
FGSG_16841	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	1,32	0,80	2,32		+
FGSG_08819	n.d.	1,59	0,96	2,33	+	+
FGSG_09206	IPR001567 Peptidase M3A/M3B;IPR024077 Neurolysin/Thimet oligopeptidase, domain 2;IPR024079 Metallopeptidase, catalytic domain;IPR024080 Neurolysin/Thimet oligopeptidase, N-terminal	-0,74	-0,66	2,33		+
FGSG_09049	IPR001917 Aminotransferase, class-II, pyridoxal-phosphate binding site;IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-1,87	-0,33	2,33		+
FGSG_09728	IPR002099 DNA mismatch repair protein;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR011886 DNA mismatch repair protein Mlh1;IPR013507 DNA mismatch repair protein, C-terminal;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR014762 DNA mismatch repair, conserved site;IPR014763 DNA mismatch repair protein, N-terminal;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	1,63	1,72	2,33		+

FGSG_15867	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain;IPR020636 Calcium/calmodulin-dependent/calcium-dependent protein kinase	0,34	0,70	2,34			+	
FGSG_05797	IPR001563 Peptidase S10, serine carboxypeptidase;IPR018202 Peptidase S10, serine carboxypeptidase, active site	0,70	-1,43	2,34			+	
FGSG_10104	IPR013175 INO80 complex, subunit les4	2,97	3,58	2,34			+	
FGSG_03976	IPR006767 Cwf19-like protein, C-terminal domain-2;IPR006768 Cwf19-like, C-terminal domain-1	1,08	1,69	2,34			+	
FGSG_00574	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	1,79	0,68	2,34			+	
FGSG_09980	IPR004886 Glycolipid anchored surface protein GAS1;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,25	0,41	2,35			+	
FGSG_08667	IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR013328 Dehydrogenase, multihelical;IPR013332 Ketopantoate reductase ApbA/PanE, N-terminal;IPR013752 Ketopantoate reductase ApbA/PanE, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	2,71	2,08	2,35		+	+	
FGSG_09187	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,45	0,31	2,36		+	+	
FGSG_03063	IPR001905 Ammonium transporter;IPR002229 Blood group Rhesus C/E/D polypeptide;IPR018047 Ammonium transporter, conserved site;IPR024041 Ammonium transporter AmtB-like	-1,03	0,31	2,36			+	
FGSG_15760	IPR021665 Mediator complex, subunit Med16	0,54	0,72	2,36			+	
FGSG_05736	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR024372 Proteasome stabiliser ECM29	-0,20	-0,29	2,37			+	
FGSG_02244	IPR001261 ArgE/DapE/ACY1/CPG2/YscS, conserved site;IPR001680 WD40 repeat;IPR002933 Peptidase M20;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017149 Glutathione degradosome, DUG2;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	1,58	0,91	2,37			+	
FGSG_09526	n.d.	-0,73	0,94	2,37			+	
FGSG_06165	IPR006073 GTP1/OBG;IPR010674 Nucleolar GTP-binding 1;IPR012973 NOG, C-terminal	-0,50	0,17	2,37			+	
FGSG_01210	IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR003100 Argonaute/Dicer protein, PAZ;IPR004179 Sec63 domain;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase	0,55	-0,59	2,38			+	
FGSG_00302	IPR004843 Metallophosphoesterase domain;IPR007708 Lariat debranching enzyme, C-terminal	0,31	-0,48	2,38			+	
FGSG_07245	IPR004871 Cleavage/polyadenylation specificity factor, A subunit, C-terminal;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	-0,19	-0,57	2,38			+	
FGSG_01634	n.d.	1,97	1,27	2,38			+	
FGSG_10001	IPR002415 H/ACA ribonucleoprotein complex, subunit Nhp2, eukaryote;IPR004037 Ribosomal protein L7Ae conserved site;IPR004038 Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45;IPR018492 Ribosomal protein L7Ae/L8/Nhp2 family	1,81	1,65	2,38		+	+	+
FGSG_16848	IPR002573 Choline/ethanolamine kinase;IPR011009 Protein kinase-like domain	2,99	2,39	2,39			+	
FGSG_08312	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR010929 CDR ABC transporter;IPR013525 ABC-2 type transporter;IPR017871 ABC transporter, conserved site	0,10	-1,04	2,39			+	
FGSG_05081	IPR001680 WD40 repeat;IPR007319 Small-subunit processome, Utp21;IPR011047 Quinonprotein alcohol dehydrogenase-like;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,90	-1,22	2,39			+	
FGSG_04404	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR012952 BING4, C-terminal;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	0,28	1,43	2,39			+	

FGSG_07941	IPR000014 PAS;IPR000679 Zinc finger, GATA-type;IPR01610 PAC motif;IPR013088 Zinc finger, NHR/GATA-type;IPR013655 PAS fold-3	3,32	2,41	2,39	+	+
FGSG_00138	IPR000534 Semialdehyde dehydrogenase, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,27	0,13	2,40		+
FGSG_10869	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR022100 Protein of unknown function DUF3639	1,65	-0,11	2,40		+
FGSG_02067	IPR001362 Glycoside hydrolase, family 32;IPR013148 Glycosyl hydrolases family 32, N-terminal;IPR023296 Glycosyl hydrolase family 43, five-bladed beta-propellor domain	-0,33	0,22	2,41		+
FGSG_16682	IPR011016 Zinc finger, RING-CH-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type	0,71	-0,58	2,41		+
FGSG_03655	IPR000683 Oxidoreductase, N-terminal;IPR004104 Oxidoreductase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,89	-1,64	2,41		+
FGSG_04170	IPR007219 Transcription factor, fungi	0,55	0,20	2,41		+
FGSG_07171	IPR001680 WD40 repeat;IPR006595 CTLH, C-terminal LisH motif;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	0,13	0,08	2,42		+
FGSG_05498	IPR003958 Transcription factor CBF/NF-Y/archaeal histone;IPR009072 Histone-fold	3,05	3,63	2,42	+	+
FGSG_00209	n.d.	0,79	0,21	2,42		+
FGSG_02574	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like	-0,52	0,68	2,42		+
FGSG_13861	IPR006102 Glycoside hydrolase, family 2, immunoglobulin-like beta-sandwich;IPR006104 Glycoside hydrolase, family 2, N-terminal;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013812 Glycoside hydrolase, family 2/20, immunoglobulin-like beta-sandwich domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,15	-0,41	2,42		+
FGSG_13640	IPR000591 DEP domain;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR022046 Protein of unknown function DUF3608	0,55	1,68	2,42		+
FGSG_16828	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	1,34	1,06	2,43		+
FGSG_07650	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	-0,78	0,00	2,43		+
FGSG_09338	IPR022591 Transcription initiation factor TFIID subunit 1, domain of unknown function	1,55	1,27	2,43		+
FGSG_08749	IPR001411 Tetracycline resistance protein TetB/drug resistance transporter;IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	-0,41	-0,23	2,43		+
FGSG_16293	IPR009486 Purine nucleoside permease	-2,09	-1,99	2,43		+
FGSG_01287	IPR009771 Ribosome control protein 1;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	0,34	0,93	2,43		+
FGSG_13009	IPR011051 Cupin, RmlC-type;IPR013096 Cupin 2, conserved barrel;IPR014710 RmlC-like jelly roll fold	0,77	1,02	2,44		+
FGSG_08572	IPR000219 Dbl homology (DH) domain;IPR000591 DEP domain;IPR001180 Citron-like;IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding;IPR011993 Pleckstrin homology-type	0,92	1,20	2,45		+
FGSG_00374	IPR018996 Inner nuclear membrane protein MAN1	0,02	0,40	2,45		+
FGSG_16900	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-1,21	-0,16	2,45		+
FGSG_11976	IPR007316 Eukaryotic initiation factor 3, gamma subunit	-0,79	0,47	2,46		+
FGSG_06361	n.d.	1,58	1,37	2,46		+
FGSG_07393	IPR009287 Transcription initiation Spt4;IPR016046 Transcription initiation Spt4-like;IPR022800 Spt4/RpoE2 zinc finger	3,10	2,91	2,46	+	+
FGSG_00406	IPR000560 Histidine phosphatase superfamily, clade-2	0,34	0,65	2,47		+

FGSG_17324	IPR017946 PLC-like phosphodiesterase, TIM beta/alpha-barrel domain	0,91	-0,61	2,47		+
FGSG_01640	IPR001296 Glycosyl transferase, family 1	1,48	0,37	2,47		+
FGSG_00296	IPR000634 Serine/threonine dehydratase, pyridoxal-phosphate-binding site;IPR001721 Threonine dehydratase, C-terminal;IPR001926 Pyridoxal phosphate-dependent enzyme, beta subunit;IPR005787 Threonine dehydratase I	-0,91	0,50	2,49		+
FGSG_02829	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	3,39	2,96	2,49		+
FGSG_02287	IPR002655 Acyl-CoA oxidase, C-terminal;IPR006090 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, type 1;IPR006091 Acyl-CoA oxidase/dehydrogenase, central domain;IPR009075 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase C-terminal;IPR009100 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase;IPR012258 Acyl-CoA oxidase;IPR013786 Acyl-CoA dehydrogenase/oxidase, N-terminal;IPR023570 Acyl-CoA oxidase, peroxisomal	-4,02	0,37	2,49	+	+
FGSG_05780	IPR000195 Rab-GAP/TBC domain	0,17	0,86	2,49		+
FGSG_08209	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR001242 Condensation domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020845 AMP-binding, conserved site	2,42	0,36	2,51	+	+
FGSG_17028	IPR007196 CCR4-Not complex component, Not1, C-terminal;IPR024557 CCR4-Not complex, Not1 subunit, domain of unknown function DUF3819	0,79	0,87	2,51		+
FGSG_13552	IPR003000 NAD-dependent deacetylase, sirtuin family	-0,16	-0,06	2,51		+
FGSG_07704	n.d.	3,29	-0,25	2,52	+	+
FGSG_01351	IPR005556 SUN	1,82	0,98	2,52		+
FGSG_09195	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	0,04	-0,50	2,53		+
FGSG_12178	n.d.	0,78	0,73	2,53		+
FGSG_09337	IPR000120 Amidase;IPR015830 Amidase, fungi;IPR023631 Amidase signature domain	-0,72	0,42	2,53		+
FGSG_16951	n.d.	1,08	1,76	2,54		+
FGSG_02766	IPR001683 Phox homologous domain;IPR003123 Vacuolar sorting protein 9;IPR020675 Myosin light chain kinase-related;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	0,19	0,39	2,54		+
FGSG_10558	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	-0,03	-0,11	2,55		+
FGSG_01870	IPR000692 Fibrillarin	2,21	1,39	2,55	+	+
FGSG_12507	n.d.	-0,27	-0,16	2,55		+
FGSG_07524	IPR005100 Transcription elongation factor Spt5, NGN domain;IPR005824 KOW;IPR008991 Translation protein SH3-like;IPR017071 Transcription elongation factor Spt5;IPR022581 Spt5 transcription elongation factor, N-terminal	0,84	0,79	2,55		+
FGSG_08516	IPR001965 Zinc finger, PHD-type;IPR003903 Ubiquitin interacting motif;IPR011011 Zinc finger, FYVE/PHD-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR019786 Zinc finger, PHD-type, conserved site;IPR019787 Zinc finger, PHD-finger	0,16	1,07	2,55		+
FGSG_02472	n.d.	0,69	-0,08	2,56		+
FGSG_07130	n.d.	-1,02	-1,10	2,56		+
FGSG_00184	IPR000757 Glycoside hydrolase, family 16;IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase;IPR013320 Concanavalin A-like lectin/glucanase, subgroup	0,92	0,41	2,56		+
FGSG_09695	IPR020946 Flavin monooxygenase-like	-1,82	-0,71	2,56	+	+
FGSG_04117	IPR006095 Glutamate/phenylalanine/leucine/valine dehydrogenase;IPR006096 Glutamate/phenylalanine/leucine/valine dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR016210 Glutamate dehydrogenase, NAD-dependent	0,00	0,26	2,57		+
FGSG_01333	IPR002314 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (G/H/P/S), conserved domain;IPR002316 Prolyl-tRNA synthetase, class IIa;IPR004154 Anticodon-	-1,91	-1,61	2,57	+	+

	binding;IPR004500 Prolyl-tRNA synthetase, class IIa, bacterial-type;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II								
FGSG_17517	IPR006895 Zinc finger, Sec23/Sec24-type;IPR006896 Sec23/Sec24, trunk domain;IPR006900 Sec23/Sec24, helical domain;IPR007123 Gelsolin domain;IPR012990 Sec23/Sec24 beta-sandwich	2,72	2,02	2,57		+	+	+	
FGSG_08532	IPR000953 Chromo domain/shadow;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR007406 Prokaryotic chromosome segregation/condensation protein MukB, N-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR015688 Elongation Factor 3;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR023780 Chromo domain	0,06	0,29	2,58				+	
FGSG_07044	IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR002867 Zinc finger, C6HC-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR017907 Zinc finger, RING-type, conserved site	-0,24	-1,17	2,59				+	
FGSG_10269	IPR000330 SNF2-related;IPR001005 SANT domain, DNA binding;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR009057 Homeodomain-like;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR015194 ATPase, nucleosome remodelling ISWI, HAND domain;IPR015195 SLIDE;IPR017884 SANT, eukarya	0,97	1,23	2,59				+	
FGSG_06089	IPR000403 Phosphatidylinositol 3-/4-kinase, catalytic;IPR003151 PIK-related kinase, FAT;IPR003152 PIK-related kinase, FATC;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR014009 PIK-related kinase;IPR016024 Armadillo-type fold	0,95	0,96	2,60				+	
FGSG_17161	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core	-0,29	1,34	2,60				+	
FGSG_15764	IPR000651 Ras-like guanine nucleotide exchange factor, N-terminal;IPR001895 Guanine-nucleotide dissociation stimulator CDC25;IPR008937 Ras guanine nucleotide exchange factor;IPR013684 Mitochondrial Rho-like;IPR023578 Ras guanine nucleotide exchange factor, domain	0,65	0,52	2,60				+	
FGSG_00327	IPR001357 BRCT;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR008921 DNA polymerase III, clamp loader complex, gamma/delta/delta subunit, C-terminal;IPR012178 DNA replication factor C, large subunit;IPR013725 DNA replication factor RFC1, C-terminal	2,26	1,43	2,61		+		+	
FGSG_05721	IPR000375 Dynamin central domain;IPR001401 Dynamin, GTPase domain;IPR020850 GTPase effector domain, GED;IPR022812 Dynamin	1,28	0,78	2,62				+	
FGSG_02118	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV	-0,09	0,49	2,62				+	
FGSG_11055	IPR013529 Glycoside hydrolase, family 42, N-terminal;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,67	0,32	2,62				+	
FGSG_10962	n.d.	-0,57	1,62	2,62				+	
FGSG_01553	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR012978 Uncharacterised domain NUC173;IPR016024 Armadillo-type fold	-0,51	-0,43	2,62				+	
FGSG_06477	IPR004235 Scytalone dehydratase	2,40	0,56	2,62		+		+	
FGSG_00377	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,53	0,96	2,63				+	
FGSG_06044	IPR003228 Transcription initiation factor TFIID;IPR009072 Histone-fold	1,31	0,18	2,63				+	
FGSG_05585	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup	-0,51	-0,28	2,63				+	
FGSG_09930	IPR006935 Helicase/UvrB domain;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR018999 RNA helicase UPF1, UPF2-interacting domain	1,81	0,94	2,64				+	
FGSG_16765	IPR001715 Calponin homology domain;IPR003096 Smooth muscle protein/calponin	1,90	2,15	2,64				+	
FGSG_07055	IPR001680 WD40 repeat;IPR007148 Small-subunit processome, Utp12;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	-0,40	-0,19	2,65				+	
FGSG_01599	n.d.	-0,29	0,71	2,67				+	
FGSG_10033	IPR007151 Mpp10 protein;IPR012173 U3 small nucleolar ribonucleoprotein complex, subunit Mpp10p	-0,35	0,12	2,68				+	

FGSG_02511	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	2,82	3,82	2,69		+	+
FGSG_17605	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,63	0,76	2,69			+
FGSG_10535	IPR000210 BTB/POZ-like;IPR011333 BTB/POZ fold;IPR013069 BTB/POZ	0,34	0,57	2,69			+
FGSG_00504	IPR001208 Mini-chromosome maintenance, DNA-dependent ATPase;IPR008047 Mini-chromosome maintenance complex protein 4;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR018525 Mini-chromosome maintenance, conserved site	2,08	1,29	2,69			+
FGSG_05243	IPR005599 GPI mannosyltransferase	0,30	1,35	2,69			+
FGSG_02322	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	-0,85	0,90	2,69			+
FGSG_09385	IPR007704 Mannosyltransferase, DXD	3,02	2,51	2,70			+
FGSG_17401	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV	0,09	0,76	2,70			+
FGSG_00554	IPR002068 Heat shock protein Hsp20;IPR008978 HSP20-like chaperone	0,08	0,22	2,71			+
FGSG_05518	IPR021827 Protein of unknown function DUF3414	1,54	1,31	2,71			+
FGSG_08821	IPR000951 Phthalate dioxygenase reductase;IPR001041 Ferredoxin;IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR005163 3-alpha domain;IPR005302 Molybdenum cofactor sulfurase, C-terminal;IPR006058 2Fe-2S ferredoxin, iron-sulphur binding site;IPR008333 Oxidoreductase, FAD-binding domain;IPR011037 Pyruvate kinase-like, insert domain;IPR012675 Beta-grasp fold, ferredoxin-type;IPR015808 Molybdenum cofactor sulfurase, C-terminal-like;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel	0,16	0,08	2,72			+
FGSG_11781	IPR001611 Leucine-rich repeat;IPR005637 TAP, C-terminal;IPR009060 UBA-like;IPR018222 Nuclear transport factor 2, Eukaryote	0,63	1,34	2,72			+
FGSG_04313	IPR004193 Glycoside hydrolase, family 13, N-terminal;IPR006047 Glycosyl hydrolase, family 13, catalytic domain;IPR006048 Alpha-amylase, C-terminal all beta;IPR006589 Glycosyl hydrolase, family 13, subfamily, catalytic domain;IPR013780 Glycosyl hydrolase, family 13, all-beta;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013783 Immunoglobulin-like fold;IPR014756 Immunoglobulin E-set;IPR015902 Alpha amylase;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-1,30	0,28	2,72	+		+
FGSG_09158	IPR011685 LETM1-like	-0,58	0,29	2,72			+
FGSG_17260	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core	0,76	1,25	2,72			+
FGSG_08421	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR002004 Polyadenylate-binding protein/Hyperplastic disc protein;IPR003954 RNA recognition motif domain, eukaryote;IPR006515 Polyadenylate binding protein, human types 1, 2, 3, 4;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	1,50	1,36	2,73	+		+
FGSG_05487	IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site	2,66	2,13	2,73	+	+	+
FGSG_15936	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR007111 NACHT nucleoside triphosphatase;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	-0,05	1,48	2,74			+
FGSG_06114	IPR018946 Alkaline phosphatase D-related	1,09	1,21	2,74			+
FGSG_15912	IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	1,72	-0,67	2,74			+
FGSG_11564	n.d.	-0,45	-0,38	2,74			+
FGSG_10311	n.d.	0,19	-0,93	2,74			+
FGSG_01429	IPR007231 Nucleoporin interacting component Nup93/Nic96	2,46	1,58	2,75	+		+
FGSG_00726	n.d.	0,72	1,32	2,75			+
FGSG_03564	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acetyltransferase	0,79	0,56	2,76			+
FGSG_05737	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	2,79	2,18	2,76	+		+
FGSG_06760	IPR000910 High mobility group, HMG1/HMG2;IPR009071 High mobility group, superfamily	2,83	2,79	2,76	+	+	+
FGSG_16157	n.d.	0,88	0,30	2,76			+

FGSG_04734	IPR001360 Glycoside hydrolase, family 1;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like;IPR016518 Alpha-L-fucosidase	0,06	0,80	2,77		+
FGSG_05847	IPR001002 Chitin-binding, type 1;IPR002509 Polysaccharide deacetylase;IPR011330 Glycoside hydrolase/deacetylase, beta/alpha-barrel;IPR018371 Chitin-binding, type 1, conserved site	0,53	0,93	2,77		+
FGSG_05377	IPR001660 Sterile alpha motif domain;IPR011510 Sterile alpha motif, type 2;IPR013761 Sterile alpha motif/pointed domain	2,90	1,74	2,78		+
FGSG_13549	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	1,34	0,01	2,78		+
FGSG_02690	IPR001547 Glycoside hydrolase, family 5;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,11	0,49	2,79		+
FGSG_03650	IPR005502 ADP-ribosylation/Crystallin J1	1,31	-0,59	2,79		+
FGSG_02327	IPR000960 Flavin monooxygenase FMO;IPR012143 Dimethylaniline monooxygenase, N-oxide-forming;IPR020946 Flavin monooxygenase-like	-3,03	-1,54	2,79		+
FGSG_01193	IPR013933 Chromatin-remodelling complex, RSC SWI/SNF subunit Rsc7/Swp82	1,20	0,83	2,80		+
FGSG_04546	IPR001563 Peptidase S10, serine carboxypeptidase;IPR018202 Peptidase S10, serine carboxypeptidase, active site	-1,68	-2,68	2,81		+
FGSG_03719	n.d.	0,40	0,06	2,82		+
FGSG_07379	IPR001680 WD40 repeat;IPR007148 Small-subunit processome, Utp12;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR011047 Quinonprotein alcohol dehydrogenase-like;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	1,22	1,03	2,83		+
FGSG_13988	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,05	0,01	2,83		+
FGSG_04424	IPR007148 Small-subunit processome, Utp12	0,79	0,03	2,84		+
FGSG_09347	IPR000683 Oxidoreductase, N-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,49	1,47	2,85		+
FGSG_03452	IPR000917 Sulfatase;IPR017849 Alkaline phosphatase-like, alpha/beta/alpha;IPR017850 Alkaline-phosphatase-like, core domain	-0,48	-0,67	2,85		+
FGSG_02699	IPR004689 UDP-galactose transporter;IPR013657 UAA transporter	1,80	1,43	2,85		+
FGSG_17052	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,35	-0,52	2,86		+
FGSG_09799	n.d.	-0,19	0,58	2,86		+
FGSG_00139	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	-1,33	-0,17	2,86		+
FGSG_00869	IPR003961 Fibronectin, type III;IPR013783 Immunoglobulin-like fold	-2,53	1,61	2,87		
FGSG_16693	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,37	0,71	2,87		+
FGSG_06340	IPR005554 Nrap protein	-0,39	1,52	2,87		+
FGSG_02714	IPR002685 Glycosyl transferase, family 15	0,77	0,22	2,87		+
FGSG_03139	IPR001764 Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal;IPR002772 Glycoside hydrolase, family 3, C-terminal;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily;IPR019800 Glycoside hydrolase, family 3, active site	-2,37	-0,51	2,88		+
FGSG_17474	IPR013216 Methyltransferase type 11	4,11	0,43	2,88		+
FGSG_07866	IPR000834 Peptidase M14, carboxypeptidase A	0,78	0,10	2,89		+
FGSG_01282	n.d.	-0,29	-0,73	2,89		+
FGSG_04203	IPR007219 Transcription factor, fungi	0,24	0,55	2,89		+
FGSG_05229	IPR007955 Bystin	0,78	2,30	2,90		+
FGSG_15787	IPR013907 Sds3-like	1,53	0,53	2,90		+

FGSG_03257	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR013120 Male sterility, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding	-1,97	1,25	2,91			+
FGSG_05344	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR011494 TUP1-like enhancer of split;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019015 HIRA B motif;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	2,70	1,48	2,91		+	+
FGSG_02393	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR010730 Heterokaryon incompatibility;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	0,48	-0,51	2,92			+
FGSG_16962	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,04	0,00	2,92			+
FGSG_07600	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,76	-0,50	2,92			+
FGSG_11408	IPR009799 Ethyl tert-butyl ether degradation EthD;IPR011008 Dimeric alpha-beta barrel	-0,97	-1,54	2,93			+
FGSG_04883	IPR004843 Metallophosphoesterase domain	0,97	-1,14	2,93			+
FGSG_17643	IPR016219 Phosphatidylethanolamine N-methyltransferase, fungi	-1,53	0,15	2,95		+	+
FGSG_17286	IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR007502 Helicase-associated domain;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR011709 Domain of unknown function DUF1605;IPR014001 DEAD-like helicase	0,16	0,46	2,95			+
FGSG_02659	IPR007120 DNA-directed RNA polymerase, subunit 2, domain 6;IPR007121 RNA polymerase, beta subunit, conserved site;IPR007641 RNA polymerase Rpb2, domain 7;IPR007642 RNA polymerase Rpb2, domain 2;IPR007644 RNA polymerase, beta subunit, protrusion;IPR007645 RNA polymerase Rpb2, domain 3;IPR007646 RNA polymerase Rpb2, domain 4;IPR007647 RNA polymerase Rpb2, domain 5;IPR014724 RNA polymerase Rpb2, OB-fold;IPR015712 DNA-directed RNA polymerase, subunit 2	0,89	0,81	2,95			+
FGSG_11024	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-0,20	-0,68	2,96			
FGSG_11317	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	1,50	0,16	2,96			+
FGSG_05977	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like;IPR023313 Ubiquitin-conjugating enzyme, active site	-0,74	-0,46	2,96			+
FGSG_01980	IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,04	0,45	2,96			+
FGSG_01770	n.d.	0,24	0,08	2,97			+
FGSG_17287	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR003107 RNA-processing protein, HAT helix;IPR008669 Lsm interaction;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,28	-0,09	2,97			+
FGSG_00053	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	-1,77	-0,01	2,97		+	+
FGSG_00349	IPR003107 RNA-processing protein, HAT helix;IPR008847 Suppressor of forked	6,33	4,58	2,98		+	+
FGSG_08129	IPR004854 Ubiquitin fusion degradation protein UFD1	0,60	0,22	2,98			+
FGSG_09462	IPR008913 Zinc finger, CHY-type;IPR019294 Bacteriophage Mu, Com, transcription regulator	0,40	-0,76	2,98			+
FGSG_06427	IPR003604 Zinc finger, U1-type;IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like;IPR022755 Zinc finger, double-stranded RNA binding	0,58	-0,05	2,98			+
FGSG_06066	IPR003892 Ubiquitin system component Cue;IPR009060 UBA-like	2,55	2,12	2,99			+
FGSG_08207	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	-1,56	-0,36	2,99		+	+
FGSG_16760	IPR001900 Ribonuclease II/R	1,56	1,69	2,99		+	+
FGSG_04330	IPR006880 PAPA-1-like conserved region	2,67	2,62	3,00		+	+
FGSG_03610	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	1,38	0,15	3,00			+
FGSG_16512	IPR007120 DNA-directed RNA polymerase, subunit 2, domain 6;IPR007121 RNA polymerase, beta subunit, conserved site;IPR007641 RNA polymerase Rpb2, domain 7;IPR007642 RNA	-0,04	0,70	3,01			+

	polymerase Rpb2, domain 2;IPR007644 RNA polymerase, beta subunit, protrusion;IPR007645 RNA polymerase Rpb2, domain 3;IPR007647 RNA polymerase Rpb2, domain 5;IPR009674 RNA polymerase I, Rpa2 specific;IPR015712 DNA-directed RNA polymerase, subunit 2					
FGSG_00433	IPR000253 Forkhead-associated (FHA) domain;IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR008984 SMAD/FHA domain;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,38	-0,60	3,01		+
FGSG_15880	IPR002821 Hydantoinase/oxoprolinase;IPR008040 Hydantoinaseoxoprolinase, N-terminal;IPR010318 Protein of unknown function DUF917;IPR024071 Protein of unknown function DUF917, C-terminal	0,41	-1,60	3,02		+
FGSG_00759	IPR020946 Flavin monooxygenase-like	-0,13	0,80	3,02		+
FGSG_01000	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	1,62	1,48	3,02		+
FGSG_06507	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010080 Thioester reductase;IPR013120 Male sterility, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR;IPR020845 AMP-binding, conserved site	-0,70	0,75	3,03		+
FGSG_07326	IPR002501 Pseudouridine synthase II;IPR014780 tRNA pseudouridine synthase II, TruB;IPR020103 Pseudouridine synthase, catalytic domain	0,23	-0,61	3,03		+
FGSG_02742	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like	1,33	-0,99	3,03		+
FGSG_13728	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	1,47	1,83	3,03		+
FGSG_10346	n.d.	3,50	2,43	3,03	+	+
FGSG_03687	IPR002018 Carboxylesterase, type B;IPR019819 Carboxylesterase type B, conserved site;IPR019826 Carboxylesterase type B, active site	0,51	1,50	3,03		+
FGSG_10781	n.d.	1,94	2,35	3,03		+
FGSG_07606	IPR001176 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase;IPR004838 Aminotransferases, class-I, pyridoxal-phosphate-binding site;IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-0,46	-0,82	3,04		+
FGSG_07415	n.d.	0,30	0,40	3,05		+
FGSG_11782	IPR007015 DNA polymerase V;IPR016024 Armadillo-type fold	-1,62	1,29	3,05		+
FGSG_08736	IPR000169 Peptidase, cysteine peptidase active site;IPR004134 Peptidase C1B, bleomycin hydrolase	1,54	1,58	3,05	+	+
FGSG_01376	n.d.	-0,32	0,74	3,06		+
FGSG_06550	IPR004835 Fungal chitin synthase	1,03	0,93	3,06		+
FGSG_03101	n.d.	-0,58	0,88	3,06		+
FGSG_01330	IPR006683 Thioesterase superfamily	0,34	3,07	3,06		+
FGSG_03431	IPR001670 Alcohol dehydrogenase, iron-type	0,37	0,75	3,07		+
FGSG_03372	n.d.	-1,19	0,05	3,07		+
FGSG_05002	IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR002464 DNA/RNA helicase, ATP-dependent, DEAH-box type, conserved site;IPR003029 Ribosomal protein S1, RNA-binding domain;IPR007502 Helicase-associated domain;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR011709 Domain of unknown function DUF1605;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR022967 RNA-binding domain, S1	2,31	-0,07	3,07		+
FGSG_06517	IPR000581 Dihydroxy-acid/6-phosphogluconate dehydratase;IPR015928 Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase, swivel;IPR020558	-3,52	-0,81	3,08	+	+

	Dihydroxy-acid/6-phosphogluconate dehydratase, conserved site						
FGSG_04177	IPR003959 ATPase, AAA-type, core	0,93	-0,80	3,08			+
FGSG_10189	IPR000253 Forkhead-associated (FHA) domain;IPR001752 Kinesin, motor domain;IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR008984 SMAD/FHA domain;IPR011993 Pleckstrin homology-type;IPR019821 Kinesin, motor region, conserved site;IPR022140 Kinesin protein 1B;IPR022164 Kinesin-like	1,62	-0,19	3,08	+		+
FGSG_03831	n.d.	-0,25	0,96	3,09			+
FGSG_12741	IPR005123 Oxoglutarate/iron-dependent oxygenase;IPR006620 Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit	0,58	0,29	3,09			+
FGSG_16811	n.d.	1,88	2,45	3,10	+	+	+
FGSG_06580	IPR000022 Carboxyl transferase;IPR000089 Biotin/lipoyl attachment;IPR001882 Biotin-binding site;IPR005479 Carbamoyl-phosphate synthetase, large subunit, ATP-binding;IPR005481 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, N-terminal;IPR005482 Biotin carboxylase, C-terminal;IPR011053 Single hybrid motif;IPR011054 Rudiment single hybrid motif;IPR011761 ATP-grasp fold;IPR011762 Acetyl-coenzyme A carboxyltransferase, N-terminal;IPR011763 Acetyl-coenzyme A carboxyltransferase, C-terminal;IPR011764 Biotin carboxylation domain;IPR013537 Acetyl-CoA carboxylase, central domain;IPR013815 ATP-grasp fold, subdomain 1;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR013817 Pre-ATP-grasp fold;IPR016185 PreATP-grasp-like fold	-1,04	0,31	3,10			+
FGSG_15709	n.d.	-0,36	3,31	3,10		+	+
FGSG_08339	IPR018305 Ribosomal protein L50, mitochondria	-0,16	0,88	3,11			+
FGSG_02637	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	-1,40	-1,09	3,11			+
FGSG_01059	IPR001179 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FKBP-type, domain;IPR023566 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FKBP-type	1,13	0,73	3,11			+
FGSG_00475	IPR004108 Iron hydrogenase, large subunit, C-terminal;IPR009016 Iron hydrogenase	1,07	-0,06	3,13			+
FGSG_01304	IPR006630 RNA-binding protein Lupus La;IPR011991 Winged helix-turn-helix transcription repressor DNA-binding	1,74	1,42	3,14			+
FGSG_05987	IPR001345 Phosphoglycerate/bisphosphoglycerate mutase, active site;IPR013078 Histidine phosphatase superfamily, clade-1	-0,26	-1,17	3,15			+
FGSG_05641	IPR007308 Protein of unknown function DUF408	1,64	2,55	3,15			+
FGSG_09099	IPR002018 Carboxylesterase, type B;IPR019819 Carboxylesterase type B, conserved site;IPR019826 Carboxylesterase type B, active site	0,21	0,27	3,15			+
FGSG_00877	IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	-0,92	-1,07	3,16			+
FGSG_03682	IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	1,05	0,63	3,16			+
FGSG_05080	IPR000917 Sulfatase;IPR017849 Alkaline phosphatase-like, alpha/beta/alpha;IPR017850 Alkaline-phosphatase-like, core domain	-1,23	0,23	3,16			+
FGSG_10626	IPR003719 Phenazine biosynthesis PhzC/PhzF protein	0,95	-1,13	3,16			+
FGSG_17518	IPR002498 Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, core;IPR016034 Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, core, subgroup;IPR023610 Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase	-0,84	0,30	3,17			+
FGSG_08237	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	-0,64	-0,42	3,18			+
FGSG_01318	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	1,51	1,76	3,18			+
FGSG_16766	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR003954 RNA recognition motif domain, eukaryote;IPR006529 U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	3,74	3,11	3,19	+	+	+
FGSG_11178	n.d.	0,89	0,58	3,19			+
FGSG_05671	IPR004870 Nucleoporin, Nup155-like;IPR007187 Nucleoporin, Nup133/Nup155-like, C-terminal;IPR014908 Nucleoporin, Nup133/Nup155-like, N-terminal	2,26	1,55	3,20	+		+
FGSG_02893	IPR004303 Protein-arginine deiminase;IPR013530 Protein-arginine deiminase, C-terminal;IPR013733 Protein-arginine deiminase (PAD), central domain	0,12	0,28	3,20			+

FGSG_10797	IPR002312 Aspartyl/Asparaginyl-tRNA synthetase, class IIb;IPR004364 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (D/K/N);IPR004365 Nucleic acid binding, OB-fold, tRNA/helicase-type;IPR004522 Asparaginyl-tRNA synthetase, class IIb;IPR006195 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR018150 Aminoacyl-tRNA synthetase, class II (D/K/N)-like	0,44	-0,75	3,20				+
FGSG_01866	IPR000415 Nitroreductase-like	-2,43	-2,03	3,20				+
FGSG_05444	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait;IPR018835 RNA-binding domain, putative	1,18	2,18	3,21				+
FGSG_16991	IPR004567 Type II pantothenate kinase	0,33	0,24	3,21				+
FGSG_06678	IPR001440 Tetratricopeptide TPR-1;IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR003095 Heat shock protein DnaJ;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR013105 Tetratricopeptide TPR2;IPR018253 Heat shock protein DnaJ, conserved site;IPR019734 Tetratricopeptide repeat;IPR023114 Elongated TPR repeat-containing domain	0,80	0,94	3,21				+
FGSG_04188	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	-0,11	0,47	3,21				+
FGSG_02938	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase	1,59	-0,06	3,21				+
FGSG_10043	IPR006992 Amidohydrolase 2;IPR008146 Glutamine synthetase, catalytic domain;IPR014746 Glutamine synthetase/guanido kinase, catalytic domain	-1,17	-0,29	3,21				+
FGSG_17310	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR018983 U3 small nucleolar RNA-associated protein 15, C-terminal;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,39	-0,18	3,21				+
FGSG_05683	IPR020946 Flavin monooxygenase-like	-2,27	-1,57	3,22			+	+
FGSG_08788	IPR007567 Mid2-like cell wall stress sensor	1,09	-0,23	3,22				+
FGSG_12596	IPR013094 Alpha/beta hydrolase fold-3	-2,24	1,84	3,23				+
FGSG_10082	IPR005920 Imidazolonepropionase;IPR013108 Amidohydrolase 3	-2,88	-0,30	3,23			+	+
FGSG_03933	IPR007325 Putative cyclase	1,22	1,27	3,24				+
FGSG_00477	IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR013087 Zinc finger, C2H2-type/integrase, DNA-binding;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like	3,31	2,75	3,24			+	+
FGSG_05411	IPR000086 NUDIX hydrolase domain;IPR007722 mRNA decapping protein 2, Box A;IPR015797 NUDIX hydrolase domain-like;IPR020084 NUDIX hydrolase, conserved site	4,94	3,94	3,25			+	+
FGSG_00380	IPR001394 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2;IPR018200 Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2, conserved site	0,21	0,60	3,26				+
FGSG_09036	IPR007264 H/ACA ribonucleoprotein complex, subunit Nop10	2,77	2,58	3,27			+	+
FGSG_02891	IPR001810 F-box domain, cyclin-like;IPR022364 F-box domain, Skp2-like	0,98	1,16	3,27				+
FGSG_11474	IPR007344 Uncharacterised protein family UPF0157	2,54	1,24	3,28			+	+
FGSG_03285	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-2,16	0,10	3,28			+	+
FGSG_05195	IPR005801 ADC synthase;IPR006805 Anthranilate synthase component I, N-terminal;IPR010117 Para-aminobenzoate synthase;IPR011702 Glutamine amidotransferase superfamily;IPR015890 Chorismate binding, C-terminal;IPR017926 Glutamine amidotransferase type 1	-0,10	-0,14	3,29				+
FGSG_03616	IPR001568 Ribonuclease T2;IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR012951 Berberine/berberine-like;IPR016166 FAD-binding, type 2	0,13	2,27	3,29				+
FGSG_00841	IPR001313 Pumilio RNA-binding repeat;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	0,45	1,30	3,29				+
FGSG_03765	n.d.	0,59	-0,22	3,29				+
FGSG_06158	IPR007259 Spc97/Spc98	-0,68	0,43	3,30				+
FGSG_08122	n.d.	0,95	-0,50	3,31				+

FGSG_10716	IPR001878 Zinc finger, CCHC-type;IPR004859 Putative 5-3' exonuclease;IPR017151 5'-3' exoribonuclease 2	1,90	1,82	3,32	+	+	+
FGSG_04101	IPR000159 Ras-association;IPR001660 Sterile alpha motif domain;IPR011510 Sterile alpha motif, type 2;IPR013761 Sterile alpha motif/pointed domain	1,88	0,46	3,32			+
FGSG_10511	IPR000219 Dbl homology (DH) domain;IPR000270 Phox/Bem1p;IPR001331 Guanine-nucleotide dissociation stimulator, CDC24, conserved site;IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR010481 CDC24 calponin;IPR011993 Pleckstrin homology-type	0,47	1,40	3,33			+
FGSG_02665	n.d.	0,66	-0,63	3,34			+
FGSG_06554	IPR002226 Catalase haem-binding site;IPR002818 Thi/Pfp;IPR010582 Catalase-related immune responsive;IPR011614 Catalase, N-terminal;IPR018028 Catalase, mono-functional, haem-containing;IPR020835 Catalase domain;IPR024708 Catalase active site	-1,63	4,50	3,34		+	+
FGSG_00150	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	0,29	2,79	3,35			+
FGSG_01904	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	3,58	3,02	3,35	+	+	+
FGSG_06049	IPR002121 Helicase/RNase D C-terminal, HRDC domain;IPR002562 3'-5' exonuclease;IPR010997 HRDC-like;IPR012337 Ribonuclease H-like;IPR012588 Exosome-associated factor Rrp6, N-terminal	0,26	0,46	3,35			+
FGSG_03482	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	-0,80	0,21	3,36			+
FGSG_00892	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,16	0,23	3,36			+
FGSG_10351	IPR003732 D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase;IPR023509 D-Tyr tRNA ^{Tyr} deacylase-like domain	1,03	1,27	3,36			+
FGSG_12291	IPR011990 Tetratricopeptide-like helical	-1,41	-0,44	3,37			+
FGSG_09035	IPR001985 S-adenosylmethionine decarboxylase;IPR016067 S-adenosylmethionine decarboxylase, core;IPR018166 S-adenosylmethionine decarboxylase, conserved site;IPR018167 S-adenosylmethionine decarboxylase subgroup	-0,70	0,67	3,37			+
FGSG_09406	n.d.	0,31	1,39	3,38			+
FGSG_00270	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	-0,72	-1,16	3,38			+
FGSG_03662	n.d.	1,17	-0,83	3,38			+
FGSG_16209	IPR002656 Acyltransferase 3	0,43	0,25	3,38			+
FGSG_00695	IPR001357 BRCT;IPR010613 Pescadillo	0,45	-0,12	3,39			+
FGSG_11988	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	-1,93	-0,86	3,40			+
FGSG_09996	IPR018545 CASC3/Barentsz eIF4AIII binding	2,22	2,53	3,40	+	+	+
FGSG_07102	IPR000330 SNF2-related;IPR000953 Chromo domain/shadow;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR016197 Chromo domain-like;IPR023780 Chromo domain	-0,01	0,94	3,40			+
FGSG_13623	IPR007146 Sas10/Utp3/C1D	0,48	0,69	3,41			+
FGSG_03525	n.d.	0,17	0,91	3,41			+
FGSG_10910	IPR001128 Cytochrome P450	0,71	-0,81	3,42			+
FGSG_03581	n.d.	0,50	0,64	3,43			+
FGSG_06849	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	0,80	0,54	3,43			+
FGSG_10378	IPR003848 Domain of unknown function DUF218;IPR014729 Rossmann-like alpha/beta/alpha sandwich fold	0,10	0,15	3,44			+

FGSG_07222	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site	1,07	1,68	3,44		+
FGSG_01681	IPR011095 D-alanine--D-alanine ligase, C-terminal;IPR011761 ATP-grasp fold;IPR013815 ATP-grasp fold, subdomain 1;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2	-0,46	-0,78	3,45		+
FGSG_16491	IPR000159 Ras-association;IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR001660 Sterile alpha motif domain;IPR002290 Serine/threonine-protein kinase, catalytic domain;IPR008271 Serine/threonine-protein kinase, active site;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR011510 Sterile alpha motif, type 2;IPR013761 Sterile alpha motif/pointed domain;IPR017441 Protein kinase, ATP binding site;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain;IPR020635 Tyrosine-protein kinase, catalytic domain	0,67	0,19	3,45		+
FGSG_01787	n.d.	-1,54	0,06	3,46		+
FGSG_12819	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acetyltransferase	-0,29	0,72	3,46		+
FGSG_04291	IPR000722 RNA polymerase, alpha subunit;IPR006592 RNA polymerase, N-terminal;IPR007066 RNA polymerase Rpb1, domain 3;IPR007080 RNA polymerase Rpb1, domain 1;IPR007081 RNA polymerase Rpb1, domain 5;IPR007083 RNA polymerase Rpb1, domain 4;IPR015699 DNA-directed RNA pol I, largest subunit	-0,20	0,34	3,48		+
FGSG_03136	IPR011766 Thiamine pyrophosphate enzyme, C-terminal TPP-binding;IPR012000 Thiamine pyrophosphate enzyme, central domain;IPR012001 Thiamine pyrophosphate enzyme, N-terminal TPP-binding domain	-0,60	-0,26	3,49		+
FGSG_05478	IPR013233 Glycosylphosphatidylinositol-mannosyltransferase I, PIG-X/PBN1	0,11	-0,45	3,50		+
FGSG_16294	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribose dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	-0,46	-0,74	3,54		+
FGSG_03456	IPR012947 Threonyl/alanyl tRNA synthetase, SAD;IPR018163 Threonyl/alanyl tRNA synthetase, class II-like, putative editing domain;IPR018164 Alanyl-tRNA synthetase, class IIc, N-terminal;IPR018165 Alanyl-tRNA synthetase, class IIc, core domain	-2,26	-0,31	3,54		+
FGSG_03283	n.d.	-0,52	-0,42	3,55		+
FGSG_04403	IPR007034 Ribosome biogenesis protein BMS1/TSR1, C-terminal;IPR012948 AARP2CN	1,74	-0,33	3,55	+	+
FGSG_07214	IPR003890 MIF4G-like, type 3;IPR003891 Initiation factor eIF-4 gamma, MA3;IPR016021 MIF4-like, type 1/2/3;IPR016024 Armadillo-type fold	1,84	0,27	3,55	+	+
FGSG_09965	IPR007187 Nucleoporin, Nup133/Nup155-like, C-terminal;IPR014908 Nucleoporin, Nup133/Nup155-like, N-terminal;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain	1,89	0,86	3,55		+
FGSG_16119	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,91	0,94	3,55		+
FGSG_02828	n.d.	1,35	0,82	3,55		+
FGSG_09949	n.d.	2,04	0,86	3,56	+	+
FGSG_05145	IPR003495 Cobalamin (vitamin B12) biosynthesis CobW-like	0,86	1,73	3,56		+
FGSG_03400	n.d.	0,80	-0,20	3,56		+
FGSG_13979	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acetyltransferase	-0,29	-0,67	3,57		+
FGSG_03150	IPR002575 Aminoglycoside phosphotransferase;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR015897 CHK kinase-like	3,23	0,01	3,58	+	+
FGSG_07880	IPR002629 Methionine synthase, vitamin-B12 independent	1,74	0,53	3,58		+
FGSG_11311	IPR009959 Polyketide cyclase, Snoal-like	0,71	0,55	3,58		+
FGSG_15872	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR010080 Thioester reductase;IPR013120 Male sterility, NAD-binding;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,82	-1,26	3,59		+

FGSG_00932	IPR013724 Spa2 homology (SHD) of GIT	1,79	1,81	3,60				+
FGSG_06881	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	0,25	1,66	3,60				+
FGSG_12518	IPR000796 Aspartate/other aminotransferase;IPR004838 Aminotransferases, class-I, pyridoxal-phosphate-binding site;IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	1,08	-0,98	3,60				+
FGSG_03674	n.d.	0,55	-1,90	3,61				+
FGSG_06705	IPR001790 Ribosomal protein L10/acidic P0	3,06	2,49	3,61				+
FGSG_02305	IPR011650 Peptidase M20, dimerisation;IPR017144 Peptidase M20D, amidohydrolase, predicted;IPR017439 Amidohydrolase	0,16	1,06	3,61				+
FGSG_11394	IPR017926 Glutamine amidotransferase type 1	0,47	1,65	3,61				+
FGSG_12820	n.d.	1,06	1,07	3,62				+
FGSG_00819	IPR001279 Beta-lactamase-like;IPR011108 RNA-metabolising metallo-beta-lactamase;IPR021718 Pre-mRNA 3'-end-processing endonuclease polyadenylation factor C-term;IPR022712 Beta-Casp domain	0,90	0,99	3,63				+
FGSG_02743	IPR007087 Zinc finger, C2H2;IPR007219 Transcription factor, fungi;IPR013087 Zinc finger, C2H2-type/integrase, DNA-binding;IPR015880 Zinc finger, C2H2-like	1,37	0,59	3,63				+
FGSG_09082	IPR006047 Glycosyl hydrolase, family 13, catalytic domain;IPR006589 Glycosyl hydrolase, family 13, subfamily, catalytic domain;IPR013780 Glycosyl hydrolase, family 13, all-beta;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR015902 Alpha amylase;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	-0,09	-0,91	3,65				+
FGSG_07174	IPR006095 Glutamate/phenylalanine/leucine/valine dehydrogenase;IPR006096 Glutamate/phenylalanine/leucine/valine dehydrogenase, C-terminal;IPR006097 Glutamate/phenylalanine/leucine/valine dehydrogenase, dimerisation domain;IPR014362 Glutamate dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,21	0,43	3,66				+
FGSG_16971	n.d.	2,11	1,16	3,67		+		+
FGSG_03826	IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR023214 HAD-like domain	-0,78	-0,24	3,68				+
FGSG_07798	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR001242 Condensation domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR013120 Male sterility, NAD-binding;IPR013217 Methyltransferase type 12;IPR013968 Polyketide synthase, KR;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR014043 Acyl transferase;IPR016035 Acyl transferase/acyl hydrolase/lysophospholipase;IPR016036 Malonyl-CoA ACP transacylase, ACP-binding;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR020801 Polyketide synthase, acyl transferase domain;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020807 Polyketide synthase, dehydratase domain;IPR020841 Polyketide synthase, beta-ketoacyl synthase domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty a	-1,96	-0,20	3,69				+
FGSG_16982	IPR000048 IQ motif, EF-hand binding site;IPR001609 Myosin head, motor domain;IPR002928 Myosin tail;IPR004009 Myosin, N-terminal, SH3-like;IPR009053 Prefoldin	3,40	2,92	3,72		+	+	+
FGSG_03975	IPR001461 Peptidase A1;IPR009007 Peptidase aspartic, catalytic;IPR021109 Peptidase aspartic	1,63	1,45	3,73				+
FGSG_05889	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site;IPR014851 BCS1, N-terminal	-0,16	1,13	3,73				+

FGSG_13458	IPR011059 Metal-dependent hydrolase, composite domain;IPR013108 Amidohydrolase 3	-0,26	0,37	3,73				+
FGSG_07304	IPR007482 Protein-tyrosine phosphatase-like, PTPLA	-0,94	1,16	3,74				+
FGSG_08463	IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR001709 Flavoprotein pyridine nucleotide cytochrome reductase;IPR002869 Pyruvate-flavodoxin oxidoreductase, central domain;IPR003097 FAD-binding, type 1;IPR009014 Transketolase, C-terminal/Pyruvate-ferredoxin oxidoreductase, domain II;IPR015941 Transketolase-like, C-terminal;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel;IPR019752 Pyruvate/ketoisovalerate oxidoreductase, catalytic domain;IPR023173 NADPH-cytochrome p450 reductase, FAD-binding, alpha-helical domain-3	-0,14	-2,01	3,75				+
FGSG_08904	IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011993 Pleckstrin homology-type;IPR024774 Pleckstrin homology domain, Mcp5-type	-0,63	-0,07	3,75				+
FGSG_02926	n.d.	-0,10	0,03	3,76				+
FGSG_16554	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	-1,91	-0,50	3,76				+
FGSG_09801	IPR001154 DNA topoisomerase II, eukaryotic-type;IPR001241 DNA topoisomerase, type IIA, subunit B/N-terminal;IPR002205 DNA topoisomerase, type IIA, subunit A/C-terminal;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR013506 DNA topoisomerase, type IIA, subunit B, domain 2;IPR013757 DNA topoisomerase, type IIA, subunit A, alpha-helical;IPR013758 DNA topoisomerase, type IIA, subunit A/ C-terminal, alpha-beta;IPR013759 DNA topoisomerase, type IIA, subunit B/N-terminal, alpha-beta;IPR013760 DNA topoisomerase, type IIA, central;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR018522 DNA topoisomerase, type IIA, conserved site;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold;IPR020899 Arginine repressor, C-terminal	2,32	2,44	3,77	+	+		+
FGSG_10647	IPR013216 Methyltransferase type 11	1,32	0,11	3,78				+
FGSG_08173	IPR000408 Regulator of chromosome condensation, RCC1;IPR009091 Regulator of chromosome condensation/beta-lactamase-inhibitor protein II	1,07	2,62	3,78			+	+
FGSG_03925	n.d.	-4,67	-0,86	3,79	+			+
FGSG_10908	IPR002687 Pre-mRNA processing ribonucleoprotein, snoRNA-binding domain;IPR012974 NOP5, N-terminal;IPR012976 NOSIC	2,36	2,04	3,79	+	+		+
FGSG_07877	IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	0,56	-0,67	3,80				+
FGSG_17104	IPR000209 Peptidase S8/S53, subtilisin/kexin/sedolisin;IPR015500 Peptidase S8, subtilisin-related	0,51	0,81	3,80				+
FGSG_16562	IPR002483 Splicing factor PWI	3,29	1,80	3,81	+			+
FGSG_09853	IPR005304 Ribosomal biogenesis, methyltransferase, EMG1/NEP1	1,97	1,34	3,83				+
FGSG_03489	n.d.	-1,12	-0,87	3,84				+
FGSG_12711	IPR003034 DNA-binding SAP;IPR005160 Ku70/Ku80 C-terminal arm;IPR005161 Ku70/Ku80, N-terminal alpha/beta;IPR006164 DNA helicase, ATP-dependent, Ku type;IPR006165 DNA helicase, ATP-dependent, Ku70 subunit;IPR016194 Spen Paralogue and Orthologue SPOC, C-terminal-like	1,08	-0,11	3,86				+
FGSG_02816	IPR002035 von Willebrand factor, type A;IPR006587 Vault protein inter-alpha-trypsin, metazoa;IPR013694 Vault protein inter-alpha-trypsin	-0,55	-0,51	3,86				+
FGSG_03592	n.d.	-0,92	3,96	3,87				+
FGSG_12573	IPR001753 Crotonase, core	0,33	-0,43	3,87				+
FGSG_12497	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	-0,37	0,01	3,87				+
FGSG_11196	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1;IPR000639 Epoxide hydrolase-like	0,52	0,28	3,91				+
FGSG_15836	IPR001269 tRNA-dihydrouridine synthase;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel;IPR018517 tRNA-dihydrouridine synthase, conserved site	3,90	4,61	3,91			+	+
FGSG_10629	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	0,21	0,38	3,91				+
FGSG_09048	IPR005814 Aminotransferase class-III;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal	-0,51	0,02	3,91				+

	phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain					
FGSG_06670	IPR004000 Actin-like	1,77	1,95	3,93		+
FGSG_04103	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR005914 Acetoacetyl-CoA synthase;IPR020845 AMP-binding, conserved site	1,10	1,40	3,94		+
FGSG_01586	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,38	0,33	3,98		+
FGSG_10144	IPR007785 Cytokine-induced anti-apoptosis inhibitor 1	1,42	0,47	3,98		+
FGSG_10623	n.d.	0,94	0,34	3,98		+
FGSG_12570	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N-acyltransferase	0,32	0,25	3,99		+
FGSG_17168	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR013120 Male sterility, NAD-binding;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR014043 Acyl transferase;IPR016035 Acyl transferase/acyl hydrolase/lysophospholipase;IPR016036 Malonyl-CoA ACP transacylase, ACP-binding;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR020801 Polyketide synthase, acyl transferase domain;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020841 Polyketide synthase, beta-ketoacyl synthase domain	0,20	0,01	4,00		+
FGSG_03593	IPR006093 Oxygen oxidoreductase covalent FAD-binding site;IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2	-5,99	1,31	4,02	+	+
FGSG_15960	n.d.	4,66	0,89	4,03	+	+
FGSG_07557	IPR000683 Oxidoreductase, N-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-0,53	0,32	4,04		+
FGSG_04350	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	-0,44	-1,14	4,04		+
FGSG_07100	IPR001202 WW/Rsp5/WWP;IPR002713 FF domain	3,02	2,51	4,04	+	+
FGSG_16374	IPR003959 ATPase, AAA-type, core	-3,46	-1,49	4,05	+	+
FGSG_02604	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR013598 Exportin-1/Importin-beta-like;IPR016024 Armadillo-type fold	0,36	2,49	4,10		+
FGSG_10944	IPR003395 RecF/RecN/SMC;IPR009053 Prefoldin;IPR010935 SMCs flexible hinge	2,32	1,52	4,11	+	+
FGSG_03001	IPR000683 Oxidoreductase, N-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain	1,31	-0,78	4,13		+
FGSG_11128	IPR000796 Aspartate/other aminotransferase;IPR004839 Aminotransferase, class I/classII;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	-2,13	0,35	4,13		+
FGSG_08329	IPR004143 Biotin/lipoate A/B protein ligase;IPR004408 Biotin--acetyl-CoA-carboxylase ligase;IPR019197 Biotin-protein ligase, N-terminal	-0,31	-1,86	4,14		+
FGSG_06802	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	-1,61	-1,07	4,14		+
FGSG_10609	IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR016166 FAD-binding, type 2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2	-3,07	-1,38	4,14	+	+
FGSG_01867	IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR001709 Flavoprotein pyridine nucleotide cytochrome reductase;IPR003097 FAD-binding, type 1;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel;IPR023173 NADPH-cytochrome p450 reductase, FAD-binding, alpha-helical domain-3	-0,31	-1,98	4,14		+
FGSG_02162	IPR006175 Endoribonuclease L-PSP;IPR013813 Endoribonuclease L-PSP/chorismate mutase-like	0,28	2,41	4,15		+

FGSG_09344	IPR001804 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase;IPR011829 Tartrate dehydrogenase;IPR019818 Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase, conserved site;IPR024084 Isopropylmalate dehydrogenase-like domain	2,91	2,73	4,18	+	+
FGSG_00399	IPR013907 Sds3-like	3,09	4,76	4,19	+	+
FGSG_00051	IPR000132 Nitrilase/cyanide hydratase, conserved site;IPR003010 Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase	-0,72	-1,37	4,20		+
FGSG_05292	IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,33	-0,12	4,22		+
FGSG_17188	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	4,98	0,92	4,22	+	+
FGSG_17628	IPR001401 Dynamin, GTPase domain	2,25	2,44	4,23	+	+
FGSG_07076	IPR000967 Zinc finger, NF-X1-type;IPR001374 Single-stranded nucleic acid binding R3H;IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR019786 Zinc finger, PHD-type, conserved site	1,37	0,74	4,26		+
FGSG_16353	IPR002018 Carboxylesterase, type B	-0,26	2,99	4,26		+
FGSG_06997	IPR002821 Hydantoinase/oxoprolinase;IPR008040 Hydantoinaseoxoprolinase, N-terminal;IPR010318 Protein of unknown function DUF917;IPR024071 Protein of unknown function DUF917, C-terminal	-0,92	0,04	4,26		+
FGSG_15937	IPR011118 Tannase/feruloyl esterase	0,35	0,23	4,26		+
FGSG_10086	n.d.	2,14	4,40	4,27		+
FGSG_00278	IPR002684 Biotin synthase;IPR006638 Elongator protein 3/MiaB/NifB;IPR007197 Radical SAM;IPR010722 Biotin/thiamin synthesis-associated protein;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-2,28	0,15	4,28		+
FGSG_06788	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR013934 Small-subunit processome, Utp13;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019775 WD40 repeat, conserved site;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2;IPR020472 G-protein beta WD-40 repeat	0,16	-0,36	4,28		+
FGSG_04979	IPR002143 Ribosomal protein L1;IPR016094 Ribosomal protein L1, 2-layer alpha/beta-sandwich;IPR016095 Ribosomal protein L1, 3-layer alpha/beta-sandwich;IPR023674 Ribosomal protein L1, superfamily	2,02	1,14	4,30		+
FGSG_02026	IPR000330 SNF2-related;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR020838 DNA binding domain, INO80	1,77	2,27	4,30	+	+
FGSG_02039	IPR010730 Heterokaryon incompatibility	-1,08	0,33	4,30		+
FGSG_13805	IPR006047 Glycosyl hydrolase, family 13, catalytic domain;IPR006589 Glycosyl hydrolase, family 13, subfamily, catalytic domain;IPR013780 Glycosyl hydrolase, family 13, all-beta;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR015902 Alpha amylase;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	0,07	0,08	4,31		+
FGSG_04767	n.d.	0,27	0,10	4,31		+
FGSG_05495	IPR022036 Protein of unknown function DUF3605	0,94	0,32	4,32		+
FGSG_03824	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like	2,93	-2,34	4,34	+	+
FGSG_15676	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR001242 Condensation domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR013216 Methyltransferase type 11;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020845 AMP-binding, conserved site	0,24	-1,70	4,36		+
FGSG_06548	IPR001732 UDP-glucose/GDP-mannose dehydrogenase, N-terminal;IPR008927 6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal-like;IPR014026 UDP-glucose/GDP-mannose dehydrogenase, dimerisation;IPR014027 UDP-glucose/GDP-mannose dehydrogenase, C-terminal;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR017476 Nucleotide sugar dehydrogenase	-0,05	0,88	4,37		+
FGSG_17400	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I	0,52	0,00	4,37		+
FGSG_02518	IPR000969 Structure-specific recognition protein	2,39	2,41	4,38	+	+
FGSG_07553	n.d.	-0,24	-0,92	4,39		+

FGSG_11032	IPR000421 Coagulation factor 5/8 C-terminal type domain;IPR006652 Kelch repeat type 1;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR011043 Galactose oxidase/kelch, beta-propeller;IPR013783 Immunoglobulin-like fold;IPR014756 Immunoglobulin E-set;IPR015202 Domain of unknown function DUF1929;IPR015916 Galactose oxidase, beta-propeller	-0,88	-0,61	4,39			+
FGSG_03011	IPR013216 Methyltransferase type 11	2,42	0,49	4,44		+	+
FGSG_12424	n.d.	0,63	1,10	4,47			+
FGSG_05940	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core	-0,01	-0,67	4,48			+
FGSG_10940	IPR002687 Pre-mRNA processing ribonucleoprotein, snoRNA-binding domain;IPR012974 NOP5, N-terminal;IPR012976 NOSIC	2,61	2,18	4,52		+	+
FGSG_04474	n.d.	0,01	-0,69	4,52			+
FGSG_08131	IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR023210 NADP-dependent oxidoreductase domain	1,78	-0,36	4,54			+
FGSG_09252	n.d.	3,57	1,65	4,55		+	+
FGSG_10040	IPR000994 Peptidase M24, structural domain;IPR013719 Domain of unknown function DUF1747, eukaryote;IPR013953 FACT complex subunit Spt16p/Cdc68p	1,96	2,64	4,56		+	+
FGSG_10304	IPR004037 Ribosomal protein L7Ae conserved site;IPR004038 Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45	4,07	3,10	4,56		+	+
FGSG_01332	IPR005612 CCAAT-binding factor;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR016024 Armadillo-type fold	-1,51	-0,18	4,57			+
FGSG_03951	IPR003333 Mycolic acid cyclopropane synthase	1,40	1,41	4,57			+
FGSG_09014	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	3,39	0,80	4,60		+	+
FGSG_03569	IPR000421 Coagulation factor 5/8 C-terminal type domain;IPR006652 Kelch repeat type 1;IPR008979 Galactose-binding domain-like;IPR011043 Galactose oxidase/kelch, beta-propeller;IPR013783 Immunoglobulin-like fold;IPR014756 Immunoglobulin E-set;IPR015202 Domain of unknown function DUF1929;IPR015916 Galactose oxidase, beta-propeller	-0,82	-0,82	4,61			+
FGSG_04919	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006414 ATPase, P-type, potassium/sodium efflux, fungal;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	0,82	1,23	4,61			+
FGSG_02087	IPR003819 Taurine catabolism dioxygenase TauD/TfdA	0,60	3,01	4,61			+
FGSG_12368	IPR002085 Alcohol dehydrogenase superfamily, zinc-type;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013154 Alcohol dehydrogenase GroES-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	1,44	2,37	4,62			+
FGSG_10996	n.d.	0,59	0,07	4,62			+
FGSG_05036	IPR002161 Glutamine amidotransferase subunit PdxT;IPR021196 PdxT/SNO family, conserved site	0,05	1,49	4,62			+
FGSG_12940	n.d.	3,28	2,82	4,63		+	+
FGSG_04213	n.d.	-0,63	-0,56	4,64			+
FGSG_13627	IPR001206 Diacylglycerol kinase, catalytic domain	-1,10	0,78	4,64			+
FGSG_11410	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	0,60	0,36	4,66			+
FGSG_09848	IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR003095 Heat shock protein DnaJ;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR013026 Tetratricopeptide repeat-containing;IPR019734 Tetratricopeptide repeat	1,71	0,15	4,67		+	+
FGSG_09733	IPR008012 Proteasome maturation factor UMP1	0,46	0,18	4,68			+
FGSG_11985	n.d.	-1,32	-1,12	4,69			+
FGSG_02822	IPR016040 NAD(P)-binding domain	1,95	2,41	4,73			+

FGSG_04907	IPR004871 Cleavage/polyadenylation specificity factor, A subunit, C-terminal	2,76	2,07	4,73	+	+	+
FGSG_04051	IPR004254 Hly-III-related	-0,01	0,39	4,74			+
FGSG_09572	IPR003171 Methylenetetrahydrofolate reductase;IPR004621 Eukaryotic-type methylenetetrahydrofolate reductase	-0,22	0,21	4,75			+
FGSG_06149	IPR001752 Kinesin, motor domain	-1,41	0,50	4,75			+
FGSG_07709	n.d.	0,36	2,18	4,75			+
FGSG_16749	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR001313 Pumilio RNA-binding repeat;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait;IPR016024 Armadillo-type fold	2,58	2,45	4,78	+		+
FGSG_08208	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR011032 GroES-like;IPR013149 Alcohol dehydrogenase, C-terminal;IPR013217 Methyltransferase type 12;IPR013968 Polyketide synthase, KR;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR014043 Acyl transferase;IPR016035 Acyl transferase/acyl hydrolase/lysophospholipase;IPR016036 Malonyl-CoA ACP transacylase, ACP-binding;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR020801 Polyketide synthase, acyl transferase domain;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020807 Polyketide synthase, dehydratase domain;IPR020841 Polyketide synthase, beta-ketoacyl synthase domain;IPR020842 Polyketide synthase/Fatty acid synthase, KR;IPR020843 Polyketide synthase, enoylreductase	-3,04	-0,58	4,80	+		+
FGSG_16712	IPR000330 SNF2-related;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR016024 Armadillo-type fold;IPR022707 Domain of unknown function DUF3535	2,97	2,78	4,80	+	+	+
FGSG_09940	IPR002587 Myo-inositol-1-phosphate synthase;IPR013021 Myo-inositol-1-phosphate synthase, GAPDH-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	0,37	-0,87	4,81			+
FGSG_03262	IPR001155 NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, N-terminal;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	-0,14	0,46	4,82			+
FGSG_07572	n.d.	1,71	0,34	4,82	+		+
FGSG_02561	IPR003029 Ribosomal protein S1, RNA-binding domain;IPR003107 RNA-processing protein, HAT helix;IPR011990 Tetratricopeptide-like helical;IPR012340 Nucleic acid-binding, OB-fold;IPR016027 Nucleic acid-binding, OB-fold-like;IPR022967 RNA-binding domain, S1	1,51	2,62	4,84		+	+
FGSG_01765	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1;IPR000639 Epoxide hydrolase-like;IPR010497 Epoxide hydrolase, N-terminal;IPR016292 Epoxide hydrolase	5,57	-1,53	4,84	+		+
FGSG_06833	IPR000949 ELM2 domain;IPR001025 Bromo adjacent homology (BAH) domain;IPR001965 Zinc finger, PHD-type;IPR009057 Homeodomain-like;IPR011011 Zinc finger, FYVE/PHD-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR019787 Zinc finger, PHD-finger	1,41	1,99	4,86	+		+
FGSG_16145	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	3,00	1,43	4,86	+		+
FGSG_09045	IPR000641 CbxX/CfqX;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core	0,45	0,81	4,90			+
FGSG_00292	IPR005343 Uncharacterised protein family UPF0120	0,03	0,67	4,92			+
FGSG_05165	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR006509 Splicing factor, CC1-like;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	0,85	1,24	4,93			+
FGSG_16566	n.d.	0,63	2,40	4,94			+
FGSG_06372	IPR007504 H/ACA ribonucleoprotein complex, subunit Gar1/Naf1;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR021154 H/ACA ribonucleoprotein complex, subunit Gar1, eukaryote	3,48	2,72	4,96	+	+	+
FGSG_03671	IPR013216 Methyltransferase type 11	2,39	0,59	4,98	+		+
FGSG_10611	IPR006094 FAD linked oxidase, N-terminal;IPR016166 FAD-binding, type	-3,51	-3,76	5,00	+	+	+

	2;IPR016167 FAD-binding, type 2, subdomain 1;IPR016168 FAD-linked oxidase, FAD-binding, subdomain 2						
FGSG_00550	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	-0,45	0,67	5,03			+
FGSG_02733	n.d.	1,70	0,98	5,04			+
FGSG_03969	IPR006210 Epidermal growth factor- like;IPR009030 Growth factor, receptor	-0,47	0,02	5,08			+
FGSG_04201	IPR011935 Conserved hypothetical protein CHP02231	-0,37	-0,03	5,10			+
FGSG_02328	IPR001117 Multicopper oxidase, type 1;IPR002355 Multicopper oxidase, copper-binding site;IPR008972 Cupredoxin;IPR011706 Multicopper oxidase, type 2;IPR011707 Multicopper oxidase, type 3	-1,27	0,21	5,10			+
FGSG_07671	n.d.	3,12	0,73	5,11		+	+
FGSG_13018	IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011993 Pleckstrin homology-type	1,12	0,95	5,12			+
FGSG_01743	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR011904 Acetate-CoA ligase;IPR020845 AMP-binding, conserved site;IPR024597 Acyl-CoA synthase, domain of unknown function DUF3448	-0,10	-0,24	5,19			+
FGSG_00174	IPR000182 GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) domain;IPR016181 Acyl-CoA N- acetyltransferase	0,98	1,52	5,20			+
FGSG_07512	n.d.	0,18	1,09	5,26			+
FGSG_07613	n.d.	1,20	0,05	5,27			+
FGSG_11082	IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR002347 Glucose/ribitol dehydrogenase;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020904 Short-chain dehydrogenase/reductase, conserved site	0,87	1,19	5,27			+
FGSG_07023	IPR002129 Pyridoxal phosphate-dependent decarboxylase;IPR015421 Pyridoxal phosphate- dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	0,60	1,52	5,30			+
FGSG_17094	IPR002007 Haem peroxidase, animal;IPR010255 Haem peroxidase	-0,28	1,24	5,30			+
FGSG_03586	n.d.	0,39	1,22	5,33			+
FGSG_11436	IPR003609 Apple-like	0,62	1,12	5,34			+
FGSG_07924	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain	3,68	3,49	5,37		+	+
FGSG_11603	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat- like-containing domain;IPR012953 BOP1, N- terminal;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like- containing domain;IPR017986 WD40-repeat- containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	0,64	0,62	5,40			+
FGSG_03938	IPR000120 Amidase;IPR023631 Amidase signature domain	0,60	-0,65	5,42			+
FGSG_05389	IPR002934 Nucleotidyl transferase domain;IPR007010 Poly(A) polymerase, RNA- binding domain;IPR007012 Poly(A) polymerase, central domain;IPR011068 Nucleotidyltransferase, class I, C-terminal-like;IPR014492 Poly(A) polymerase	3,06	4,15	5,44		+	+
FGSG_07726	n.d.	1,82	-1,79	5,45		+	+
FGSG_05924	IPR001357 BRCT;IPR004102 Poly(ADP-ribose) polymerase, regulatory domain;IPR008893 WGR domain;IPR012317 Poly(ADP-ribose) polymerase, catalytic domain	2,21	1,78	5,48		+	+
FGSG_12067	IPR000073 Alpha/beta hydrolase fold-1;IPR013595 Peptidase S33 tripeptidyl aminopeptidase-like, C- terminal	0,91	1,76	5,48			+
FGSG_05784	IPR005804 Fatty acid desaturase, type 1	-0,39	0,82	5,50			+
FGSG_06771	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter- like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	-0,55	-0,01	5,57			+
FGSG_03035	n.d.	0,84	-1,79	5,58			+
FGSG_03180	IPR000866 Alkyl hydroperoxide reductase subunit C/ Thiol specific antioxidant;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR019479 Peroxiredoxin, C- terminal	4,17	4,23	5,63		+	+
FGSG_03363	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase	-0,90	1,19	5,64			+
FGSG_07262	IPR011989 Armadillo-like helical;IPR012954 BP28, C-terminal;IPR016024 Armadillo-type	-0,41	-0,38	5,68			+

	fold;IPR022125 U3 small nucleolar RNA-associated protein 10							
FGSG_07191	IPR001891 Malic oxidoreductase;IPR012301 Malic enzyme, N-terminal;IPR012302 Malic enzyme, NAD-binding;IPR016040 NAD(P)-binding domain	-1,58	1,83	5,70				+
FGSG_03556	IPR001680 WD40 repeat;IPR011046 WD40 repeat-like-containing domain;IPR015943 WD40/YVTN repeat-like-containing domain;IPR017986 WD40-repeat-containing domain;IPR019781 WD40 repeat, subgroup;IPR019782 WD40 repeat 2	1,06	0,21	5,71				+
FGSG_00680	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core	0,06	0,53	5,73				+
FGSG_06804	IPR000629 RNA helicase, ATP-dependent, DEAD-box, conserved site;IPR001650 Helicase, C-terminal;IPR011545 DNA/RNA helicase, DEAD/DEAH box type, N-terminal;IPR014001 DEAD-like helicase;IPR014014 RNA helicase, DEAD-box type, Q motif	1,93	2,73	5,74	+	+		+
FGSG_01496	IPR000917 Sulfatase;IPR017785 Choline-sulfatase;IPR017849 Alkaline phosphatase-like, alpha/beta/alpha;IPR017850 Alkaline-phosphatase-like, core domain;IPR024607 Sulfatase, conserved site	0,78	0,56	5,75				+
FGSG_01128	IPR001313 Pumilio RNA-binding repeat;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR012959 CPL;IPR016024 Armadillo-type fold	2,12	0,12	5,75	+			+
FGSG_06243	IPR001678 Bacterial Fmu (Sun)/eukaryotic nucleolar NOL1/Nop2p;IPR011023 Nop2p;IPR018314 Bacterial Fmu (Sun)/eukaryotic nucleolar NOL1/Nop2p, conserved site;IPR023267 RNA (C5-cytosine) methyltransferase;IPR023273 RNA (C5-cytosine) methyltransferase, NOP2	1,14	0,19	5,77				+
FGSG_10843	IPR001214 SET domain;IPR003616 Post-SET domain	0,45	0,73	5,78				+
FGSG_07573	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	5,39	4,46	5,85	+	+		+
FGSG_07258	IPR002035 von Willebrand factor, type A;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011704 ATPase, dynein-related, AAA domain;IPR012099 Midasin	0,43	5,36	5,85				+
FGSG_11099	n.d.	-0,56	0,61	5,89				+
FGSG_02308	IPR001608 Alanine racemase, N-terminal	4,11	1,08	5,94	+			+
FGSG_07206	IPR002478 Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase;IPR002501 Pseudouridine synthase II;IPR004521 Uncharacterised domain CHP00451;IPR004802 Pseudouridine synthase-related;IPR012960 Dyskerin-like;IPR015947 PUA-like domain;IPR020103 Pseudouridine synthase, catalytic domain	3,48	3,01	5,95	+	+		+
FGSG_17214	IPR000878 Tetrapyrrole methylase;IPR012066 Uroporphyrin-III C-methyltransferase, yeast;IPR014776 Tetrapyrrole methylase, subdomain 2;IPR014777 Tetrapyrrole methylase, subdomain 1;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR023283 Siroheme synthase domain 3	-0,94	-0,69	6,01				+
FGSG_03497	IPR001478 PDZ/DHR/GLGF;IPR001940 Peptidase S1C, HrtA/DegP2/Q/S;IPR009003 Peptidase cysteine/serine, trypsin-like	1,19	-0,57	6,01				+
FGSG_02645	IPR000169 Peptidase, cysteine peptidase active site;IPR001300 Peptidase C2, calpain, catalytic domain;IPR022684 Peptidase C2, calpain family	-1,68	2,47	6,03			+	+
FGSG_06721	IPR002035 von Willebrand factor, type A;IPR005160 Ku70/Ku80 C-terminal arm;IPR005161 Ku70/Ku80, N-terminal alpha/beta;IPR006164 DNA helicase, ATP-dependent, Ku type;IPR014893 Ku, C-terminal;IPR016194 Spen Paralogue and Orthologue SPOC, C-terminal-like	2,69	1,38	6,06	+			+
FGSG_00732	IPR007807 Domain of unknown function DUF699, exodeoxyribonuclease V alpha chain;IPR013562 Domain of unknown function DUF1726	0,67	0,19	6,09				+
FGSG_00767	IPR001764 Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal;IPR002772 Glycoside hydrolase, family 3, C-terminal;IPR011658 PA14;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily;IPR019800 Glycoside hydrolase, family 3, active site	1,29	1,26	6,11				+
FGSG_02323	IPR001138 Zn(2)-C6 fungal-type DNA-binding domain;IPR007219 Transcription factor, fungi	0,26	0,46	6,12				+
FGSG_00866	IPR007651 Lipin, N-terminal;IPR013209 LNS2, Lipin/Ned1/Smp2;IPR023214 HAD-like domain	-0,85	1,01	6,12				+
FGSG_05882	IPR005828 General substrate transporter;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	3,19	4,27	6,20	+	+		+
FGSG_04902	IPR002821 Hydantoinase/oxoprolinase;IPR003692 Hydantoinase B/oxoprolinase;IPR008040 Hydantoinase/oxoprolinase, N-terminal	-1,04	-1,60	6,27				+
FGSG_15992	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core	-0,73	0,25	6,27				+

FGSG_01158	IPR002068 Heat shock protein Hsp20;IPR008978 HSP20-like chaperone	5,17	5,64	6,29	+	+	+
FGSG_02329	IPR000782 FAS1 domain	-0,63	0,38	6,30			+
FGSG_06184	IPR001199 Cytochrome b5;IPR001522 Fatty acid desaturase, type 1, C-terminal;IPR005804 Fatty acid desaturase, type 1;IPR009160 Delta-9 acyl-CoA desaturase, haem/steroid binding domain-containing;IPR015876 Fatty acid desaturase, type 1, core;IPR018506 Cytochrome b5, heme-binding site	0,79	-0,45	6,31			+
FGSG_03642	IPR004119 Protein of unknown function DUF227;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR015897 CHK kinase-like	-0,75	-0,25	6,33			+
FGSG_06874	IPR001631 DNA topoisomerase I, C-terminal;IPR008336 DNA topoisomerase I, DNA binding, eukaryotic-type;IPR011010 DNA breaking-rejoining enzyme, catalytic core;IPR013030 DNA topoisomerase I, DNA binding, mixed alpha/beta motif, eukaryotic-type;IPR013034 DNA topoisomerase I, domain 1;IPR013499 DNA topoisomerase I, C-terminal, eukaryotic-type;IPR013500 DNA topoisomerase I, catalytic core, eukaryotic-type;IPR014711 DNA topoisomerase I, catalytic core, alpha-helical subdomain, eukaryotic-type;IPR014727 DNA topoisomerase I, catalytic core, alpha/beta subdomain, eukaryotic-type	1,94	2,14	6,34	+		+
FGSG_05179	IPR001194;IPR005113	0,59	0,79	6,37			+
FGSG_04209	IPR007396 Negative transcriptional regulator;IPR009002 FMN-binding split barrel-related;IPR012349 FMN-binding split barrel	-0,24	-0,32	6,39			+
FGSG_10507	IPR008547 Protein of unknown function DUF829, TMEM53	0,77	0,86	6,59			+
FGSG_03410	IPR001764 Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal;IPR002772 Glycoside hydrolase, family 3, C-terminal;IPR011658 PA14;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily;IPR019800 Glycoside hydrolase, family 3, active site	-0,16	-0,69	6,71			+
FGSG_02316	IPR001140 ABC transporter, transmembrane domain;IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR011527 ABC transporter, transmembrane domain, type 1;IPR017871 ABC transporter, conserved site;IPR017940 ABC transporter, integral membrane type 1	1,98	1,68	6,77	+		+
FGSG_11098	IPR000757 Glycoside hydrolase, family 16;IPR008985 Concanavalin A-like lectin/glucanase;IPR013320 Concanavalin A-like lectin/glucanase, subgroup	-1,19	1,05	6,77			+
FGSG_17179	IPR001117 Multicopper oxidase, type 1;IPR002355 Multicopper oxidase, copper-binding site;IPR008972 Cupredoxin;IPR011706 Multicopper oxidase, type 2;IPR011707 Multicopper oxidase, type 3	0,11	1,51	6,78			+
FGSG_17547	n.d.	-0,35	0,00	6,87			+
FGSG_09267	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site;IPR014851 BCS1, N-terminal	-1,15	0,04	7,06			+
FGSG_05371	n.d.	-0,25	1,42	7,14			+
FGSG_03319	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core	1,94	0,56	7,19	+		+
FGSG_10612	IPR002938 Monooxygenase, FAD-binding;IPR003042 Aromatic-ring hydroxylase-like	-0,39	0,43	7,28			+
FGSG_03700	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002401 Cytochrome P450, E-class, group I;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site	7,86	-0,08	7,49	+		+
FGSG_11878	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	5,19	5,48	7,62	+	+	+
FGSG_02315	IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR001242 Condensation domain;IPR006162 Phosphopantetheine attachment site;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR020806 Polyketide synthase, phosphopantetheine-binding;IPR020845 AMP-binding, conserved site	0,19	0,04	7,84			+
FGSG_15703	IPR000375 Dynamin central domain;IPR001401 Dynamin, GTPase domain;IPR020850 GTPase effector domain, GED;IPR022812 Dynamin	3,69	0,45	7,91	+		+
FGSG_02324	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001031 Thioesterase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR014043 Acyl transferase;IPR016035 Acyl transferase/acyl hydrolase/lysophospholipase;IPR016036 Malonyl-CoA ACP transacylase, ACP-binding;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-	0,62	0,83	8,05			+

	like;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR020801 Polyketide synthase, acyl transferase domain;IPR020841 Polyketide synthase, beta-ketoacyl synthase domain					
FGSG_11987	IPR005532 Formylglycine-generating sulphatase enzyme domain;IPR016187 C-type lectin fold;IPR024775 DinB-like domain	0,33	-1,55	8,36		+
FGSG_08402	IPR005117 Nitrite/sulphite reductase, hemoprotein beta-component, ferredoxin-like;IPR006066 Nitrite/sulphite reductase iron-sulphur/siroheam-binding site;IPR006067 Nitrite/sulphite reductase 4Fe-4S domain;IPR007419 BFD-like [2Fe-2S]-binding domain;IPR012744 Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit, NirB;IPR012748 Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit, NirD;IPR013027 FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase;IPR017941 Rieske [2Fe-2S] iron-sulphur domain;IPR023753 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, FAD/NAD(P)-binding domain	-0,81	-1,55	9,06		+
FGSG_15910	IPR000572 Oxidoreductase, molybdopterin-binding domain;IPR001199 Cytochrome b5;IPR001433 Oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding;IPR001709 Flavoprotein pyridine nucleotide cytochrome reductase;IPR001834 NADH:cytochrome b5 reductase (CBR);IPR005066 Molybdenum cofactor oxidoreductase, dimerisation;IPR008333 Oxidoreductase, FAD-binding domain;IPR008335 Eukaryotic molybdopterin oxidoreductase;IPR012137 Nitrate reductase NADH dependent;IPR014756 Immunoglobulin E-set;IPR017927 Ferredoxin reductase-type FAD-binding domain;IPR017938 Riboflavin synthase-like beta-barrel;IPR018506 Cytochrome b5, heme-binding site;IPR022407 Oxidoreductase, molybdopterin binding site	1,53	0,55	9,46		+

7.3 Auflistung der insgesamt 243 detektierten Ubiquitinierungsstellen der Δ FgBox2-, Δ FgBox4- und Δ FgRAD6-Deltionsmutanten

Tabelle 15: Auflistung der insgesamt 243 detektierten Ubiquitinierungsstellen der Δ FgBox2-, Δ FgBox4- und Δ FgRAD6-Deltionsmutanten. Die Werte sind als zum Logarithmus zur Basis 2 angegeben. Die Signifikanz eines detektierten Proteins ist mit + angegeben.

Protein	Annotation (InterPro Datenbank)	Gly/Gly-Position im Protein	Log2 Δ FgBox2/WT	Log2 Δ FgBox4/WT	Log2 Δ FgUbc2/WT	Signifikanz		
						Δ FgBox2	Δ FgBox4	Δ FgUbc2
FGSG_00257	IPR009262 Protein of unknown function DUF914, eukaryotic	13	4,08889364	7,07802937	7,28687294			+
FGSG_00299	IPR004888 Glycoside hydrolase, family 63;IPR008928 Six-hairpin glycosidase-like	277	-0,79516179	2,5555411	-1,0295729		+	
FGSG_00395	IPR002222 Ribosomal protein S19/S15;IPR005713 Ribosomal protein S19A/S15e;IPR020934 Ribosomal protein S19 conserved site;IPR023575 Ribosomal protein S19, superfamily	14	0,36824934	2,10342837	4,51126736			+
FGSG_00395	IPR002222 Ribosomal protein S19/S15;IPR005713 Ribosomal protein S19A/S15e;IPR020934 Ribosomal protein S19 conserved site;IPR023575 Ribosomal protein S19, superfamily	79	0,39836968	1,12848187	3,12719493			+
FGSG_00455	n.d.	38	4,04020544	3,72617802	0,02650983	+	+	
FGSG_00592	IPR003892 Ubiquitin system component Cue;IPR009060 UBA-like	121	0,67025276	1,81681315	1,58276778			
FGSG_00777	IPR002130 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type;IPR015891 Cyclophilin-like;IPR020892 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type, conserved site	43	1,92262899	5,29948153	3,68539892		+	+
FGSG_00838	IPR001023 Heat shock protein Hsp70;IPR013126 Heat shock protein 70;IPR018181 Heat shock protein 70, conserved site	511	0,55511076	1,11576468	1,18961171			
FGSG_00857	IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011993 Pleckstrin homology-type	260	2,65677525	2,50255552	-2,29331168			
FGSG_00857	IPR001849 Pleckstrin homology domain;IPR011993 Pleckstrin homology-type	545	-0,30352351	1,38390253	-2,27088614			
FGSG_00883	IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR018957 Zinc finger, C3HC4 RING-type	170	3,18659452	3,16356451	1,57081775	+		
FGSG_00979	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	35	3,6721773	5,2863516	1,7658759		+	
FGSG_00979	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	74	4,15412721	5,96594298	4,73665013		+	
FGSG_00979	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	357	1,18561824	5,2828318	5,00079807			
FGSG_00979	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	109	0,97493391	4,14074135	4,38054528			
FGSG_00979	IPR015590 Aldehyde dehydrogenase domain;IPR016160 Aldehyde dehydrogenase, conserved site;IPR016161 Aldehyde/histidinol dehydrogenase;IPR016162 Aldehyde dehydrogenase, N-terminal;IPR016163 Aldehyde dehydrogenase, C-terminal	87	2,26566699	3,59344961	1,41649523			
FGSG_01023	n.d.	100	3,49098664	3,98394876	0,27987647	+		
FGSG_01026	IPR022185 Protein of unknown function DUF3712	4	1,7997841	4,61553594	0,92041971		+	
FGSG_01081	IPR002132 Ribosomal protein L5;IPR020929 Ribosomal protein L5,	5	0,22690667	1,14763572	1,15528465			

	conserved site;IPR022803 Ribosomal protein L5 domain							
FGSG_01177	IPR002777 Cys/Met metabolism, pyridoxal phosphate-dependent enzyme;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain	408	1,05962597	2,22431996	1,70726645			
FGSG_01238	IPR00509 Ribosomal protein L36e	49	-0,11403917	4,44291556	4,15694382			+
FGSG_01241	IPR000308 14-3-3 protein;IPR023409 14-3-3 protein, conserved site;IPR023410 14-3-3 domain	251	1,55401068	3,76106546	4,06081029		+	+
FGSG_01241	IPR000308 14-3-3 protein;IPR023409 14-3-3 protein, conserved site;IPR023410 14-3-3 domain	258	1,0574233	3,71843502	2,51500178			
FGSG_01425	IPR000695 ATPase, P-type, H+ transporting proton pump;IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006534 ATPase, P-type, plasma-membrane proton-efflux;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A	5	3,09781813	4,5904576	2,25442044		+	+
FGSG_01425	IPR000695 ATPase, P-type, H+ transporting proton pump;IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006534 ATPase, P-type, plasma-membrane proton-efflux;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A	24	2,35337234	4,38478054	1,54577899		+	+
FGSG_01503	IPR000342 Regulator of G protein signalling;IPR016137 Regulator of G protein signalling superfamily	92	2,86989054	2,39220324	1,88085882		+	
FGSG_01509	IPR000851 Ribosomal protein S5;IPR005324 Ribosomal protein S5, C-terminal;IPR005711 Ribosomal protein S5, eukaryotic/archaeal;IPR013810 Ribosomal protein S5, N-terminal;IPR014720 Double-stranded RNA-binding-like;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR018192 Ribosomal protein S5, N-terminal, conserved site;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	37	1,52398213	3,08454752	3,35801982		+	+
FGSG_01530	IPR002213 UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase;IPR003903 Ubiquitin interacting motif;IPR004276 Glycosyl transferase, family 28	1090	0,98593472	2,51100955	-2,29983858			+
FGSG_01580	IPR000791 GPR1/FUN34/yaaH	14	9,71341611	3,86380272	0,85866337		+	
FGSG_01593	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	450	5,63136216	4,75458844	2,34030632		+	
FGSG_01675	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	21	0,53770733	2,85271458	0,2086815			+
FGSG_01675	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	9	6,9284312	7,78814813	5,64908707		+	+
FGSG_01675	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	8	6,17555472	6,68985424	4,96281018		+	
FGSG_01702	IPR007461 Ysc84 actin-binding domain	76	3,12478549	3,21505765	-1,69668648			
FGSG_01871	IPR001063 Ribosomal protein L22/L17;IPR005721 Ribosomal protein L22/L17, eukaryotic/archaeal;IPR018260 Ribosomal protein L22/L17, conserved site	40	1,03618024	2,67280418	5,4799265			+

FGSG_01871	IPR001063 Ribosomal protein L22/L17;IPR005721 Ribosomal protein L22/L17, eukaryotic/archaeal;IPR018260 Ribosomal protein L22/L17, conserved site	105	0,09586303	2,94936231	4,10283976				+
FGSG_01871	IPR001063 Ribosomal protein L22/L17;IPR005721 Ribosomal protein L22/L17, eukaryotic/archaeal;IPR018260 Ribosomal protein L22/L17, conserved site	13	-0,51298465	1,38015481	3,05490862				
FGSG_01957	IPR006977 Yip1 domain	43	0,19663157	1,32685706	2,05113165				
FGSG_02014	IPR001404 Heat shock protein Hsp90;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR019805 Heat shock protein Hsp90, conserved site;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold;IPR020575 Heat shock protein Hsp90, N-terminal	246	-0,67099838	2,16270827	1,47417876				+
FGSG_02014	IPR001404 Heat shock protein Hsp90;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR019805 Heat shock protein Hsp90, conserved site;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold;IPR020575 Heat shock protein Hsp90, N-terminal	59	2,9616465	5,31735344	6,01620085				+
FGSG_02014	IPR001404 Heat shock protein Hsp90;IPR003594 ATPase-like, ATP-binding domain;IPR019805 Heat shock protein Hsp90, conserved site;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold;IPR020575 Heat shock protein Hsp90, N-terminal	245	-0,1249984	2,09339338	1,36654445				
FGSG_02018	IPR007461 Ysc84 actin-binding domain	347	2,4497856	4,29543966	0,89004317				+
FGSG_02018	IPR007461 Ysc84 actin-binding domain	330	-1,68522509	1,81371152	-0,82842674				
FGSG_02066	IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	479	2,33700453	4,4394305	4,49381932				+
FGSG_02070	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	12	4,74595801	6,55752107	4,36085797		+	+	+
FGSG_02101	n.d.	109	2,18657904	3,28378414	0,92085849				+
FGSG_02136	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004841 Amino acid permease domain	5	4,88054989	6,21946422	1,65805556		+		+
FGSG_02136	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004841 Amino acid permease domain	6	5,09819517	6,4371095	1,7470765		+		+
FGSG_02272	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004841 Amino acid permease domain	536	6,41928773	8,06204224	5,04471803		+	+	+
FGSG_02322	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	9	2,80785873	3,96607521	4,89564803				+
FGSG_02382	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	9	4,32826982	5,28221036	1,29359918		+		+
FGSG_02400	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006408 ATPase, P-type, calcium-transporting, PMCA-type;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	288	0,20539618	1,47915528	3,6730091				
FGSG_02400	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006408 ATPase, P-type, calcium-transporting, PMCA-type;IPR008250 ATPase, P-type,	292	0,05287327	1,55011778	3,26346102				

	ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N						
FGSG_02400	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H- transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006408 ATPase, P-type, calcium-transporting, PMCA-type;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	64	3,62621769	6,24367832	0,41333541		+
FGSG_02585	IPR01297 Protein of unknown function DUF2869	9	0,88090814	1,78502458	-2,6036859		+ +
FGSG_02585	IPR01297 Protein of unknown function DUF2870	293	4,07609292	4,94887893	1,07927162		+ +
FGSG_02585	IPR01297 Protein of unknown function DUF2871	215	2,04947767	1,81609453	-0,01100927		
FGSG_02667	IPR018712 Domain of unknown function DUF2235	541	-5,59267856	1,91323303	-0,59606142		+
FGSG_02668	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002007 Haem peroxidase, animal;IPR010255 Haem peroxidase;IPR017972 Cytochrome P450, conserved site;IPR019791 Haem peroxidase, animal, subgroup	6	-6,09052863	1,49352386	-1,57983935		+ +
FGSG_02738	IPR011022 Arrestin-like, C-terminal	581	5,44942382	5,86875057	1,51987117		+ +
FGSG_02839	IPR000109 Oligopeptide transporter;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	596	1,36255471	2,14745605	2,13331026		
FGSG_02839	IPR000109 Oligopeptide transporter;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	218	0,90298519	2,32833603	4,51205819		+
FGSG_03063	IPR001905 Ammonium transporter;IPR002229 Blood group Rhesus C/E/D polypeptide;IPR018047 Ammonium transporter, conserved site;IPR024041 Ammonium transporter AmbB-like	475	0,81505126	1,68836354	3,36500583		+
FGSG_03148	IPR012469 Protein of unknown function DUF1688	419	2,49423586	2,16806455	2,86442267		
FGSG_03172	IPR001204 Phosphate transporter	325	1,65480078	3,31956163	2,97650314		+ +
FGSG_03180	IPR000866 Alkyl hydroperoxide reductase subunit C/ Thiol specific antioxidant;IPR012336 Thioredoxin-like fold;IPR019479 Peroxiredoxin, C-terminal	28	1,08999113	3,03544644	5,96829196		+
FGSG_03247	IPR000577 Carbohydrate kinase, FGGY;IPR005999 Glycerol kinase;IPR018483 Carbohydrate kinase, FGGY, conserved site;IPR018484 Carbohydrate kinase, FGGY, N- terminal;IPR018485 Carbohydrate kinase, FGGY, C-terminal	239	-0,21199141	2,16179333	0,16261381		+
FGSG_03248	IPR000425 Major intrinsic protein;IPR012269 Aquaporin;IPR022357 Major intrinsic protein, conserved site;IPR023271 Aquaporin-like	23	3,06027208	4,5105806	3,34058385		+ +
FGSG_03412	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004841 Amino acid permease domain	8	7,84443462	6,31760054	5,60001648		+ +
FGSG_03869	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	441	0,37821592	1,08679258	4,0263797		+
FGSG_03934	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	512	1,91748629	4,62489661	0,34252779		+
FGSG_03957	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general	4	4,65878893	4,97420741	1,94817793		+ +

	substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain						
FGSG_04023	n.d.	378	0,80096349	5,05860568	1,28073831		+
FGSG_04052	IPR015157 Translation machinery associated TMA7	52	0,21106245	1,95958332	0,57433919		
FGSG_04136	IPR000754 Ribosomal protein S9;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold;IPR020574 Ribosomal protein S9, conserved site	12	-0,66747805	0,26140935	1,17103911		
FGSG_04313	IPR004193 Glycoside hydrolase, family 13, N-terminal;IPR006047 Glycosyl hydrolase, family 13, catalytic domain;IPR006048 Alpha-amylase, C-terminal all beta;IPR006589 Glycosyl hydrolase, family 13, subfamily, catalytic domain;IPR013780 Glycosyl hydrolase, family 13, all-beta;IPR013781 Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic domain;IPR013783 Immunoglobulin-like fold;IPR014756 Immunoglobulin E-set;IPR015902 Alpha amylase;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	75	0,4987334	0,67203675	3,53229193		+
FGSG_04400	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	137	1,02090372	1,85508367	0,77470521		
FGSG_04400	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	126	3,62080589	5,09891077	1,02316461		+
FGSG_04400	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	162	0,77940232	3,09498693	1,08042411		+
FGSG_04512	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006069 ATPase, P-type cation exchange, alpha subunit;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	92	-1,01603765	2,2781541	-3,95065148		+ +
FGSG_04512	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006069 ATPase, P-type cation exchange, alpha subunit;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A;IPR023306 ATPase, cation-transporting, domain N	10	1,62560583	5,957459	2,5800842		+
FGSG_04610	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	8	4,21418095	5,90232346	1,33239565		+
FGSG_04637	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	4	6,43723436	7,34030509	3,31740274		+ + +
FGSG_04637	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	54	4,60607	7,06583801	4,06175957		+ + +
FGSG_04637	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	7	3,02433058	3,44317704	-1,78185455		+ +

	permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain						
FGSG_04637	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	26	2,77937558	5,97555764	0,83539004		+
FGSG_04876	IPR004813 Oligopeptide transporter OPT superfamily	23	2,01762233	8,74529334	4,2298581		+
FGSG_04899	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	4	5,68661806	7,14884708	4,27925906	+	+
FGSG_04999	n.d.	16	0,06507195	1,8589231	4,67891586		+
FGSG_05020	IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type	29	0,74678362	2,25778827	4,74649226		+
FGSG_05035	IPR001852 Vitamin B6 biosynthesis protein;IPR011060 Ribulose-phosphate binding barrel;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	17	0,02818109	2,0293767	-0,43200318		+
FGSG_05035	IPR001852 Vitamin B6 biosynthesis protein;IPR011060 Ribulose-phosphate binding barrel;IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	162	-0,2250894	3,63212088	1,12187734		+
FGSG_05037	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	94	1,73594005	3,20772357	-4,55255038		+
FGSG_05037	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	569	-1,00595843	1,21798176	-3,01777267		
FGSG_05037	IPR002110 Ankyrin repeat;IPR020683 Ankyrin repeat-containing domain	568	0,5490268	4,69135794	-0,16307052		+
FGSG_05147	IPR004841 Amino acid permease domain	10	0,20392601	1,09040496	1,47304479		
FGSG_05177	IPR004279 Perilipin	179	0,65808882	2,66366176	2,92585711		+
FGSG_05183	IPR004099 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, dimerisation;IPR006322 Glutathione reductase, eukaryote/bacterial;IPR012999 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, class I, active site;IPR013027 FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase;IPR016156 FAD/NAD-linked reductase, dimerisation;IPR023753 Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, FAD/NAD(P)-binding domain	320	0,31819452	4,83636208	4,29116093		+
FGSG_05221	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR003248 Phosphoserine aminotransferase, subgroup;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR022278 Phosphoserine aminotransferase	380	0,6352974	2,03007331	4,04339204		+
FGSG_05321	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR004568 Phosphopantetheine-protein transferase;IPR008278 4'-phosphopantetheinyl transferase;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR021186 Fatty acid synthase, alpha subunit, fungi	557	-2,88734722	1,27568866	0,5419591		+
FGSG_05321	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR004568 Phosphopantetheine-protein transferase;IPR008278 4'-phosphopantetheinyl transferase;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR021186 Fatty acid synthase, alpha subunit, fungi	564	-2,08131895	2,53197564	1,64241714		+
FGSG_05321	IPR000794 Beta-ketoacyl synthase;IPR001227 Acyl transferase domain;IPR002198 Short-chain dehydrogenase/reductase SDR;IPR004568 Phosphopantetheine-protein transferase;IPR008278 4'-	1401	0,53340487	2,48634523	3,16517638		+

	phosphopantetheinyl transferase;IPR014030 Beta-ketoacyl synthase, N-terminal;IPR014031 Beta-ketoacyl synthase, C-terminal;IPR016038 Thiolase-like, subgroup;IPR016039 Thiolase-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018201 Beta-ketoacyl synthase, active site;IPR021186 Fatty acid synthase, alpha subunit, fungi							
FGSG_05433	IPR001351 Ribosomal protein S3, C-terminal;IPR004044 K Homology, type 2;IPR005703 Ribosomal protein S3, eukaryotic/archaeal;IPR009019 K Homology, prokaryotic type;IPR015946 K homology domain-like, alpha/beta;IPR018280 Ribosomal protein S3, conserved site	217	1,50203239	3,35791978	0,48212596			+
FGSG_05452	IPR016024 Armadillo-type fold	23	0,80799073	1,51387751	3,5231139			+
FGSG_05452	IPR016024 Armadillo-type fold	25	0,63347252	2,08401587	3,73089873			+
FGSG_05491	IPR001951 Histone H4;IPR004823 TATA box binding protein associated factor (TAF);IPR007125 Histone core;IPR009072 Histone-fold;IPR019809 Histone H4, conserved site	32	0,24250486	3,30819208	3,6633712			
FGSG_05574	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	12	3,6369189	6,43030895	7,68888064		+	+
FGSG_05653	IPR003864 Domain of unknown function DUF221;IPR022257 Protein of unknown function DUF3779, phosphate metabolism	292	-0,48358709	1,86707837	-3,23289043			+
FGSG_05653	IPR003864 Domain of unknown function DUF221;IPR022257 Protein of unknown function DUF3779, phosphate metabolism	777	0,88287581	2,53653037	-3,51331121			+
FGSG_05707	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	537	1,75686879	3,33209797	1,65681917			
FGSG_06150	IPR000889 Glutathione peroxidase;IPR012336 Thioredoxin-like fold	26	2,79509908	5,23692524	2,67776631			+
FGSG_06184	IPR001199 Cytochrome b5;IPR001522 Fatty acid desaturase, type 1, C-terminal;IPR005804 Fatty acid desaturase, type 1;IPR009160 Delta-9 acyl-CoA desaturase, haem/steroid binding domain-containing;IPR015876 Fatty acid desaturase, type 1, core;IPR018506 Cytochrome b5, heme-binding site	442	0,61154666	2,24021339	6,78815925			+
FGSG_06184	IPR001199 Cytochrome b5;IPR001522 Fatty acid desaturase, type 1, C-terminal;IPR005804 Fatty acid desaturase, type 1;IPR009160 Delta-9 acyl-CoA desaturase, haem/steroid binding domain-containing;IPR015876 Fatty acid desaturase, type 1, core;IPR018506 Cytochrome b5, heme-binding site	464	1,06782635	4,80622471	6,31872286			
FGSG_06270	IPR005326 Plectin/S10, N-terminal	139	0,13142965	3,31662217	3,37713766			+
FGSG_06473	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	3	3,44992897	4,72480887	2,38266326		+	+
FGSG_06550	IPR004835 Fungal chitin synthase	212	0,64897034	2,24818295	3,17577742			+
FGSG_06580	IPR000022 Carboxyl transferase;IPR000089 Biotin/lipoyl attachment;IPR001882 Biotin-binding site;IPR005479 Carbamoyl-phosphate synthetase, large subunit, ATP-binding;IPR005481 Carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, N-terminal;IPR005482 Biotin carboxylase, C-terminal;IPR011053 Single hybrid motif;IPR011054 Rudiment single hybrid motif;IPR011761 ATP-grasp fold;IPR011762 Acetyl-coenzyme A carboxyltransferase, N-terminal;IPR011763 Acetyl-coenzyme A carboxyltransferase, C-terminal;IPR011764 Biotin carboxylation domain;IPR013537 Acetyl-CoA carboxylase, central domain;IPR013815 ATP-grasp fold, subdomain 1;IPR013816 ATP-grasp fold, subdomain 2;IPR013817 Pre-ATP-grasp fold;IPR016185 PreATP-grasp-like fold	2277	-0,67201541	3,48091655	7,77144555			+
FGSG_06692	n.d.	126	-1,36715636	2,20849698	-0,00325031			+

FGSG_06692	n.d.	235	-0,13726163	-1,0393788	-2,44530731		
FGSG_06692	n.d.	242	-1,67576545	3,04638397	-0,67076303		+
FGSG_06692	n.d.	175	0,28679613	2,07431989	-0,53445067		
FGSG_06767	IPR000449 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal;IPR000626 Ubiquitin;IPR004806 UV excision repair protein Rad23;IPR006636 Heat shock chaperonin-binding;IPR009060 UBA-like;IPR015360 XPC-binding domain;IPR015940 Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B, N-terminal, eukaryote;IPR019955 Ubiquitin supergroup	12	1,63712057	2,31858955	1,79105223		
FGSG_07000	IPR010497 Epoxide hydrolase, N-terminal	488	3,9203895	4,98770158	1,51563062	+	+
FGSG_07072	IPR020999 Chitin synthesis regulation, Congo red resistance, RCR protein	170	2,70946455	3,15753987	-1,17659642	+	+
FGSG_07152	IPR020100 Glucose-repressible protein Grg1	14	1,62050485	3,69296104	2,15875725		+
FGSG_07152	IPR020100 Glucose-repressible protein Grg2	52	1,23141494	2,20873723	-0,5533356		+
FGSG_07152	IPR020100 Glucose-repressible protein Grg3	5	1,68657708	4,9627881	1,46160244		+
FGSG_07152	IPR020100 Glucose-repressible protein Grg4	24	1,57542129	3,41353961	0,85941806		+
FGSG_07209	IPR000109 Oligopeptide transporter;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR018456 PTR2 family proton/oligopeptide symporter, conserved site	610	2,65913889	4,15252573	-0,36961734	+	+
FGSG_07334	IPR000225 Armadillo;IPR011989 Armadillo-like helical;IPR013918 Nucleotide exchange factor Fes1;IPR016024 Armadillo-type fold	158	-0,1977835	1,66033167	2,05837764		
FGSG_07335	IPR004000 Actin-like;IPR004001 Actin, conserved site;IPR020902 Actin/actin-like conserved site	61	-0,18168186	1,48164209	1,69635777		
FGSG_07335	IPR004000 Actin-like;IPR004001 Actin, conserved site;IPR020902 Actin/actin-like conserved site	326	-1,89532668	1,9867069	0,65153087		
FGSG_07528	IPR001697 Pyruvate kinase;IPR011037 Pyruvate kinase-like, insert domain;IPR015793 Pyruvate kinase, barrel;IPR015794 Pyruvate kinase, alpha/beta;IPR015795 Pyruvate kinase, C-terminal;IPR015806 Pyruvate kinase, beta-barrel insert domain;IPR015813 Pyruvate/Phosphoenolpyruvate kinase;IPR018209 Pyruvate kinase, active site	64	0,9678699	1,62239121	2,20763916		+
FGSG_07558	IPR009104 Sea anemone cytolysin;IPR009960 Fungal fruit body lectin;IPR015926 Cytolysin/lectin	6	-4,1634215	2,68845004	4,03913454	+	+
FGSG_07823	n.d.	666	1,0353253	2,82528852	0,80845613		+
FGSG_07917	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	11	5,99185001	6,22801854	5,08594358	+	+
FGSG_08014	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	23	7,04202975	8,10905302	6,02016561	+	+
FGSG_08014	IPR003663 Sugar/inositol transporter;IPR005828 General substrate transporter;IPR005829 Sugar transporter, conserved site;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	608	1,78772323	4,13678661	2,02595826		
FGSG_08365	IPR000504 RNA recognition motif domain;IPR001395 Aldo/keto reductase;IPR012677 Nucleotide-binding, alpha-beta plait	102	1,14279789	3,18714904	4,82026449		+
FGSG_08448	IPR011021 Arrestin-like, N-terminal;IPR011022 Arrestin-like, C-terminal;IPR014756 Immunoglobulin E-set	217	6,81314986	7,54571742	2,34138298	+	+
FGSG_08537	IPR001388 Synaptobrevin;IPR016444 Synaptobrevin, metazoa/fungi	65	-0,9635316	3,00746076	0,99489816		+
FGSG_08570	IPR007568 RTA-like protein	338	0,97133543	2,05485505	4,31470847		+
FGSG_08624	IPR013216 Methyltransferase type 11	12	0,00541769	1,29610207	3,97778746		+
FGSG_08708	IPR009571 Actin cortical patch SUR7/pH-response regulator Pall	206	2,25036227	2,54169471	0,66982177		

FGSG_08743	IPR020100 Glucose-repressible protein Grg1	56	2,58606738	2,25173101	2,61522339			+
FGSG_08758	IPR004713 Calcium/proton exchanger;IPR004798 Calcium/proton exchanger superfamily;IPR004837 Sodium/calcium exchanger membrane region	4	1,55244306	2,85121601	0,81709679			+
FGSG_08767	IPR001607 Zinc finger, UBP-type;IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR011422 BRCA1-associated 2;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR018957 Zinc finger, C3HC4 RING-type	490	2,39094252	2,7377956	3,84029186		+	+
FGSG_08767	IPR001607 Zinc finger, UBP-type;IPR001841 Zinc finger, RING-type;IPR011422 BRCA1-associated 2;IPR013083 Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type;IPR018957 Zinc finger, C3HC4 RING-type	494	0,83106122	1,16081352	1,92112157			
FGSG_08811	IPR000795 Protein synthesis factor, GTP-binding;IPR004160 Translation elongation factor EFTu/EF1A, C-terminal;IPR004161 Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2;IPR004539 Translation elongation factor EF1A, eukaryotic/archaeal;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR009001 Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma, C-terminal	160	0,26538751	2,27317366	3,45176646			+
FGSG_08850	IPR001452 Src homology-3 domain	86	0,24651018	2,9584957	4,66611172			+
FGSG_08911	IPR000028 Chloroperoxidase	155	5,17399878	4,373544	3,9790822		+	+
FGSG_08911	IPR000028 Chloroperoxidase	78	2,33180101	1,41914093	3,05113691		+	+
FGSG_08917	IPR001251 Cellular retinaldehyde-binding/triple function, C-terminal;IPR011074 Phosphatidylinositol transfer protein-like, N-terminal	42	0,24728163	2,04993404	1,59205759			
FGSG_09053	IPR002293 Amino acid/polyamine transporter I;IPR004762 Amino acid permease, fungi;IPR004840 Amino acid permease, conserved site;IPR004841 Amino acid permease domain	5	1,51253696	4,7919535	2,17031474			+
FGSG_09163	IPR000133 ER lumen protein retaining receptor	306	1,55379615	3,32330393	3,25046137			+
FGSG_09210	IPR007568 RTA-like protein	326	1,56209371	1,27479366	-1,17740957		+	
FGSG_09252	n.d.	4	4,04178841	5,70077642	4,85928358			+
FGSG_09352	n.d.	354	0,64465083	3,32896691	0,22879009			+
FGSG_09380	IPR001623 Heat shock protein DnaJ, N-terminal;IPR003095 Heat shock protein DnaJ;IPR018253 Heat shock protein DnaJ, conserved site	416	1,52213031	2,52362507	1,60931156			+
FGSG_09515	IPR001757 ATPase, P-type, K/Mg/Cd/Cu/Zn/Na/Ca/Na/H-transporter;IPR004014 ATPase, P-type cation-transporter, N-terminal;IPR005834 Haloacid dehalogenase-like hydrolase;IPR006068 ATPase, P-type cation-transporter, C-terminal;IPR006069 ATPase, P-type cation exchange, alpha subunit;IPR006408 ATPase, P-type, calcium-transporting, PMCA-type;IPR008250 ATPase, P-type, ATPase-associated domain;IPR018303 ATPase, P-type phosphorylation site;IPR023214 HAD-like domain;IPR023298 ATPase, P-type, transmembrane domain;IPR023299 ATPase, P-type, cytoplasmic domain N;IPR023300 ATPase, P-type, cytoplasmic transduction domain A	239	2,69344451	2,10288051	-2,53690601			
FGSG_09574	IPR000640 Translation elongation factor EFG/EF2, C-terminal;IPR000795 Protein synthesis factor, GTP-binding;IPR004161 Translation elongation factor EFTu/EF1A, domain 2;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR005517 Translation elongation factor EFG/EF2, domain IV;IPR009000 Translation elongation/initiation factor/Ribosomal, beta-barrel;IPR009022 Elongation factor G/III/V;IPR014721 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold, subgroup;IPR020568 Ribosomal protein S5 domain 2-type fold	497	0,53873276	1,9985161	3,06791274			+
FGSG_09595	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	6	-0,1221211	0,82334347	1,69416129			

FGSG_09689	IPR000011 Ubiquitin/SUMO-activating enzyme E1;IPR000127 Ubiquitin-activating enzyme repeat;IPR000594 UBA/THIF-type NAD/FAD binding fold;IPR009036 Molybdenum cofactor biosynthesis, MoeB;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018074 Ubiquitin-activating enzyme, E1, active site;IPR018075 Ubiquitin-activating enzyme, E1;IPR018965 Ubiquitin-activating enzyme e1, C-terminal;IPR019572 Ubiquitin-activating enzyme;IPR023280 Ubiquitin-like 1 activating enzyme, catalytic cysteine domain	722	0,40229319	4,46531624	4,79104031			+
FGSG_09689	IPR000011 Ubiquitin/SUMO-activating enzyme E1;IPR000127 Ubiquitin-activating enzyme repeat;IPR000594 UBA/THIF-type NAD/FAD binding fold;IPR009036 Molybdenum cofactor biosynthesis, MoeB;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR018074 Ubiquitin-activating enzyme, E1, active site;IPR018075 Ubiquitin-activating enzyme, E1;IPR018965 Ubiquitin-activating enzyme e1, C-terminal;IPR019572 Ubiquitin-activating enzyme;IPR023280 Ubiquitin-like 1 activating enzyme, catalytic cysteine domain	5	1,30834546	3,0944633	4,0645547			
FGSG_09778	IPR001806 Small GTPase superfamily;IPR002041 Ran GTPase;IPR003578 Small GTPase superfamily, Rho type;IPR003579 Small GTPase superfamily, Rab type;IPR005225 Small GTP-binding protein domain;IPR020849 Small GTPase superfamily, Ras type	6	6,52462952	7,9544549	1,67049974		+	+
FGSG_09834	IPR011766 Thiamine pyrophosphate enzyme, C-terminal TPP-binding;IPR012000 Thiamine pyrophosphate enzyme, central domain;IPR012001 Thiamine pyrophosphate enzyme, N-terminal TPP-binding domain;IPR012110 Pyruvate decarboxylase/indolepyruvate decarboxylase	18	2,30426274	4,1202761	1,62784623			+
FGSG_09851	IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR003959 ATPase, AAA-type, core;IPR003960 ATPase, AAA-type, conserved site;IPR015415 Vps4 oligomerisation, C-terminal	81	0,54403391	1,32720454	2,43589115			
FGSG_09885	IPR004352 TM1410 hypothetical-related protein;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	4	1,88384887	3,56079445	3,70188216			
FGSG_09940	IPR002587 Myo-inositol-1-phosphate synthase;IPR013021 Myo-inositol-1-phosphate synthase, GAPDH-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	191	-0,49494352	0,67415417	3,37136015			+
FGSG_09940	IPR002587 Myo-inositol-1-phosphate synthase;IPR013021 Myo-inositol-1-phosphate synthase, GAPDH-like;IPR016040 NAD(P)-binding domain	74	0,56678528	1,95363442	3,16937344			
FGSG_09952	IPR003807 Protein of unknown function DUF202	13	2,14794167	5,27722172	2,01354445			+
FGSG_10022	IPR007568 RTA-like protein	386	3,45833245	2,02942579	0,50612939		+	
FGSG_10208	n.d.	23	0,73937109	1,50563044	3,46814758			+
FGSG_10224	n.d.	44	2,74976096	4,76271713	3,02090254			+
FGSG_10264	IPR008146 Glutamine synthetase, catalytic domain;IPR008147 Glutamine synthetase, beta-Grasp;IPR014746 Glutamine synthetase/guanido kinase, catalytic domain	107	-1,95638746	0,91407155	0,20294738			
FGSG_10300	n.d.	189	2,49108433	2,41057466	1,91772506			
FGSG_10522	IPR004648 Tetrapeptide transporter, OPT1/isp4;IPR004813 Oligopeptide transporter OPT superfamily	73	0,82719543	2,68238923	2,04840712		+	+
FGSG_10808	n.d.	354	1,28458915	2,66208609	0,19044785			+
FGSG_10919	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	486	1,75753903	2,89618288	3,94202305			
FGSG_10937	n.d.	550	0,0428285	1,06725852	3,49525382			+
FGSG_10941	IPR000626 Ubiquitin;IPR002906 Ribosomal protein S27a;IPR019954 Ubiquitin conserved site;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR019956 Ubiquitin subgroup	48	0,73655498	2,72199991	-0,20039718			+

FGSG_10941	IPR00626 Ubiquitin;IPR002906 Ribosomal protein S27a;IPR019954 Ubiquitin conserved site;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR019956 Ubiquitin subgroup	63	0,31973747	0,45316559	0,08023312		
FGSG_10941	IPR00626 Ubiquitin;IPR002906 Ribosomal protein S27a;IPR019954 Ubiquitin conserved site;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR019956 Ubiquitin subgroup	11	3,08821384	2,44401477	-1,42296696		+
FGSG_10941	IPR00626 Ubiquitin;IPR002906 Ribosomal protein S27a;IPR019954 Ubiquitin conserved site;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR019956 Ubiquitin subgroup	29	2,45061742	2,84080281	2,29653945		+
FGSG_10941	IPR00626 Ubiquitin;IPR002906 Ribosomal protein S27a;IPR019954 Ubiquitin conserved site;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR019956 Ubiquitin subgroup	6	-0,10745336	5,22025316	8,77099829		+ +
FGSG_10941	IPR00626 Ubiquitin;IPR002906 Ribosomal protein S27a;IPR019954 Ubiquitin conserved site;IPR019955 Ubiquitin supergroup;IPR019956 Ubiquitin subgroup	33	1,24782607	3,03610149	1,15941789		+
FGSG_10960	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002007 Haem peroxidase, animal;IPR010255 Haem peroxidase	7	2,75178273	4,00029558	0,25300214		+
FGSG_10962	n.d.	5	1,39286376	7,67584414	5,62955576		+
FGSG_10969	n.d.	52	1,2916469	2,68272457	0,35617885		+
FGSG_10969	n.d.	40	-0,03814657	2,39724273	-0,87367607		+
FGSG_10969	n.d.	26	-0,27906174	1,92604707	-2,09492538		+ +
FGSG_10969	n.d.	13	0,84019233	2,54101444	0,84511405		+
FGSG_10996	n.d.	365	0,72068541	1,52812641	2,74005445		+
FGSG_10996	n.d.	277	0,00810792	1,58912978	3,93409962		
FGSG_11626	IPR000558 Histone H2B;IPR007125 Histone core;IPR009072 Histone-fold	131	-0,7003463	1,69506894	-0,9019628		
FGSG_11946	IPR001202 WW/Rsp5/WWP	80	2,35325004	3,19092775	-2,72669251		+
FGSG_11987	IPR005532 Formylglycine-generating sulphatase enzyme domain;IPR016187 C-type lectin fold;IPR024775 DinB-like domain	84	-0,80781063	1,09716541	3,99341279		+
FGSG_12199	IPR001206 Diacylglycerol kinase, catalytic domain	327	0,26860342	0,67298871	-0,08749627		
FGSG_12505	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter;IPR020846 Major facilitator superfamily domain	17	7,00613419	6,82611267	1,36068291		+ +
FGSG_12667	n.d.	72	0,83007511	2,28663201	4,46309272		+
FGSG_12939	IPR003812 Filamentation induced by cAMP/death on curing-related	132	-0,05323109	1,00377312	6,20583027		+
FGSG_12939	IPR003812 Filamentation induced by cAMP/death on curing-related	80	-1,20164466	1,50670162	3,81986071		+
FGSG_12939	IPR003812 Filamentation induced by cAMP/death on curing-related	272	1,23420235	2,39069109	3,98021888		+
FGSG_13380	IPR006614 Ferlin/Peroxisome membrane;IPR010482 Integral peroxisomal membrane peroxin	56	0,25197915	3,34761466	-2,54245808		+ +
FGSG_15650	n.d.	48	-1,02416917	0,94036632	1,18194767		
FGSG_15696	IPR000322 Glycoside hydrolase, family 31;IPR011013 Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding;IPR017853 Glycoside hydrolase, superfamily	39	-3,09708703	2,09805405	-0,09238332		
FGSG_15846	IPR008254 Flavodoxin/nitric oxide synthase;IPR010089 Flavoprotein WrbA	24	0,83084302	3,06993308	1,30496835		+
FGSG_15846	IPR008254 Flavodoxin/nitric oxide synthase;IPR010089 Flavoprotein WrbA	214	0,42132555	4,01455548	-0,19200896		+
FGSG_15859	IPR003892 Ubiquitin system component Cue;IPR009060 UBA-like	216	0,07115856	1,92821612	2,0090232		
FGSG_15865	IPR011701 Major facilitator superfamily;IPR016196 Major facilitator superfamily domain, general substrate transporter	11	5,89526093	7,20202716	4,90958918		+ + +
FGSG_15872	IPR000192 Aminotransferase, class V/Cysteine desulfurase;IPR000873 AMP-dependent synthetase/ligase;IPR006163 Phosphopantetheine-binding;IPR009081 Acyl carrier protein-like;IPR010071 Amino acid adenylation;IPR010080 Thioester reductase;IPR013120 Male sterility, NAD-binding;IPR015421 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 1;IPR015422 Pyridoxal	729	-0,4560345	1,6400118	2,84289424		

	phosphate-dependent transferase, major region, subdomain 2;IPR015424 Pyridoxal phosphate-dependent transferase, major domain;IPR016040 NAD(P)-binding domain							
FGSG_16190	IPR001128 Cytochrome P450;IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV	352	1,27436743	2,51983637	4,36758706			+
FGSG_16448	n.d.	11	1,1744535	1,70924478	4,47400019			+
FGSG_16448	n.d.	79	0,6447723	1,17106333	4,09972374			+
FGSG_16515	IPR002889 Carbohydrate-binding WSC;IPR008783 Podoplanin;IPR013994 Carbohydrate-binding WSC, subgroup	291	0,9052694	5,27225358	0,62906991			+
FGSG_16627	IPR006424 Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, type I;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020828 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, NAD(P) binding domain;IPR020829 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, catalytic domain;IPR020830 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, active site;IPR020831 Glyceraldehyde/Erythrose phosphate dehydrogenase family	357	1,11189126	5,03128783	4,32653186			+ +
FGSG_16627	IPR006424 Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, type I;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020828 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, NAD(P) binding domain;IPR020829 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, catalytic domain;IPR020830 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, active site;IPR020831 Glyceraldehyde/Erythrose phosphate dehydrogenase family	313	1,44101606	4,60576705	5,69011303			+ +
FGSG_16627	IPR006424 Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, type I;IPR016040 NAD(P)-binding domain;IPR020828 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, NAD(P) binding domain;IPR020829 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, catalytic domain;IPR020830 Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, active site;IPR020831 Glyceraldehyde/Erythrose phosphate dehydrogenase family	349	0,64824214	2,98272584	0,29517923			+
FGSG_16724	IPR000210 BTB/POZ-like;IPR011333 BTB/POZ fold;IPR013069 BTB/POZ	193	1,30294814	2,57528473	3,00698726			+ +
FGSG_16733	IPR000008 C2 calcium-dependent membrane targeting;IPR008973 C2 calcium/lipid-binding domain, CaLB;IPR017147 Tricalbin;IPR018029 C2 membrane targeting protein;IPR020477 C2 region	1197	3,32039191	6,28842105	5,00399965			+ +
FGSG_16873	IPR005630 Terpene synthase, metal-binding domain;IPR008949 Terpenoid synthase	324	3,42009537	1,86530956	0,83663987		+	
FGSG_16905	IPR000719 Protein kinase, catalytic domain;IPR011009 Protein kinase-like domain;IPR017442 Serine/threonine-protein kinase-like domain	189	3,03643984	5,32144409	5,04475383			+ +
FGSG_17013	IPR000608 Ubiquitin-conjugating enzyme, E2;IPR016135 Ubiquitin-conjugating enzyme/RWD-like;IPR023313 Ubiquitin-conjugating enzyme, active site	91	1,45074952	3,09102141	-2,51586634			+
FGSG_17046	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR017871 ABC transporter, conserved site	1511	2,80695845	5,33773763	3,650383			+
FGSG_17046	IPR003439 ABC transporter-like;IPR003593 ATPase, AAA+ type, core;IPR017871 ABC transporter, conserved site	798	2,5221741	4,22637823	0,60809592			+
FGSG_17140	IPR013927 Transcription factor Opi1	429	1,1581663	2,41226051	0,38471975			
FGSG_17289	n.d.	575	4,17407791	6,63598792	4,36160411		+	+ +
FGSG_17289	n.d.	569	4,15333655	6,52822262	5,76485433			+ +
FGSG_17289	n.d.	586	0,96761317	4,1517824	2,92428669			+ +
FGSG_17289	n.d.	495	-0,24001853	3,27738668	0,51931374			+
FGSG_17289	n.d.	288	2,64514107	4,93949085	4,64284956			+
FGSG_17289	n.d.	271	0,66050085	3,48271613	2,9317653			+
FGSG_17289	n.d.	430	0,34882029	3,47149332	2,18598056			
FGSG_17289	n.d.	549	2,11284648	4,76172551	3,18947732			+

7.4 Wachstumsphänotyp des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutante Δ FgBox4 kultiviert unter Temperaturstress.

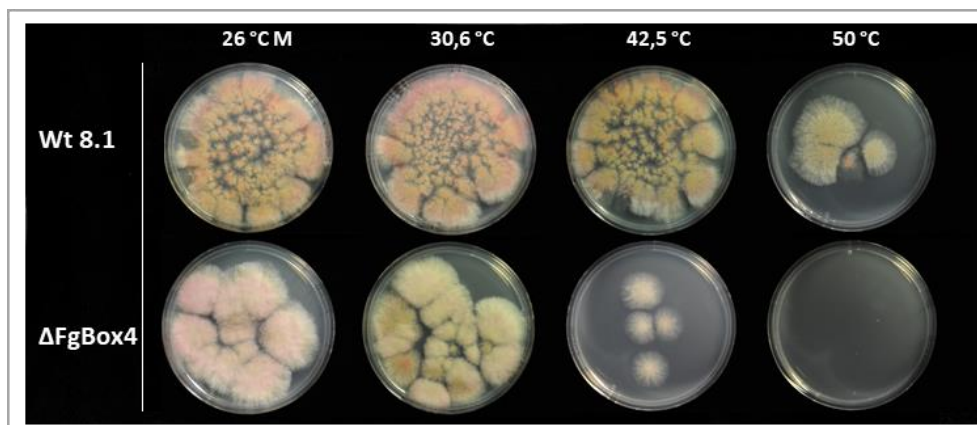


Abbildung 54: Wachstumsphänotyp des Wildtyps 8.1 und der Deletionsmutante Δ FgBox4 kultiviert unter verschiedenen Temperaturen von 26 °C bis 50 °C. Für den Wildtyp 8.1 und die unabhängige Mutante wurden jeweils jeweils sechs biologische Replikate angefertigt.

7.4 Sequenzalignent des Gens YGL058 (RAD6) von *Saccharomyces cerevisiae* mit dem Gen FGSG_12683 (Ubc2) von *Fusarium graminearum*.

<i>Saccharomyces</i>	1	atgtccacaccagctagaagaaggttgatgagagattttaaacgtatgaa	50
<i>Fusarium</i>	1	-----	0
<i>Saccharomyces</i>	51	ggaagatgccccaccgggtgtatctgcttcaccattacctgataacgtca	100
<i>Fusarium</i>	1	-----atgacc-----	6
<i>Saccharomyces</i>	101	tggtatggaacgccatgattatcgggccagccgatactccatagaagac	150
<i>Fusarium</i>	7	-----tggaacgcagtgattatcggccccgaggataccccattcgaagac	51
<i>Saccharomyces</i>	151	ggaacttttaggttattgttggagtttgatgaagaatatcccaataagcc	200
<i>Fusarium</i>	52	ggcaccttctgactggtgatgcagtttgaggaacagtaccctaataagcc	101
<i>Saccharomyces</i>	201	accgcatgtcaaatTTTTGAGTgaaatgtttcatcccaatgtctatgcaa	250
<i>Fusarium</i>	102	tcctcaagtcaagttcatcagcgaatgttccaccccaacgtttatgcca	151
<i>Saccharomyces</i>	251	atggtgaaatTTGTTGGatattttgcagaacagatggactccaacatat	300
<i>Fusarium</i>	152	ccggcgcagcttgcctggacattcttcagaaccgatggagccctacttat	201
<i>Saccharomyces</i>	301	gatgtcgcaccca-tattgacatccattcaagtttattcaacgatcc-a	348
<i>Fusarium</i>	202	gacgtcgc-tgcagttctgaccagcatccaaagtttactcaacgacccta	250
<i>Saccharomyces</i>	201	accgcatgtcaaatTTTTGAGTgaaatgtttcatcccaatgtctatgcaa	250
<i>Fusarium</i>	102	tcctcaagtcaagttcatcagcgaatgttccaccccaacgtttatgcca	151
<i>Saccharomyces</i>	251	atggtgaaatTTGTTGGatattttgcagaacagatggactccaacatat	300
<i>Fusarium</i>	152	ccggcgcagcttgcctggacattcttcagaaccgatggagccctacttat	201
<i>Saccharomyces</i>	301	gatgtcgcaccca-tattgacatccattcaagtttattcaacgatcc-a	348
<i>Fusarium</i>	202	gacgtcgc-tgcagttctgaccagcatccaaagtttactcaacgacccta	250
<i>Saccharomyces</i>	349	aatccagcttcgccagcaaacggttgaag-ctgcaacattattcaaaagatc	397
<i>Fusarium</i>	251	acaccggc-tcaccgcgaatgtcgaagcctccaac-ttgtacaaga-c	297
<i>Saccharomyces</i>	398	ataaatcacag-----tacgtcaaaagagtttaaggagacggtagagaa	440
<i>Fusarium</i>	298	a-----acaggaaggaatacactaagcgcggttagagagacagtgagaa	341
<i>Saccharomyces</i>	441	-atcttgggagga-tgatatggacgatatggacgatgatgatgatga	488
<i>Fusarium</i>	342	gagc-tgggaggactga-----	357
<i>Saccharomyces</i>	489	tgacgacgacgacgacgacgaagcagactga	519
<i>Fusarium</i>	358	-----	357
#		-----	

Abbildung 55: Sequenzalignent des Gens YGL058 (RAD6) von *Saccharomyces cerevisiae* mit dem Gen FGSG_12683 (Ubc2) von *Fusarium graminearum*. Durchgeföhrt mittels EMBOS Needle 6.6.0 (engl. European Molecular Biology Open Software Suite) des Europäischen Bioinformatik-Instituts (EBI). Übereinstimmungen in der Nukleotidsequenz sind mit senkrechten Strichen gekennzeichnet (|). Nicht Übereinstimmende Nukleotide sind mit einem Punkt gekennzeichnet (.). Fehlende Nukleotide sind mit einem horizontalen Strich gekennzeichnet (-).

Danksagung

Zum Ende meiner Doktorarbeit möchte ich mich bei allen Personen bedanken, die mir diese erst ermöglicht haben und mich über den Zeitraum hinweg begleitet haben.

Als erstes möchte ich Prof. Dr. Wilhem Schäfer danken. So war es "Willi", der mir die Möglichkeit eröffnete meine, Doktorarbeit innerhalb der Molekularen Phytopathologie anzufertigen. Über drei Jahre stand mir Willi mit seiner Erfahrung sowie wissenschaftlichen Ratschlägen zur Seite und unterstützte mich in meinen Vorhaben konstruktiv.

Ich möchte mich ebenfalls sehr herzlich bei Prof. Dr. Joachim Hauber für die Übernahme des Zweitgutachtens bedanken.

Weiterer Dank gilt dem Graduiertenkolleg *Degradation For Life Graduate School Hamburg* (DELIGRAH) sowie der Stadt Hamburg, welche dieses Projekt im Rahmen der Landesforschungsförderung finanzierte. Die Graduiertenschule schuf ein außerordentliches Umfeld aus einem Netzwerk von Professoren wie auch Doktoranden und förderte dadurch den wissenschaftlichen Austausch über die verschiedenen Disziplinen, Arbeitsgruppen sowie Institute hinweg. Besonders hervorheben möchte ich in diesen Zusammenhang die Leiterin der Graduiertenschule Prof. Dr. Julia Kehr und Prof. Dr. Stefan Hoth, die immer ein offenes Ohr für jedes meiner doch zahlreichen Anliegen hatten und nicht müde wurden, sich für die Belange der Doktoranden einzusetzen.

Ich möchte mich weiter bei meiner großartigen Arbeitsgruppe für die gemeinsamen drei Jahre bedanken, in denen wir zusammen gearbeitet, gelitten und gefeiert haben. Hervorheben möchte ich hierbie die "Guten-Feen" der Arbeitsgruppe, Brigitte, Birgit und Cathrin, ohne deren täglichen Einsatz jedwediges Arbeiten gar nicht erst möglich gewesen wäre. Auch bei den ehemaligen Post-Docs Dr. Jörg Bormann und Dr. Ana Lilia Martínez-Rocha möchte ich mich für deren Beitrag an der Lösung so vieler kleiner und großer wissenschaftlicher Probleme bedanken. Jörg, der mich über alle Jahre immer wie einen seiner eigenen Doktoranden behandelte und mich sowohl im Labor, auf Konferenzen wie auch mit der einen oder anderen Lebensweisheit unterstützte, gilt hierbei mein besonderer Dank. Gleiches gilt für PD Dr. Cornelia Heinze, die mich mit fachlichen Ratschlägen und Motivation in der letzten Phase dieser Arbeit begleitete.

Weiter möchte ich noch auf all jene Personen verweisen, die durch ihr persönliches Mitwirken innerhalb von Kooperationen mitgeholfen haben, diese Doktorarbeit zu vervollständigen. So erfolgte die Probenvorbereitung sowie die Bedienung des TEM wie auch die Dokumentation des Probenmaterials in Zusammenarbeit mit der technischen Assistentin Elke Wölken (Arbeitsgruppe um Prof. Dr. Dieter Hanelt, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie (IPM), Aquatische Ökophysiologie und Phykologie, Universität Hamburg). Die Analyse der mitochondrialen Sauerstoffverbrauchsrate erfolgte in Kooperation mit Msc. Daniel Schniertshauer aus der Arbeitsgruppe um Prof. Dr. rer. nat. J. Bergemann (Hochschule Albstadt-Sigmaringen, 72488 Sigmaringen, Deutschland). Die LC-MS/MS-Analyse erfolgte in Kooperation mit Dr. Michael Tatham (Arbeitsgruppe um Prof. Dr. Ron Hay, Centre for Gene Regulation and Expression, College of Life Sciences, University of Dundee, DD1–5 Dundee, England)

Als letztes möchte ich mich bei meiner Familie bedanken, die mich über die gesamte Dauer meiner Doktorarbeit hinweg tatkräftig unterstützte. Unendlich dankbar bin ich ebenfalls meiner Freundin Tini, ohne deren andauernde Hilfe, Unterstützungen und Bemühungen, mich immer wieder zu motivieren, ich nicht da wäre, wo ich jetzt bin.

Eidesstattliche Erklärung

Ich versichere, dass die von mir vorliegende Dissertation mit dem Titel "Verschiedene Gene des Ubiquitin Proteasom-Systems regulieren Entwicklung und Virulenz im Getreidepathogen *Fusarium graminearum*" eigenständig und ohne fremde und nicht erwähnte Hilfe geschrieben zu haben. Alle Quellen wurden vollständig angegeben. Ich versichere, dass diese Arbeit noch nicht veröffentlicht wurde und noch keiner anderen Fakultät zur Prüfung vorgelegt wurde. Die eingereichte schriftliche Verfassung entspricht dem auf dem elektronischem Speichermedium.

(Ort, Datum)

(Gunnar Baermann)

Lebenslauf

Name: Gunnar Baermann
Geburtsdatum und -ort: 05.12.1988 in Hamburg
Staatsangehörigkeit: deutsch
Familienstand: ledig

Schulbildung/Studium:

(2005-2008) Berufliches Gymnasium des Kreises Stormarn
Abschluss: Allgemeine Hochschulreife **(2,0)**

(2009-2012) Bachelor der Biowissenschaften (Universität Rostock)
Abschluss: Bachelor of Science (B. Sc.)
Bachelor of Science (2,5)
Titel der Bachelorarbeit: Vorbereitende Untersuchungen für Expressionsstudien an konservierten Genen der *environmental stress response* in Mikromyceten

(2012-2014) Masterstudiengang Mikrobiologie und Biochemie (Universität zu Rostock)
Abschluss: Master of Science (M. Sc.)
Master of Science (1,6)
Titel der Masterarbeit: Expressionsstudien an ausgewählten Genen des *cell wall integrity pathways* in *Sclerotinia sclerotiorum* in Reaktion auf flüchtige Metabolite von *Serratia plymuthica* 4Rx13.

Promotion:

(2015-2019) Doktorarbeit im Fachbereich der Molekularen Phytopathologie (MIN Fakultät, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie, Universität Hamburg)
Titel der Arbeit: Verschiedene Gene des Ubiquitin Proteasom-Systems regulieren Entwicklung und Virulenz im Getreidepathogen *Fusarium graminearum*.