
Studien zum SELMA-Mechanismus

Dissertation

zur Erlangung des Grades eines Doktors der Naturwissenschaften

(Dr. rer. nat.)

des Fachbereichs Biologie der Philipps-Universität Marburg

vorgelegt von

M.Sc. Stephanie Morris

aus Ansbach

Marburg/Lahn im Juli 2020

Ohne Spekulation gibt es keine neue Beobachtung.
Charles Darwin

Die vorliegende Dissertation wurde von Juni 2016 bis Juni 2020 am Fachbereich für Biologie, Zellbiologie I, unter der Leitung von Prof. Dr. Uwe G. Maier angefertigt.

Vom Fachbereich Biologie der Philipps-Universität Marburg (Hochschulkennziffer 1180) als Dissertation angenommen am **03. August 2020**.

Erstgutachter: Prof. Dr. Uwe G. Maier

Zweitgutachter: Prof. Dr. Lars Voll

Prüfer: Prof. Dr. Ralf Jacob

Prüfer: Prof. Dr. Hans-Ulrich Mösch

Tag der Disputation: 25. November 2020

Zusammenfassung

Diatomeen beherbergen eine komplexe Plastide rhodophytischen Ursprungs, vermutlich hervorgegangen aus einer Endosymbiose höherer Ordnung (polyphyletisches Ereignis). Eine Rotalge wurde als Endosymbiont sukzessive zu einer semiautonomen komplexen Plastide mit vier Hüllmembranen etabliert. Anders als bei Crypto- und Chlorarachniophyta wurden essenzielle Symbionten-spezifische Gene vollständig ins Wirtsgenom in Heterokonto-, Haptophyta, Apicomplexa integriert und der frühere symbiontische Nukleus eliminiert. Die auf dem Wirts-Kern kodierten plastidären Präproteine bedurften der Etablierung neuer Translokationsmechanismen inklusive spezifischer Zielsteuerungssequenzen. Für die äußerste Plastidenmembran der komplexen „roten“ Plastiden wurde postuliert, dass die plastidären Präproteine über Sec61 ins Plastiden-Lumen (cER) transloziert werden. Der Transport entlang der zweiten Plastidenmembran (PPM) ist weitestgehend ungeklärt. Es konnte gezeigt werden, dass der Transport plastidärer Präproteine anhand der *Symbiont-specific ERAD-like machinery* (SELMA) stattfinden kann. Für dieses aus der ER-assoziierten Degradation abgeleitete System wurden ERAD-Homologe identifiziert und teilweise spezifische Interaktionen gezeigt. SELMA stellt vermutlich ein während der Evolution rezykliertes und an neue Aufgaben adaptiertes System dar. Ein postulierter noch unbekannter Importrezeptor könnte als lösliches cER- oder als PPM-ständiges Protein plastidäre Präproteine im cER erkennen und an der zweiten Plastidenmembran für die weitere Translokation mittels SELMA-Komplex rekrutieren.

Im Rahmen dieser Arbeit wurden durch zwei gerichtete *in silico* Ansätze und einem proteinbiochemischen Ansatz Kandidaten für den postulierten Importrezeptor gesucht und davon 32 eGFP-Fusionsproteine in der pennaten Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* *in vivo* lokalisiert. Davon lokalisieren acht Fusionsproteine möglicherweise im sekretorischen Weg und drei weitere Kandidaten mutmaßlich in den Mitochondrien. Zwei mutmaßlich PPM-lokalisierte, neun möglicherweise cER lokalisierte Fusionsproteine und acht potenzielle PPC-Fusionsproteine wurden in dieser Arbeit identifiziert. Für zwei Kandidaten konnten eine PPC-Lokalisation in dieser Arbeit verifiziert werden. Ein möglicher ER-Lumen-Rezeptor mit plastidärer Lokalisation wird als mutmaßlicher Importrezeptor im cER der komplexen Plastide postuliert. Für ein PPC-residentes TPR-Fusionsprotein wurden spezifische Interaktionen mit zwei *mitochondrial carrier* Proteinen der komplexen Plastide und dem in der zweiten Plastidenmembran-lokalisiertem Protein sDer1-1 *in vivo* gezeigt.

Abstract

Diatoms harbor a complex plastid of red algal origin, which probably has emerged from a polyphyletic event respectively an endosymbiosis of higher order. A Rhodophyta was successively established as endosymbiont to a semi-autonomous complex plastid surrounded by four enveloping membranes. In contrast to Crypto- and Chlorarachniophyta, essential symbiont-specific genes have been fully integrated into the host genome of Heterokonts, Haptophyta, Apicomplexa and Peridinin-pigmented Dinoflagellata, thereby eliminating the former symbiotic nucleus.

The encoding of plastid proteins on the host nucleus required the establishment of new protein translocation mechanisms including whose specific targeting sequences. It is postulated that plastid preproteins at the outermost plastid membrane of complex plastids of rhodophyte origin are translocated into the plastid lumen (cER) *via* Sec61. The transport along the second plastid membrane (PPM) is rather unclear. It has been shown that the transport of plastidary preproteins at the PPM can take place using the so-called *symbiont-specific ERAD-like machinery* (SELMA). For this system, which probably derived from the ER-associated degradation, ERAD homologues have been identified and specific interactions have been shown in the past few years. Thus, SELMA very likely represents a system recycled during evolution and adapted to new tasks.

A postulated, not yet identified import receptor could recognize preproteins as a soluble cER protein or as a PPM-resident protein and therefore recruit this plastid preproteins at the second plastid membrane for further translocation. In this work, candidates for the postulated import receptor were sought by two directed *in silico* approaches as well as due to the native protein separation of the SELMA-complex and its subsequent massspectrometrical analysis. In total, 32 of these proteins with eGFP at their C-terminus, were localized in the diatom *Phaeodactylum tricorutum*. Eight of these fusionproteins are possibly localized in the secretory pathway, three other candidates localize very likely in mitochondria. Furthermore, two putative PPM-resident, nine possibly cER localized and eight potentially PPC fusionproteins were identified in this work. For two of the PPC fusionproteins their PPC-localization could be verified. A putative ER lumen receptor shows plastid localization (cER) and therefore could be a putative import receptor. Additionally, specific interactions for one PPC-resident TPR-fusionprotein with two mitochondrial carrier proteins of the complex plastid and the PPM-protein sDer1-1 were shown *in vivo*.

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	I
Abstract.....	I
Inhaltsverzeichnis.....	I
Abbildungsverzeichnis.....	V
Tabellenverzeichnis.....	VII
Abkürzungsverzeichnis.....	X
1 EINLEITUNG.....	1
1.1 Evolution primärer und sekundärer Plastiden	1
1.1.1 Evolution primärer Plastiden	1
1.1.2 Evolution sekundärer Plastiden	3
1.2 Aufbau der komplexen Plastide rhodophytischen Ursprungs	6
1.3 ER-assoziierte Degradation rezykliert als Transportmechanismus	8
1.3.1 Proteintransport in komplexen Plastiden von Diatomeen	9
1.4 TPR und WD40 Proteindomänen als Proteininteraktionsmodule	15
1.4.1 <i>Tetratricopeptide repeats</i> – TPRs	15
1.4.2 WD40 Proteindomäne	16
1.5 Die Diatomee <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	17
1.6 Zielsetzung	18
2 MATERIAL UND METHODEN.....	19
2.1 Material und Geräte.....	19
2.1.1 Chemikalien	19
2.1.2 Nährmedien, Puffer und Lösungen	21
2.1.3 Laborgeräte und Verbrauchsmaterialien.....	21
2.1.4 Molekularbiologische Kits	23
2.1.5 Enzyme.....	24
2.1.6 Antikörper	24
2.1.7 Selektionsmarker	25
2.1.8 Organismen.....	25
2.1.9 Oligonukleotide.....	26
2.1.10 Plasmide	26
2.1.11 Datenbanken, Software- und Internetanwendungen	26
2.2 Methoden	28
2.2.1 Zellbiologische Methoden.....	28
2.2.1.1 Kultivierung von <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	28
2.2.1.2 Kryokonservierung und Stammhaltung von <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	28
2.2.1.3 Kultivierung von <i>Escherichia coli</i>	28
2.2.1.4 Kryokonservierung von <i>Escherichia coli</i>	28
2.2.2 Molekularbiologische Methoden.....	29

2.2.2.1	Isolierung genomischer DNA aus <i>Phaeodactylum tricornutum</i> mit CTAB.....	29
2.2.2.2	Isolierung von Gesamt-RNA aus <i>Phaeodactylum tricornutum</i> mittels NAES	29
2.2.2.3	DNaseI-Behandlung und Reverse Transkription (cDNA-Synthese)	30
2.2.2.4	Polymerasekettenreaktion (PCR)	30
2.2.2.5	Kolonie-PCR von <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	32
2.2.2.6	Agarosegelelektrophorese	33
2.2.2.7	DNA-Isolierung aus Agarosegelen (Gel-Elution).....	33
2.2.2.8	Analytische Restriktionen.....	34
2.2.2.9	Ligation von DNA-Fragmenten in pJet1.2/ <i>blunt cloning vector</i>	34
2.2.2.10	Ligation von DNA-Fragmenten in Expressionsvektoren	35
2.2.2.11	DNA-Sequenzierung nach Sanger.....	35
2.2.2.12	Herstellung chemisch kompetenter <i>E. coli</i> TOP10 Zellen	35
2.2.2.13	Hitzeschocktransformation von <i>E. coli</i>	36
2.2.2.14	Minipräp: Plasmidisolierung aus <i>Escherichia coli</i> mithilfe alkalischer Lyse.....	36
2.2.2.15	Midipräp: Plasmidisolierung aus <i>E. coli</i>	36
2.2.2.16	Konzentrationsbestimmung isolierter Plasmid-DNA sowie RNA	37
2.2.2.17	Partikelbombardment von <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	37
2.2.3	Proteinbiochemische Methoden	38
2.2.3.1	Expression rekombinanter Proteine in <i>P. tricornutum</i>	38
2.2.3.2	Karbonatextraktion zur Überprüfung der Membranintegrität von Proteinen.....	39
2.2.3.3	Proteinfällung mit Trichloressigsäure (TCA-Präzipitation)	39
2.2.3.4	Proteinkonzentrationsbestimmung mittels Amidoschwarz 10B.....	39
2.2.3.5	Proteingelelektrophorese - SDS-PAGE	40
2.2.3.6	<i>Semidry</i> Westernblot und Immunodetektion	40
2.2.3.7	Blue Native-PAGE (BN PAGE) - Probenvorbereitung.....	41
2.2.3.8	Blue Native PAGE - Gellauf	42
2.2.3.9	Nativer Westernblot und Immunodetektion	42
2.2.3.10	eGFP- <i>pulldown</i>	43
2.2.3.11	InstantBlue™-Färbung von Proteingelen.....	43
2.2.3.12	Silbernitratfärbung-Färbung (<i>silver stain</i>) von Proteingelen.....	44
2.2.3.13	Massenspektrometrische Analysen mittels LC-MS	44
2.2.3.14	<i>In vivo</i> Lokalisationsstudien in <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	44
2.2.3.15	<i>In vivo</i> Topologie-Bestimmung mittels Self-Assembly GFP (SA GFP)	44
2.2.3.16	<i>In vivo</i> Interaktionsstudien mittels BiFC – Split-GFP	45
2.2.3.17	Konfokale <i>Laserscanning</i> Mikroskopie und Elektronenmikroskopie	45
2.2.4	<i>In silico</i> Analysen	46
2.2.4.1	<i>In silico Screening</i> nach TPR-, WD40-Domänen und lichtregulierten Proteinen	46
2.2.4.2	<i>In silico Screening</i> nach TPR-, WD40-sequenzähnlichen Proteinen aus Apicomplexa	46
2.2.4.3	<i>In silico Screening</i> Blue Native PAGE-Ansatz	47
2.2.4.4	<i>In silico-Screening</i> eGFP- <i>pulldown</i>	47

3 ERGEBNISSE..... 48

3.1 Identifikation von spezifischen Proteindomänen49

3.1.1	<i>In silico</i> Identifikation von Proteinen mit TPR-Proteindomäne.....	49
3.1.1.1	<i>In vivo</i> Lokalisationen von Proteinen mit TPR-Domäne in <i>P. tricornutum</i>	51
3.1.1.2	Das PPC-lokalisierte TPR-Protein ID 46675 interagiert mit MCPs der komplexen Plastide	52
3.1.1.3	eGFP- <i>pulldown</i> mit dem mutmaßlichen periplastidären TPR-Protein ID 46675	54
3.1.2	<i>In silico</i> Identifikation von Proteinen mit WD40-Proteindomäne.....	61

3.1.2.1	<i>In vivo</i> Lokalisation eines Proteins mit WD40-Domäne in <i>P. tricornutum</i>	63
3.2	Identifikation von Apicomplexa-sequenzähnlichen Proteinen	63
3.2.1.1	<i>In silico</i> Identifikation von sequenzähnlichen Proteinen aus <i>Plasmodium falciparum</i> und <i>Plasmodium malariae</i>	63
3.2.1.2	Lokalisation von sequenzähnlichen Proteinen mit TPR-/WD40-Domänen aus <i>P. falciparum</i> 3D7 und <i>P. malariae</i> in <i>P. tricornutum</i>	65
3.3	Identifikation von lichtregulierten Proteinen	69
3.3.1.1	<i>In silico</i> Identifikation von lichtregulierten Proteinen.....	69
3.3.1.2	<i>In vivo</i> Lokalisationen von lichtregulierten Proteinen in <i>P. tricornutum</i>	71
3.4	Massenspektrometrische Analyse des SELMA-Komplexes	72
3.4.1	Gelpräparation und Verifikation des SELMA-Komplexes.....	73
3.4.2	<i>In silico</i> Analysen Blue Native PAGE SELMA-Komplex.....	74
3.4.3	<i>In vivo</i> Lokalisationen von Importrezeptor-Kandidaten – Blue Native PAGE.....	78
3.4.3.1	Mögliche PPC-, PPM- und stromale Lokalisationen aus dem Blue Native PAGE-Ansatz.....	78
3.4.3.2	Mutmaßliche cER Lokalisationen von Proteinen aus dem Blue Native PAGE-Ansatz	80
3.4.3.3	Mutmaßliche Lokalisationen des sekretorischen Wegs von Proteinen aus BN PAGE.....	82
3.4.3.4	Mutmaßliche mitochondrielle Lokalisationen von Proteinen aus dem BN PAGE-Ansatz	85
3.4.4	<i>In vivo</i> Lokalisationen von Ubiquitinligasen und Signalpeptidasen	85
3.4.4.1	Eine im cER-lokalisierte Signalpeptidase (ID 18533)?	86
3.4.4.2	Lokalisationen von Ubiquitinligasen in der Diatomee <i>P. tricornutum</i>	86
4	DISKUSSION	88
4.1	Kriterien der zielgerichteten <i>in silico</i> Analysen	89
4.2	Neue Proteine im PPC der komplexen Plastide von <i>P. tricornutum</i>	94
4.2.1	Proteine mit möglicher Chaperon-Aktivität im PPC.....	94
4.2.2	Proteine mit unbekannter Funktion im PPC – DUFs	96
4.2.3	Ein mögliches lichtreguliertes Protein lokalisiert vermutlich im PPC	97
4.2.4	Ein sequenzähnliches Apicoplast-Protein unbekannter Funktion lokalisiert mutmaßlich im PPC.....	98
4.3	Rekrutiert ein PPC-TPR-Protein <i>mitochondrial carrier</i> Proteine an die PPM?	98
4.4	Ein sequenzähnlicher Apicomplexa- ER-Lumen <i>Retaining</i> Proteinrezeptor als möglicher Rezeptor im cER?	101
4.5	Neue Proteine mit unbekannt Funktionen im cER	103
4.5.1	Ein Vesikelprotein im cER?.....	104
4.5.2	Eine neue Signalpeptidase im cER?.....	105
4.5.3	Eine Ubiquitinligase in der dritten Plastidenmembran und im cER?	105
4.6	Zwei Proteine mit Domänen unbekannter Funktion in der PPM?	107
5	ANHANG	109
5.1	Überblick grundlegender Mechanismen der ER-assoziierten Degradation	109
5.1.1.1	Proteinqualitätskontrolle ERQC	109

5.1.1.2	ER-assoziierte Degradation -ERAD	110
5.2	Oligonukleotide.....	116
5.3	Nährmedien, Puffer und Lösungen	120
5.3.1	Nährmedien	120
5.3.2	Lösungen	121
5.4	Ergebnisse	127
5.4.1	Identifizierte ERAD-/SELMA-Komponente durch eGFP- <i>pulldown</i> mit dem PPC-TPR-Protein ID 46675 127	
5.4.2	Lokalisationen <i>mitochondrial carrier</i> Proteine MCP2, MCP3, MCP7 sowie sDer1-1	129
5.4.3	Split-GFP von ID 46675 und sCdc48-1, sAtpC und sHsp70.....	130
5.4.4	ERAD-/SELMA-Komponenten: Blue Native PAGE SELMA-Komplex und <i>pulldown</i> SELMA-Komplex.	131
5.4.5	<i>In silico</i> Identifikation konservierte Domänen Blue Native PAGE	132
5.4.6	Identifikation von Importrezeptor-Kandidaten – <i>in silico</i> Analysen <i>pulldown</i>	132
5.4.7	Zweite TEM-Aufnahme des mutmaßlichen cER-Proteins ID 42790.....	136
5.5	Anmerkungen zu Proteinmodellen und konservierte Domänen	136
5.5.1	TPR-Proteine:	136
5.5.2	Proteine aus 46675 eGFP <i>pulldown</i>	136
5.5.3	WD40-Motiv Proteine	137
5.5.4	Licht-regulierte Proteine	137
5.5.5	Sequenzähnliche Apicomplexa-Proteine	137
5.5.6	BN PAGE – Membranfraktion: lokalisierte Proteine	137
5.5.7	Signalpeptidase.....	138
5.5.8	Ubiquitinligasen	138
5.6	Digitaler Anhang	138
6	LITERATURVERZEICHNIS	139
	Danksagung.....	157
	Curriculum vitae.....	158
	Eidesstattliche Erklärung.....	159

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Primäre Endosymbiose I – Schema.	2
Abbildung 2: Primäre Endosymbiose II – Schema.	3
Abbildung 3: Entstehung komplexer Plastiden rhodophytischen Ursprungs – Schema.	6
Abbildung 4: Aufbau der komplexen Plastide von <i>P. tricornutum</i>	7
Abbildung 5: Proteinimport in komplexen Plastiden rhodophytischen Ursprungs – Schema.	14
Abbildung 6: Morphotypen von <i>P. tricornutum</i>	17
Abbildung 7: Längenstandards der Agarosegelelektrophorese.	33
Abbildung 8: Massenstandard der SDS-PAGE.	40
Abbildung 9: Nativer Proteinstandard von Invitrogen.	42
Abbildung 10: <i>In silico Screening</i> TPR-Proteinmodelle mit Signalpeptid.....	49
Abbildung 11: <i>In silico Screening</i> nach konservierten Domänen von annotierten TPR-Proteinen..	50
Abbildung 12: Lokalisationen ausgewählter TPR-Proteine in der Diatomee <i>P. tricornutum</i>	52
Abbildung 13: Charakterisierung des Fusionsprotein ID 46675eGFP.....	54
Abbildung 14: Proteobiochemischer Nachweis des Fusionsproteins ID 46675eGFP.....	55
Abbildung 15: <i>In silico Screening</i> nach Signalpeptiden - eGFP-pulldown mit bait-Protein ID 46675eGFP.....	56
Abbildung 16: <i>In silico</i> Analyse nach konservierten Domänen der detektierten Peptide der LC-MS des durchgeführten eGFP-pulldown mit dem Fusionprotein ID 46675eGFP.....	57
Abbildung 17: <i>In vivo</i> Lokalisationen ausgewählter Fusionsproteine aus dem pulldown mit TPR-ID 46675 eGFP.	59
Abbildung 18: Vorhergesagte, konservierte Domänen von ID 46675 – Schema..	60
Abbildung 19: <i>In vivo</i> Interaktionsstudien von TPR-Protein ID 46675, MCPs und sDer1-1.....	61
Abbildung 20: <i>In silico Screening</i> nach WD40-Proteinen auf Vorhandensein eines Signalpeptid.....	62
Abbildung 21: <i>In silico Screening</i> nach konservierten Domänen – WD40-Proteine.....	62
Abbildung 22: <i>In vivo</i> Lokalisation des WD40-Fusionsprotein ID 36668eGFP.....	63
Abbildung 23: <i>In vivo</i> Lokalisationen der ausgewählten sequenzähnlichen Apicomplexa-Proteine in der Diatomee <i>P. tricornutum</i>	67
Abbildung 24: Ko-Lokalisation der Fusionsproteine BTSsHsp70mRuby3 und 42126eGFP.	68
Abbildung 25: <i>In vivo</i> Lokalisation, Karbonatextraktion und TEM-Aufnahme des Fusionsprotein 43933eGFP....	69
Abbildung 26: <i>In silico Screening</i> nach Vorhandensein eines Signalpeptids – lichtregulierte Proteine	70
Abbildung 27: <i>In silico Screening</i> nach konservierten Domänen – lichtregulierte Proteine..	70
Abbildung 28: <i>In vivo</i> Lokalisationen der drei möglicherweise lichtregulierten Proteine.....	71
Abbildung 29: Blue Native PAGE - SELMA-Komplex mit Immunodetektion.....	73
Abbildung 30: <i>In silico</i> Überprüfung auf Vorhandensein eines potenziellen Signalpeptids – Blue Native PAGE	74
Abbildung 31: <i>In silico</i> Identifikation konservierter Domänen nicht annotierter Proteine – Blue Native PAGE... ..	75
Abbildung 32: <i>In vivo</i> Lokalisation des mutmaßlichen stromalen Fusionsproteins ID 37368eGFP.....	78

Abbildung 33: <i>In vivo</i> Lokalisation des möglichen PPM-Proteins ID 40063eGFP.	79
Abbildung 34: Lokalisation, SA-GFP und Karbonatextraktion Fusionsprotein ID 44305eGFP.....	79
Abbildung 35: Mögliche cER-Lokalisation des Fusionsprotein ID 13922eGFP aus dem BN-PAGE Ansatz.....	80
Abbildung 36: <i>In vivo</i> Lokalisation und Karbonatextraktion des mutmaßlichen cER-Protein ID 36311eGFP.	81
Abbildung 37: <i>In vivo</i> Lokalisation mutmaßlicher cER bzw. ER-Proteine.	82
Abbildung 38: Das Fusionsprotein ID 54466eGFP lokalisiert vermutlich in der Plasmamembran.....	83
Abbildung 39: Mutmaßliche ER-Lokalisationen der eGFP-Fusionsproteine ID 39827, 43127, 49908, 45143.....	84
Abbildung 40: Mögliche mitochondrielle Lokalisationen der Fusionsproteine ID 45423eGFP und ID 44547eGFP.....	85
Abbildung 41: Ein als Signalpeptidase vorhergesagtes Protein (ID 18533) lokalisiert möglicherweise im cER. ...	86
Abbildung 42: Lokalisation von zwei vorhergesagten Ubiquitinligasen in der Diatomee <i>P. tricornutum</i>	87
Abbildung 43: Übersicht der 32 Proteinlokalisationen in der Diatomee <i>Phaeodactylum tricornutum</i>	93
Abbildung 44: Topologie des Membranproteins ID 43727. Modell von Phyre ²	97
Abbildung 45: Topologie und 3D-Struktur des möglichen KDEL-Rezeptors ID 42126.....	103
Abbildung 46: Topologie der vorhergesagten Permease ID 44305 (DUF1275).....	108
Abbildung 47: Cryo-EM Struktur des ERAD-M-Komplexes.....	113
Abbildung 48: Schema ERAD-L mit Hrd1 als Retrotranslokationskanal.	115
Abbildung 49: Lokalisationen von MCP2, MCP3 und MCP7 von Dr. Simone Stork.....	129
Abbildung 50: Lokalisation von BTS MCP2eGFP und BTS MCP3eGFP.	129
Abbildung 51: Lokalisation volle Länge-Protein sDer1-1 von Dr. Franziska Hempel.....	129
Abbildung 52: Getestete Split GFP-Interaktionen von 46675, sCdc48-1, sHsp70 und sAtpC.....	130
Abbildung 53: In silico Analyse Blue Native PAGE – Verteilung konservierter Domänen annotierter Peptide...	132
Abbildung 54: Verteilung konservierter Domänen von annotierten im <i>pulldown</i> detektierten Proteine. Proteine mit und ohne Signalpeptid.....	133
Abbildung 55: <i>In silico</i> Analyse Vorhandensein Signalpeptid des <i>pulldown</i> mit nativem Proteinextrakt der transgenen Linie pPhaNRBTS70ΔReGFP.....	133
Abbildung 56: <i>In silico</i> Analyse konservierter Domäne der <i>predicted proteins</i> mit nativem Proteinextrakt mit BTS70ΔReGFP.	134
Abbildung 57: TEM-Aufnahme des mutmaßlichen cER-Proteins ID 42790.....	136
Abbildung 58: Proteindomänen Chaperone ID 44959.	136
Abbildung 59: Nukleotidbindende Domänen ID 37837 (Proteindomäne DUF4468).	137

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Verwendete Chemikalien und deren Hersteller	19
Tabelle 2: Geräte und Materialien – Agarose-Gelelektrophorese	21
Tabelle 3: Geräte und Materialien – Proteingel-Elektrophorese	22
Tabelle 4: Sonstiges – Einwegmaterialien, Thermocycler	22
Tabelle 5: Geräte und Materialien - Partikelbombardment.....	23
Tabelle 6: Pipetten	23
Tabelle 7: Zentrifugen	23
Tabelle 8: Verwendete molekularbiologische Kits mit deren Hersteller.....	23
Tabelle 9: Verwendete Enzyme.....	24
Tabelle 10: Primärantikörper	24
Tabelle 11: Sekundärantikörper	25
Tabelle 12: Verwendete Antibiotika.....	25
Tabelle 13: Verwendete Plasmide.....	26
Tabelle 14: Datenbanken.....	26
Tabelle 15: Internetanwendungen.....	27
Tabelle 16: Software.....	27
Tabelle 17: Reaktionsansatz der DNase I-Behandlung.....	30
Tabelle 18: Reaktionsansatz Primerhybridisierung der cDNA-Synthese	30
Tabelle 19: Ansatz der reversen Transkription.....	30
Tabelle 20: Reaktionsansatz Phusion High Fidelity Polymerase.....	31
Tabelle 21: PCR-Programm Phusion High Fidelity Polymerase	31
Tabelle 22: Reaktionsansatz der Q5® <i>High Fidelity</i> Polymerase	31
Tabelle 23: PCR-Programm der Q5® <i>High Fidelity</i> Polymerase	32
Tabelle 24: Kolonie-PCR mittels Taq-Polymerase.....	32
Tabelle 25: PCR-Programm der Kolonie-PCR.....	32
Tabelle 26: Restriktionsansatz der <i>Insert</i> -Kontrolle	34
Tabelle 27: Ligationsansatz pJet1.2/ <i>blunt cloning vector</i>	34
Tabelle 28: Ligationsansatz.....	35
Tabelle 29: Reaktionsansatz Partikelbombardment.....	38
Tabelle 30: Rezeptur 12,5%iges SDS-Gel	40
Tabelle 31: <i>In vivo</i> Kandidaten TPR-Proteine in <i>P. tricornutum</i>	51
Tabelle 32: <i>In vivo</i> Lokalisations-Kandidaten aus dem eGFP- <i>pulldown</i> mit ID 46675eGFP.....	58
Tabelle 33: <i>In vivo</i> Kandidat mit WD40-Domäne.	63
Tabelle 34: <i>In vivo</i> Kandidaten sequenzähnlicher Apicomplexa-Proteine in <i>P. tricornutum</i>	65
Tabelle 35: <i>In vivo</i> Kandidaten lichtregulierte Proteine.	70

Tabelle 36: Lokalisationskandidaten aus dem Blue Native PAGE-Ansatz mit dem SELMA-Komplex.	76
Tabelle 37: Oligonukleotide: Sequenzähnliche Apicoplast-, TPR-/WD40-Proteine in <i>P. tricornutum</i>	116
Tabelle 38: Oligonukleotide: Licht-regulierte Proteine.	116
Tabelle 39: Oligonukleotide: Identifikation von Proteinen mit TPR-Domäne.	116
Tabelle 40: Oligonukleotide: Identifikation von Proteinen mit WD40-Domäne.	116
Tabelle 41: Oligonukleotide: Blue Native PAGE mit dem SELMA-Komplex - Kandidaten (Membranfraktion). ..	117
Tabelle 42: Oligonukleotide: eGFP- <i>pulldown</i> mit dem Fusionsprotein-ID46675eGFP.....	118
Tabelle 43: Oligonukleotide: Signalpeptidase.	118
Tabelle 44: Oligonukleotide: Ubiquitinligasen.	118
Tabelle 45: Oligonukleotide: Lokalisation BTSeGFP-Fusionsproteine von MCPs.	118
Tabelle 46: Oligonukleotide: eGFP	118
Tabelle 47: Oligonukleotide: SA GFP	119
Tabelle 48: Oligonukleotide: Split-GFP Interaktionsstudien.....	119
Tabelle 49: Oligonukleotide: Sequenzierung.....	119
Tabelle 50: Rezeptur f/2-Medium	120
Tabelle 51: Rezeptur f/2-Spurenelementelösung	120
Tabelle 52: Rezeptur f/2-Vitaminlösung.....	120
Tabelle 53: Rezeptur <i>lysogeny broth</i> (LB-) Medium	120
Tabelle 54: Isolierung gDNA <i>P. tricornutum</i> – CTAB-Puffer	121
Tabelle 55: Isolierung Gesamt-RNA <i>P. tricornutum</i> – NAES-Puffer	121
Tabelle 56: Agarosegelelektrophorese – 10xTBE-Puffer	121
Tabelle 57: Agarosegelelektrophorese – 6 x Proben-Ladepuffer	121
Tabelle 58: Analytische Restriktion – 10 x <i>Sperm Dilution Buffer</i> (SDB).....	121
Tabelle 59: Herstellung chemisch-kompetenter <i>E. coli</i> – Zellen -Transformation Buffer I (TFB I)	122
Tabelle 60: Herstellung chemisch-kompetenter <i>E. coli</i> – Zellen – Transformation Buffer II (TFB II).....	122
Tabelle 61: Minipräparation mittels alkalischer Lyse – Resuspensionspuffer P1.....	122
Tabelle 62: Minipräparation mittels alkalischer Lyse – Lysepuffer P2	122
Tabelle 63: Minipräparation mittels alkalischer Lyse – Neutralisationspuffer P3.....	122
Tabelle 64: Karbonatextraktion – Solubilisierungspuffer (SOLA).....	122
Tabelle 65: Karbonatextraktion – Karbonatpuffer	123
Tabelle 66: Protease-Inhibitor-Cocktail (PIC)	123
Tabelle 67: 10 x <i>Phosphate-Buffered Saline</i> (PBS).....	123
Tabelle 68: SDS-PAGE – 10 x SDS-Urea-Puffer.....	123
Tabelle 69: Proteinkonzentrationsbestimmung – Amidoschwarz-Färbelösung.....	123
Tabelle 70: Proteinkonzentrationsbestimmung – Amidoschwarz-Waschlösung	124
Tabelle 71: SDS-PAGE – 4 x Sammelgelpuffer	124
Tabelle 72: SDS-PAGE – 4 x Trenngelpuffer.....	124

Tabelle 73: SDS-PAGE – 10 x SDS-Laufpuffer.....	124
Tabelle 74: Semidry Westernblot – SDS-PAGE Transferpuffer.....	124
Tabelle 75: Protein-Immunodetektion – 10 x TBS-Puffer (<i>TRIS buffered Saline</i>)	124
Tabelle 76: Protein-Immunodetektion – ECL-Lösung.....	124
Tabelle 77: Blue Native PAGE – 1x <i>Native PAGE Sample Buffer</i>	125
Tabelle 78: Blue Native PAGE – 20 x BN PAGE Ladepuffer.....	125
Tabelle 79: Blue Native PAGE – 20 x <i>Native PAGE cathode additive</i>	125
Tabelle 80: Blue Native PAGE – <i>dark blue</i> Puffer	125
Tabelle 81: Blue Native PAGE – <i>light blue</i> Puffer	125
Tabelle 82: Nativer Westernblot-Transferpuffer (nach Schaegger)	125
Tabelle 83: eGFP- <i>pulldown</i> – Immunopräzipitationspuffer (IP-Puffer).....	126
Tabelle 84: eGFP- <i>pulldown</i> – 10 x Laemmli-Puffer.....	126
Tabelle 85: Identifizierte ERAD-/SELMA-Komponenten, Proteine aus in silico Ansätzen – <i>pulldown</i> ID 46675 .	127
Tabelle 86: Bereits bekannte und charakterisierte Proteine BN PAGE und <i>pulldown</i>	131
Tabelle 87: Lokalisationskandidaten aus dem <i>pulldown</i> mit dem Fusionsprotein BTS70ΔReGFP.	135

Abkürzungsverzeichnis

Abkürzung	Bedeutung
%	Prozent
&	und
° C	Grad Celsius
µg	Mikrogramm
µL	Mikroliter
µL	Mikroliter
µm	Mikrometer
µM	Mikrometer
ad.	addiere
AS	Aminosäure
bp	Basenpaare
bzw.	beziehungsweise
ca.	circa
cDNA	<i>complementary DNA</i>
cER	<i>Chloroplast Endoplasmic Reticulum</i>
cERM	Chloroplast Endoplasmic Reticulum Membrane
CI	Chloroform-Isoamylalkohol
cm	Zentimeter
CRISPR/Cas	<i>Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats</i>
d	Tag
d. h.	das heißt
DNA	<i>deoxyribonucleic acid</i>
dNTPs	Desoxyribonukleintriphosphate
DUF	<i>Domain of Unknown Function</i>
ECL	<i>Enhanced Chemiluminescence</i>
eGFP	<i>enhanced green fluorescent protein</i>
EGT	Endosymbiontischer Gentransfer
ER	Endoplasmatisches Retikulum
ERAD	ER-assoziierte Degradation
ERQC	<i>ER Quality Control</i>
EST	<i>Expressed Sequence Tags</i>
et al.	et alia
FL	<i>full length</i>
fw	<i>forward, 5'-Richtung</i>
g	Gramm
gDNA	genomische DNA

GFP	<i>green fluorescent protein</i>
GQC	<i>Golgi quality control</i>
h	Stunde(n)
HEAT	Huntingtin, <i>Elongation Factor 3, Protein Phosphatase 2A, TOR1</i>
HER	<i>Host Endoplasmic Reticulum</i>
HF	<i>High-Fidelity</i>
Hg	Quecksilbersäule, Einheit Vakuum
HGT	Horizontaler Gentransfer
HPLC	<i>high performance liquid chromatography</i>
HRP	<i>horseradish peroxidase</i>
iEM	<i>inner envelope membrane</i>
IMS	<i>intermembrane space</i>
inkl.	inklusive
kb	Kilobasen
kDa	Kilodalton
L	Liter
LC-MS	<i>liquid chromatography-massspectrometry</i>
LECA	<i>latest eukaryotic common ancestor</i>
M	Mol
m ²	Quadratmeter
m ³	Kubikmeter
mA	Milliampère
Mb	Megabasen
MCP	<i>mitochondrial carrier Protein</i>
MCS	<i>multiple cloning site(s)</i>
mg	Milligramm
mg	Milligramm
Min.	Minuten
mL	Milliliter
mm	Millimeter
mM	Millimol
Mrd.	Milliarden
ng	Nanogramm
nm	Nanometer
NR	Nitratreduktase
OD	Optische Dichte
oEM	<i>outer envelope membrane</i>
PCI	Phenol-Chloroform-Isoamylalkohol
PCR	<i>polymerase chain reaction</i>

PIC	Protease-Inhibitor-Cocktail
pmol	Picomol
PMQC	<i>plasmamembrane quality control</i>
PMSF	Phenylmethylylsulfonylfluorid
POTRA	<i>polypeptide-transport-associated domain</i>
PPC	<i>periplastidial compartment</i>
PPM	<i>periplastidial membrane</i>
PPR	<i>pentatricopeptide repeats</i>
PSI	<i>Pound-force per square inch, Druckeinheit</i>
Pt	<i>Phaeodactylum tricornutum</i>
PVDF	Polyvinylidenfluorid
rER	raues ER
rev	<i>reverse, 3'-Richtung</i>
RNA	<i>ribonucleic acid</i>
rpm	<i>revolutions per minute</i>
RT	Raumtemperatur
s	Sekunden, Symbiont-spezifisch
SELMA	<i>Symbiont-Specific ERAD-like Machinery</i>
spp.	species pluralis
SRPs	<i>signal recognition particle</i>
TEM	Transmissionselektronenmikroskopie
Tg	<i>Toxoplasma gondii</i>
Tic	<i>translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts</i>
Toc	<i>translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts</i>
TOM	<i>translocase of outer membrane</i>
TP	Transitpeptid
TPL	<i>transitpeptide-like</i>
TPR	<i>Tetratricopeptide Repeats</i>
TR	<i>Tandem Repeats</i>
U	<i>Units</i>
u. a.	unter anderem
UDP	Uridindiphosphat
UZ	Ultrazentrifuge
V	Volt
v/v	<i>Volume per Volume</i>
VE	Volumeneinheit
vgl.	vergleiche
w/v	<i>Weight per Volume</i>
z. B.	zum Beispiel

1 Einleitung

1.1 Evolution primärer und sekundärer Plastiden

Der Begriff Plastide fasst charakteristische Zellorganellen von Algen und Pflanzen zusammen, welche in primäre, sekundäre und tertiäre Plastiden unterteilt werden (Sadali et al. 2019). Plastiden nehmen essenzielle Funktionen wie die oxygene Fotosynthese oder die Fettsäurebiosynthese wahr oder fungieren als Speicherort (Amylo- und Leukoplasten) (Rolland et al. 2018; Sadali et al. 2019). Weitere Funktionen werden in Nonoyama et al. zusammengefasst (Nonoyama et al. 2019). Primären und sekundären Plastiden gemein ist der endosymbiontische Ursprung. Die ersten Endosymbiontentheorien (damals Symbiogenese) wurden 1883 von dem deutschen Biologen Andreas F. W. Schimper und 1905 durch den russischen Biologen Konstantin Mereschkowsky formuliert, welcher morphologische Ähnlichkeiten zwischen Chloroplasten und Cyanobakterien identifizierte (Schimper 1883; Mereschkowsky 1905). Ende der 1960 Jahre wurde schließlich durch Lynn Sagan (später Lynn Margulis) die moderne Endosymbiontentheorie begründet (Sagan 1967). Demnach gehen Mitochondrien und Chloroplasten auf eine Endosymbiose aus einem Cyanobakterium und einer ancestralen eukaryotischen Zelle (primäre Endosymbiose) zurück. Lange bevor sich die ersten phototrophen Organismen etablierten, entstanden heterotrophe Eukaryoten durch eine Endosymbiose zwischen einem α -Proteobakterium und einem Asgard Archaeum (Roger et al. 2017; Rodríguez-Ezpeleta und Embley 2012). Im Vergleich zu Mitochondrien haben sich wahrscheinlich erst später Chloroplasten als semiautonome Zellorganellen aus phototrophen β -Cyanobakterien etabliert (Roger et al. 2017). Auf die Evolution der primären und sekundären Plastiden wird im Folgenden näher eingegangen.

1.1.1 Evolution primärer Plastiden

Vor etwa 3,5 Mrd. Jahren erwarben womöglich ancestrale Cyanobakterien die Fähigkeit zur oxygenen Fotosynthese, der biochemischen Konversion von Kohlenstoffdioxid und Wasser zu Sauerstoff und Kohlenhydraten, mithilfe der Energie aus Sonnenlicht (zusammengefasst in (Soo et al. 2019, Falkowski 2011; Rosing und Frei 2004)). Im weiteren Verlauf der Evolution wurden diese phototrophen Cyanobakterien durch ancestrale heterotrophe Eukaryoten phagozytiert und als Endosymbiont (Cyanobiont) etabliert (Ward et al. 2019). Dieser Prozess wird als primäre Endosymbiose bezeichnet. Während dieser Endosymbiose wurde das Symbiontengenom drastisch reduziert. So wird geschätzt, dass weniger als 5 % der kodierten Gene des Cyanobionten mit dem von frei lebenden Cyanobakterien übereinstimmen (Reyes-Prieto et al. 2006; Green 2011). Resultierend aus einem horizontalen Gentransfer (HGT) vom Endosymbiont zum Wirt (auch als endosymbiontischer Gentransfer (EGT) bezeichnet), wurden endosymbiontische Gene möglicherweise stabil in das Wirtsgenom integriert (McFadden 2001; Kutscher & Niklas 2005). Neben Wirts- und Endosymbionten-spezifischen Genen finden sich in den plastidären Genomen der

Archaeplastida (Glauco-, Rhodo- und Chlorophyta) weitere Gene bakteriellen Ursprungs (sieben bis 15 %) (Qiu et al. 2013; Bowler et al. 2008). Es wird vermutet, dass diese Gene aus der Etablierung der Mitochondrien als Zellorganelle stammen könnten oder ein Relikt des Plastidengenoms des ancestralen Cyanobakteriums darstellen (Dagan et al. 2013; Qiu et al. 2013). Mit der Reduktion des Endosymbionten zu einem semiautonomen Zellorganell mit zwei Hüllmembranen (primäre Plastide, Chloroplast) in der Wirtszelle ging auch eine massive zelluläre Umstrukturierung von Wirt und Symbiont einher (Ponce-Toledo et al. 2019; Stoebe und Maier 2002). Daraus resultierte letztlich ein nunmehr chimärer Organismus mit neuen physiologischen Fähigkeiten (Ponce-Toledo et al. 2019). Abbildung 1 zeigt die primäre Endosymbiose des Taxon der Archaeplastida, zu denen Glaucophyta, Rhodophyta und Chlorophyta zählen (Adl et al. 2012). Aus den Chlorophyta entwickelten sich neben Grünalgen die heutigen Landpflanzen (Embryophyta). Genomanalysen identifizierten rund 10 % der auf dem Nucleus befindlichen pflanzlichen Gene als Gene cyanobakteriellen Ursprungs (Reyes-Prieto et al. 2006; Yoon et al. 2004). Durch Vergleiche genomischer Daten von Archaeplastida gilt ein monophyletisches Ereignis heute als bestätigt (Reyes-Prieto et al. 2006).

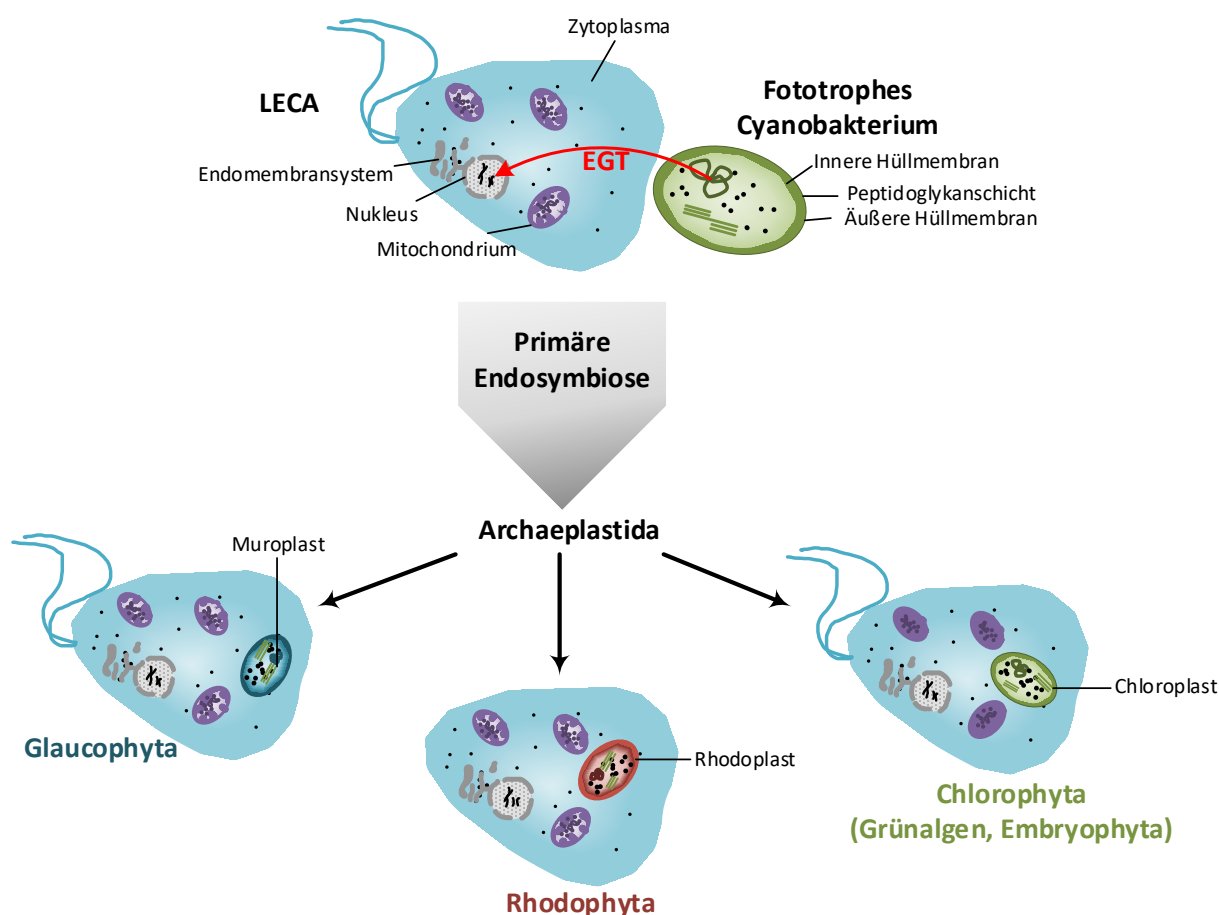


Abbildung 1: Primäre Endosymbiose I – Schema. Die Phagozytose eines Cyanobakteriums durch einen heterotrophen Eukaryoten führte zu der Supergruppe der Archaeplastida (Glauco-, Rhodo-, Chlorophyta). Aus den Chlorophyta gingen neben Grünalgen später die Embryophyta (Landpflanzen) hervor. EGT = Endosymbiontischer Gentransfer [modifiziert nach (Archibald 2015; Gentil et al. 2017)].

Studien der Amöben *Paulinella* spp. (Rhizaria) demonstrieren eine weitere primäre Endosymbiose jüngerer Zeit (Delaye et al. 2016; Nowack et al. 2016). Ähnlich zur primären Endosymbiose, die zur Entstehung der Archeplastida geführt hat, phagozytierte eine ancestrale heterotrophe *Paulinella* spp.-Zelle ein α -Cyanobakterium der Syn/Pro-Klade (*Synechococcus/Prochlorococcus*) (dargestellt in Abbildung 2). Mechanismen wie die Reduktion des Cyanobionten-Genoms und zelluläre Restrukturierung mündeten in der Etablierung eines Chromatophors (Ponce-Toledo et al. 2019; Marin et al. 2005). Insbesondere die Amöbe *Paulinella chromatophora* dient hierfür als Modellorganismus. Ihre Plastiden (Chromatophore) ähneln morphologisch mehr Cyanobakterien als dem von Chloroplasten (Nowack et al. 2016). Demnach könnten sich Chromatophore von *Paulinella* spp. deutlich später, vor etwa 90 bis 140 Millionen Jahren, als Plastiden etabliert haben (Nowack et al. 2016; Marin et al. 2005; Nowack et al. 2008).

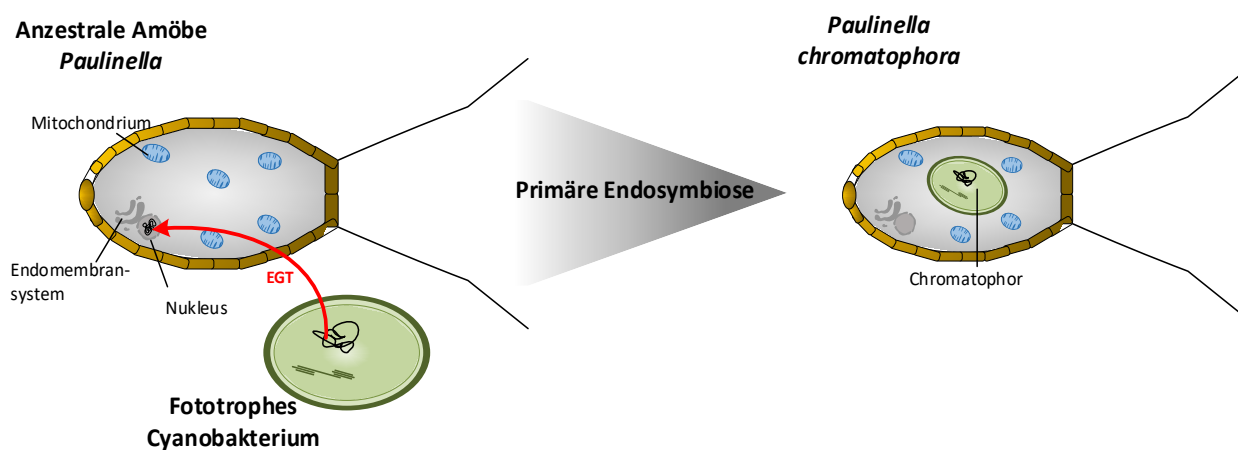


Abbildung 2: Primäre Endosymbiose II – Schema. Während einer weiteren primären Endosymbiose phagozytierte ein ancestraler Vertreter der Amöbe *Paulinella* spp. ein Cyanobakterium. Daraus entwickelte sich unter anderem *Paulinella chromatophora* mit einem charakteristischen Chromatophor [modifiziert nach (Gentil et al. 2017)].

1.1.2 Evolution sekundärer Plastiden

Zahlreiche eukaryotische Organismen weisen Plastiden mit drei oder vier Hüllmembranen auf. Zu deren Evolution wurde von Cavalier-Smith 1998 erstmals die Chromalveolaten-Hypothese postuliert, welche mittlerweile durch neue Erklärungsmodelle teilweise ersetzt, aber nicht vollständig widerlegt wurde (siehe Zusammenfassung in (Cavalier-Smith 2018; Cavalier-Smith 1999; Cavalier-Smith 1998)). Aufgrund neuerer phylogenetischer Analysen treten alternative Szenarien wie tertiäre oder serielle Endosymbiosen immer weiter in den Fokus (zusammengefasst in (Oborník 2019; Archibald 2015)). In jedem Fall hat die Evolution komplexer Plastiden mindestens drei Mal unabhängig voneinander stattgefunden und resultierte in chimären Eukaryoten (Roger et al. 2017; Stoebe und Maier 2002). Demnach wurde mindestens zwei Mal unabhängig voneinander eine Chlorophyte zu einem Endosymbiont (sekundäre Plastide) reduziert, wodurch die grünen Linien mit Euglenophyten und Chlorarachniophyten entstanden (Roger et al. 2017). Dieses Polyphyllum kann anhand des Vorhandenseins des sogenannten Nukleomorph (Chlorarachniophyten), morphologische Merkmale und durch phylogenetische Daten unterschieden werden (Roger

et al. 2017). Die phylogenetischen Analysen dokumentieren divergente Wirtslinien zwischen Eugleno- und Chlorarachniophyten (Roger et al. 2017; Tanifuji et al. 2014). Der sogenannte Nukleomorph bezeichnet den zwischen zweiter und dritter Plastidenmembran verbliebenen, reduzierten Nukleus des sekundären Endosymbionten (Tanifuji et al. 2014).

Die Evolution komplexer Plastide rhodophytischen Ursprungs stellt sich ungleich komplexer dar und wird kontrovers diskutiert. Unumstritten ist, dass eine Rhodophyte zur komplexen Plastide reduziert wurde. Zu den Taxa mit komplexer Plastide zählen Cryptophyta, Haptophyta, Stramenopiles, Dinoflagellata und Apicomplexa (siehe Abbildung 3, zusammengefasst in ((Cavalier-Smith 2018; Yoon et al. 2004))). Bis auf die Cryptophyten, welche einen Nukleomorph besitzen, wurde bei allen anderen Taxa das Symbionten-spezifische Genom größtenteils ins Wirtsgenom integriert (Tanifuji et al. 2014). Während Cavalier-Smith der Chromalveolaten-Hypothese ein monophyletisches Ereignis zugrunde legt, gilt aufgrund neuer phylogenetischer Daten ein polyphyletisches Ereignis der Evolution komplexer „roter“ Plastiden als wahrscheinlicher (zusammengefasst in (Oborník 2019)). Infolgedessen ist es nicht ausgeschlossen, dass die sogenannten Chromalveolaten durch parallel, unabhängig voneinander stattgefundenen sekundäre Endosymbiosen, tertiäre oder Endosymbiosen höherer Ordnung entstanden sein könnten (Oborník 2019; Moustafa et al. 2009). Die Monophylie der komplexen Plastiden rhodophytischen Ursprungs wird durch phylogenetische Daten evident, insofern das Taxon der Rhizaria (SAR-Klade¹) in komparative Analysen eingeschlossen wird und ist auch nur dann für das Kerngenom gültig (zusammengefasst in (Oborník 2019; Dorrell und Smith 2011)). Bisher wurden 170 plastidäre Gene rhodophytischen Ursprungs in Wirtsgenomen der SAR-Klade identifiziert, welche eine phylogenetische Verwandtschaft zwischen Heterokonto-, Hapto- und Cryptophyta nahe legen (Strassert et al. 2019; He et al. 2016). Gesondert davon werden die Taxa Apicomplexa und Dinoflagellata als Schwestergruppe zusammengefasst (zusammengefasst in (Oborník 2019; Dorrell und Smith 2011)). Für die Evolution des Apicoplasten, die nicht mehr fotosynthetisch aktive komplexe Plastide der Apicomplexa, wurde lange Zeit eine tertiäre Endosymbiose mit einer Chlorophyte postuliert (Rueckert et al. 2019). Die Entdeckung der Spezies *Chromera velia* und die Sequenzierung des Plastidengenoms durch Moor et al. hingegen belegt den tatsächlichen rhodophytischen Ursprung der komplexen Plastiden von Apicomplexa und Dinoflagellata (Moore et al. 2008). Weiterhin stellt *Chromera velia* ein fehlendes Bindeglied zu Heterokonto-, Hapto- und Cryptophyten dar (Moore et al. 2008). Insbesondere Dinoflagellata sind ein Beispiel stattgefundenener tertiärer bzw. serieller Endosymbiosen (Hehenberger et al. 2019). Einige Spezies besitzen eine Plastide ohne Fotosyntheseaktivität oder andere besitzen Plastiden crypto- oder haptophytischen Ursprungs (Hehenberger et al. 2019; Oborník 2019). Die komplexe Plastide der Spezies *Karlodinium* entstammt beispielsweise einer Diatomee und wird auch als Dinotom bezeichnet (Hehenberger et al. 2019). Das Dinotom-Genom weist im Vergleich zu Diatomeen kaum Verluste möglicherweise redundanter Gene auf (Hehenberger et al. 2019; Hehenberger et al. 2014). Eine weitere

¹ SAR-Klade: Stramenopiles, Apicomplexa, Rhizaria

besondere Dinoflagellata stellt *Dinophysis* spp. dar, welche eine sogenannte Kleptoplastide besitzt. Hierbei werden *via* spezifischen Zellorganellen kontinuierlich Plastiden von mutmaßlich Haptophyten internalisiert, aber nicht als Endosymbionten reduziert (Hehenberger et al. 2019; Hongo et al. 2019). Dadurch können Kleptoplastiden nicht vererbt werden und stellen keine Endosymbiose per Definition dar (Hehenberger et al. 2019; Hehenberger et al. 2014). Endosymbiosen höherer Ordnung könnten auch bei anderen Organismen mit komplexen Plastiden stattgefunden haben. Frommolt et al. zeigen, dass bei den Stramenopilen plastidäre, auf dem Nukleus-kodierte Gene nicht exklusiv auf den rhodophytischen Endosymbionten zurückzuführen sind (Frommolt et al. 2008). So sind 16 % der Gene von Diatomeen vermutlich chlorophytischen Ursprungs, davon kodieren etwa 1/3 für essenzielle Enzyme der Carotinoidsynthese (Frommolt et al. 2008). Dorrell et al. schätzen den Anteil der Nukleus-kodierten Gene chlorophytischen Ursprungs sogar auf 25 % (Dorrell et al. 2017). Moustafa et al. sowie Bodyl et al. postulieren, dass subsequent in einem Vorfahren der Diatomeen die „grüne“ Plastide durch eine Plastide einer Rhodophyte substituiert wurde (Bodyl et al. 2009; Moustafa et al. 2009). Es wird angenommen, dass neben einer kryptischen tertiären Endosymbiose auch ein wiederholter lateraler Eukaryot-zu-Eukaryot-Gentransfer ebenfalls in Betracht gezogen werden kann, wenngleich er durch eine beschränkte Verteilung der „grünen Gene“ vor allem auf Mitochondrien und Plastiden als eher unwahrscheinlich gilt (vgl. Zusammenfassung von (Dorrell und Smith 2011)). Im Falle eines wiederholten lateralen Gentransfers wäre eher von einer zufälligen Akquisition der „grünen Gene“ im Wirtsgenom auszugehen (Dorrell und Smith 2011). Für Diatomeen wurde durch Moustafa et al. gezeigt, dass die vorhandenen „grünen Gene“ aus divergenten Chlorophyten entstammen (Moustafa et al. 2009). Das Vorhandensein „grüner Gene“ kann auch durch den signifikanten Effekt möglicher Artefakte der phylogenetischen Analysen erklärt werden, resultierend aus den geringen vorhandenen Genomdaten rhodophytischer Organismen (Moustafa et al. 2009). Weiterhin auffällig sind 22 Gene aus der Familie *Chlamydiales*, welche häufig in der Literatur durch Endosymbiosen höherer Ordnung erklärt werden oder durch eine aktive Infektion der ancestralen Archeoplastida durch Chlamydien (Becker et al. 2008). Als abschließendes Beispiel einer sekundären Endosymbiose der Evolution komplexer Plastiden können Chlorarachniophyten, insbesondere die Alge *Bigelowiella natans* dienen. Phylogenetische Analysen haben gezeigt, dass ihre komplexe Plastide chlorophytischen Ursprungs ist (Neilson et al. 2017). Neuere Hypothesen zur Evolution komplexer „roter“ Plastiden ziehen auch Modelle der Kleptoplastie in Betracht. Nach dieser Hypothese wurden durch räuberische Protisten Plastiden der Archaeoplastida sequestriert (Kleptoplastide) und durch verzögerte Verdauung als eigene Zellorganelle etabliert (Bodyl 2018; Hehenberger et al. 2014). Bei dieser Lebensweise müssen kontinuierlich Kleptoplastide internalisiert werden, da die meisten kleptotrophen Organismen ohne Kleptoplastide nicht lebensfähig wären (Hehenberger et al. 2019). Aufgrund fehlender phylogenetischen Daten bezüglich dieser Hypothesen, sei hier auf eine Zusammenfassung von Bodyl verwiesen (Bodyl 2018).

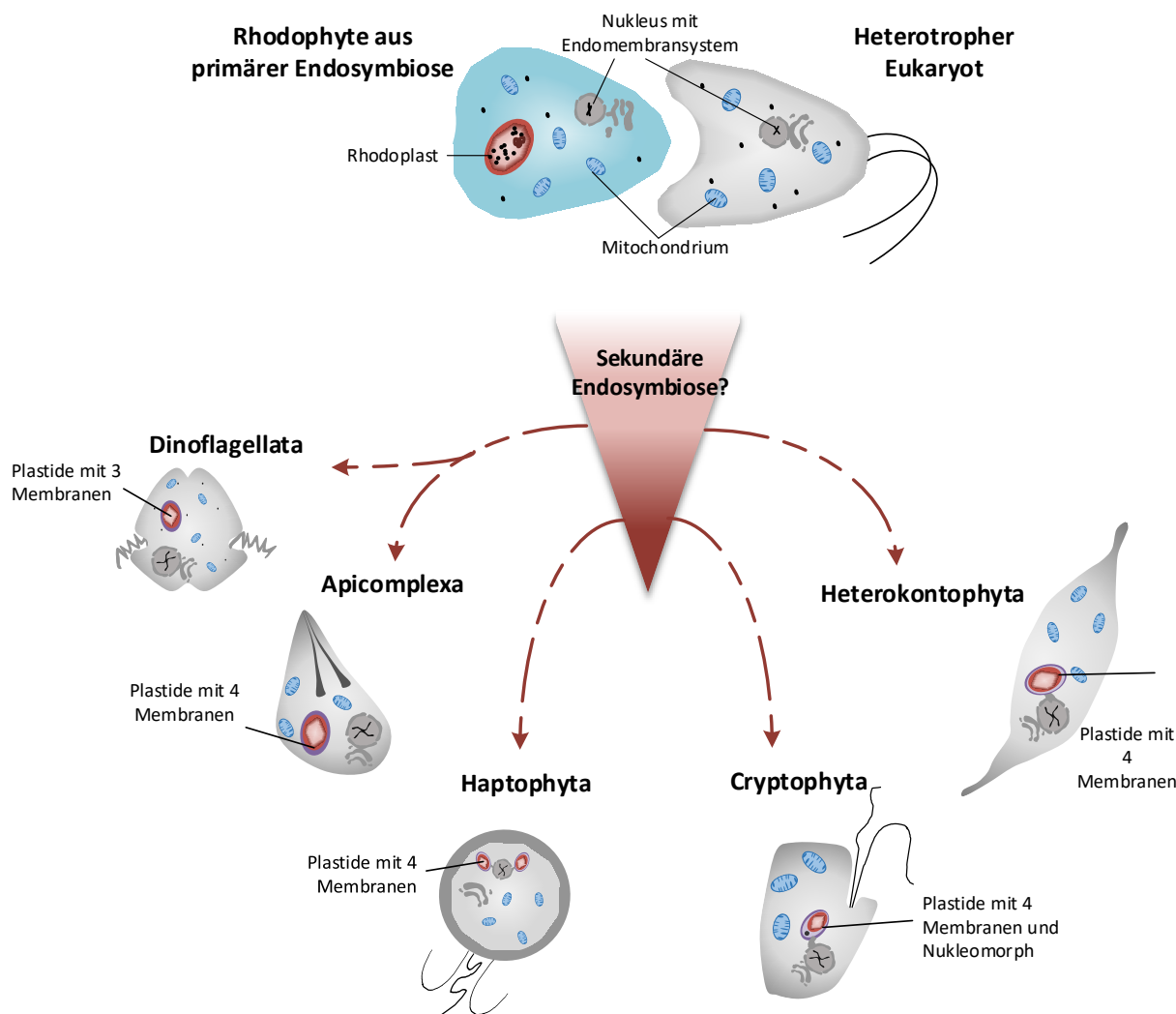


Abbildung 3: Entstehung komplexer Plastiden rhodophytischen Ursprungs – Schema. Phago- oder Endozytose einer Rhodophyte aus der primären Endosymbiose durch einen heterotrophen Eukaryonten resultierte in den Linien der Dinoflagellata, Apicomplexa, Hapto-, Crypto- und Heterokontophyta. Umstritten ist, ob es sich dabei um eine sekundäre oder Endosymbiose höherer Ordnung handelte [modifiziert nach (Gentil et al. 2017)].

1.2 Aufbau der komplexen Plastide rhodophytischen Ursprungs

Primäre und komplexe Plastiden konnten im Wesentlichen durch differentiellen Verlust von symbiontischen Genen, selektiver Erweiterung des Genrepertoires des Wirts-Genoms und drastischer intrazellulärer Umstrukturierungen als semiautonome Zellorganellen etabliert werden (Nonoyama et al. 2019; Flori et al. 2016). Durch die Reorganisation der Zellen und Reduktion des Endosymbionten folgte eine aus vier Hüllmembranen aufgebaute komplexe Plastide der Stramenopiles², Crypto-, Haptophyta, sowie Apicomplexa (Flori et al. 2016). Im Falle der Dinoflagellata wurde der Endosymbiont als Zellorganell mit drei Hüllmembranen etabliert. Abbildung 4 zeigt schematisch den Aufbau der komplexen Plastide von *Phaeodactylum tricornutum* (Heterokontophyta).

² Chrysophyceae, Oomycetes, Bacillariophyta, Phaeophyceae

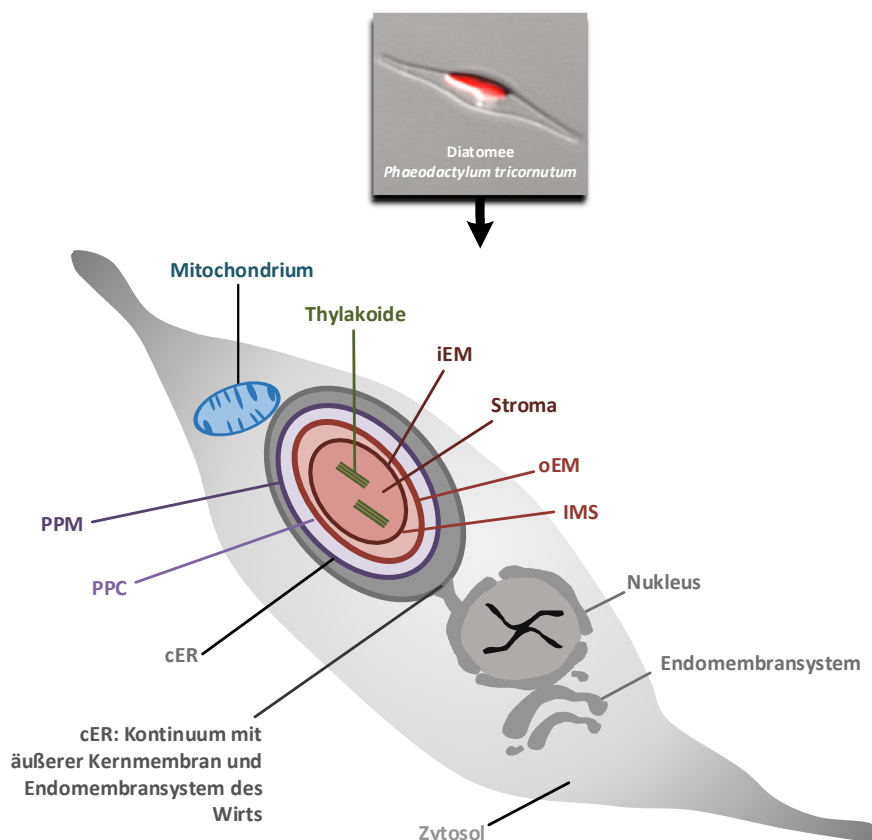


Abbildung 4: Aufbau der komplexen Plastide von *P. tricoratum*. Der zelluläre Aufbau einer fusiformen Zelle der Diatomee *P. tricoratum* (Lichtmikroskopische Aufnahme) wird schematisch dargestellt. Die erste Plastidenmembran **cERM** (*chloroplast endoplasmic reticulum membrane*), äußere Kernmembran und **hER** (*host ER*) stehen im Kontinuum. Das **PPC** (*periplastidial compartment*) und das **cER** (*chloroplast ER*) werden durch die zweite Plastidenmembran, **PPM** (*periplastidial membrane*), getrennt. Das PPC umgibt die dritte Plastidenmembran **oEM** (*outer envelope membrane*). Die oEM umschließt den **IMS** (*intermembrane space*). Im Stroma, umgeben von der vierten Plastidenmembran **iEM** (*inner envelope membrane*) befinden sich die Thylakoide [modifiziert nach (Flori et al. 2016). Mikroskopie-Aufnahme selbst erstellt].

Die äußerste Membran der komplexen Plastide wird teilweise als **cERM** (*chloroplast endoplasmic reticulum membrane*) bezeichnet und stellt eine ER-Membran in Kontinuum mit dem cER der komplexen Plastide dar. Sie entstammt vermutlich der Fusion einer phagotrophen Nahrungsvakuole der Wirtszelle mit dem Endomembransystem, sodass letztlich die Vakuole zur äußersten Plastidenmembran reduziert worden sein könnte (vgl. (Cavalier-Smith 2018)). Gould et al. postulieren in ihrem Modell, dass die äußerste Plastidenmembran auch durch einen autophagosomalen Prozess entstanden sein könnte (vgl. Übersichtsartikel von (Gould et al. 2015)). Gemäß dieser Hypothese wurde das endosymbiontische Zytosol durch das Wirts-ER umschlossen, die Plasmamembran sukzessive eliminiert und das Wirts-ER vermutlich zur (c)ER-Membran etabliert (Gould et al. 2015). Während bei den Apicomplexa und Dinoflagellata die komplexe Plastide wahrscheinlich frei im Zytosol vorliegt, befinden sich (c)ER-Membran, hER und die äußere Nukleusmembran des Wirts (*host outer nuclear envelope*, **oNE**) bei Hapto-, Crypto- und Heterokontophyta zueinander im Kontinuum (Flori et al. 2016). Daraus resultiert, dass die komplexen Plastiden von Heterokontophyta, Crypto- und Haptophyta topologisch gesehen sich im Wirts-spezifischen Endomembransystem (**hER**, *host endoplasmic reticulum*) befinden (Flori et al. 2017; Flori et al. 2016). Die zweitäußerste

Plastidenmembran, **PPM** (*periplastidial membrane*), könnte nach Flori et al. ein Relikt der Plasmamembran des rhodophytischen Endosymbionten darstellen und trennt das cER vom periplastidären Kompartiment (*periplastidial compartment*, **PPC**). Ebenfalls denkbar ist, dass es sich um ein Relikt der ER-Membran des Wirts handelt (Gould et al. 2015). Durch einen autophagosomalen Prozess wurde der Symbiont bzw. das symbiontische Zytoplasma durch das Wirts-ER umschlossen. Durch die sukzessive Eliminierung der symbiontischen Plasmamembran oder durch Fusion der hER-Membran mit der symbiontischen Plasmamembran etablierte sich die PPM (Gould et al. 2015). Als **PPC** wird das reduzierte endosymbiontische Zytoplasma bezeichnet, das die PPM von der dritten Plastidenmembran trennt (Flori et al. 2016). Im Falle der Cryptophyta³ ist im PPC der Nukleomorph (reduziertes Endosymbiontengenom) lokalisiert (Tanifuji et al. 2014). Die dritte Plastidenmembran, **oEM** (*outermost envelope membrane*), umgibt den **IMS** (*intermembrane space*), gefolgt von der vierten Plastidenmembran **iEM** (*innermost envelope membrane*). OEM und iEM entstammen der Hypothese zufolge dem Rhodoplasten aus der primären Endosymbiose (Flori et al. 2017; Flori et al. 2016). Der Intermembranraum zwischen iEM und oEM wird analog zu primären Plastiden als **IMS** (*intermembrane space*) bezeichnet (Flori et al. 2017). Die vierte Plastidenmembran umhüllt das **Stroma**, in diesem sich lose Stapel aus drei **Thylakoiden** befinden (Flori et al. 2017; Bina et al. 2016).

1.3 ER-assoziierte Degradation rezykliert als Transportmechanismus

Während der Evolution komplexer Plastiden wurden massiv symbiontische Gene in den Wirts-Nukleus transferiert. Im Falle der Cryptophyta (rote Linie) und Chlorarachniophyta (grüne Linie) fand dieser EGT nur teilweise statt, was durch den vorhandenen Nukleomorph bestätigt wird (Tanifuji et al. 2014). Diese können dadurch als evolutionäres Intermediat angesehen werden, da noch kein vollständiger Transfer der Symbiontengene in den Wirtsnukleus erfolgte (Curtis et al. 2012). In den Alveolata und Stramenopiles hingegen wurden essenzielle Endosymbionten-spezifische Gene ins Wirtsgenom nahezu vollständig integriert, welches als Konsequenz den Autonomieverlust des Endosymbionten hatte (Tanifuji et al. 2014; Curtis et al. 2012). Da die meisten Proteine im Zytoplasma der Wirtszelle synthetisiert werden, mussten daher für den Import plastidärer Proteine neue Translokatoren, Zielsteuerungs- und Sortierungsmechanismen etabliert werden (Nonoyama et al. 2019; Flori et al. 2017). Für komplexe „rote“ Plastiden wurde gezeigt, dass Nukleus-kodierte plastidäre Präproteine der Stramenopiles mittels eines von der ER assoziierten Degradation (ERAD) abgeleiteten Transportmechanismus (*symbiont-specific ERAD-like machinery*, **SELMA**) importiert werden (siehe Abbildung 5 im folgenden Abschnitt) (Stork et al. 2012; Hempel et al. 2009; Sommer et al. 2007). Nachfolgend wird der Proteintransport in komplexen Plastiden von Diatomeen erläutert. Für eine Übersicht der ER assoziierten Degradation sei auf Übersichtsartikel von (Sicari et al.

³ Auch Chlorarachniophyten der grünen Linie besitzen einen Nukleomorph

2019; Sun und Brodsky 2019; Wu und Rapoport 2018; Stanley et al. 2011) und Anhang 5.1 (Überblick grundlegender Mechanismen der ER-assoziierten Degradation verwiesen).

1.3.1 Proteintransport in komplexen Plastiden von Diatomeen

Durch die Etablierung der komplexen Plastide als semiautonomes Zellorganell mussten für die in dem Nukleus-kodierten plastidären Proteine neue Zielsteuerungs- und Translokationsmechanismen etabliert werden (vgl. (Nonoyama et al. 2019; Ponce-Toledo et al. 2019)). Der Proteinimport in komplexe Plastiden der roten Linie erfolgt anhand einer am N-Terminus des Präproteins vorhandenen, zweigeteilten Zielsteuerungssequenz (*bipartite targeting signal, BTS*)⁴ (Moog 2018; Flori et al. 2016; Lang et al. 1998). Die BTS setzt sich aus einem Signalpeptid (*signal peptide, SP*) und einer Transitpeptid-ähnlichen Sequenz (*transit peptide-like, TPL*) zusammen (Stork et al. 2012; Moog et al. 2011; Gruber et al. 2007; Gould et al. 2006a; Gould et al. 2006b). Das Signalpeptid der BTS fungiert vermutlich äquivalent zu Signalpeptiden sekretorischer Proteine, welche ko-translational durch Sec61 vom Zytosol ins ER-Lumen transloziert werden (Devaraneni et al. 2011). Plastidäre Präproteine werden nach Stork et al. und Moog et al. vermutlich ebenfalls ko-translational durch das membranständige Kanalprotein Sec61 aus dem Zytoplasma ins (c)ER transloziert (Stork et al. 2012; Moog et al. 2011). Die komplexe Plastide (Apicoplast) der Apicomplexa befindet sich vermutlich frei im Zytosol und ist gemäß dieser Hypothese kein Teil des Endomembransystems des Wirts (Sheiner et al. 2015; van Dooren et al. 2002; van Dooren et al. 2008). In Apicomplexa werden im Nukleus-kodierte plastidäre Präproteine vermutlich anhand eines teilweise nachgewiesenen, Vesikel-vermittelten Transport *via* sekretorischem Weg zum Apicoplasten transportiert (Bouchut et al. 2014; Heiny et al. 2014). Für lösliche Proteine wurde durch Chaudhari et al. gezeigt, dass diese auch durch einen bisher ungeklärten Vesikel-unabhängigen Transport zur Plastide dirigiert werden können (Chaudhari et al. 2017).

I) Translokation in die komplexe Plastide durch die (c)ER-Membran:

Dem aktuellen Transportmodell zufolge wird nach der Translokation mutmaßlich *via* Sec61 ins cER das Signalpeptid des Präproteins durch eine bisher unbekannte Signalpeptidase abgespalten (Maier et al. 2015; Stork et al. 2012). Im Falle von plastidären Präproteinen entscheidet die dadurch frei werdende Transitpeptid-ähnliche Sequenz (TPL) über den weiteren Transport zum Zielkompartiment in der komplexen Plastide (Stork et al. 2012). Die TPL-Sequenzen von Proteinen des Apicoplasten-Lumen weisen häufig eine positive Nettoladung auf. Gegensätzlich hierzu scheint der Proteinimport an der zweiten Plastidenmembran (PPM) weniger durch eine positive Gesamt-Nettoladung der TPL bestimmt zu werden, sondern es scheinen einzelne positive Aminosäure-Reste den Transport an der PPM zu beeinflussen (Felsner et al.

⁴ Plastidäre Präproteine von Apicomplexa besitzen auch eine BTS. Für einige Membranproteine wurde allerdings gezeigt, dass auch interne Zielsteuerungssequenzen bei Membranproteinen ohne BTS als *targeting sequence* von Apicoplasten fungieren (Bouchut et al. 2014; van Dooren et al. 2002.)

2010). Nach Felsner et al. beeinflusst eine negative Gesamt-Nettoladung der TPL jedoch den Proteinimport an den genuinen Membranen (oEM/iEM) der komplexen Plastide (Felsner et al. 2010). Als weiterer Diskriminierungsfaktor des plastidären Proteintransports wurde in Diatomeen und Cryptophyten die erste Aminosäure (+1 Position) der TPL-Sequenz identifiziert (Hempel et al. 2009; Gruber et al. 2007; Gould et al. 2006a; Apt et al. 2002). Diverse Studien zeigen, dass anhand von aromatischen Aminosäuren (Phenylalanin, Tyrosin, Tryptophan)⁵ oder der sperrigen Aminosäure (Iso-) Leucin ein Weitertransport des Präproteins zur früheren primären Plastide erfolgt (Stork et al. 2012; Hempel et al. 2009; Hirakawa et al. 2009; Apt et al. 2002;). Jede andere Aminosäure an +1 Position der TPL führt zu einem Verbleib des Proteins im PPC (Hempel et al. 2009; Hirakawa et al. 2009; Gruber et al. 2007). Das durch Patron et al. identifizierte und durch Gruber et al. in Diatomeen untersuchte ASA-FAP-Motiv scheint weiterhin spezifisch für stromale Proteine als Erkennungsmotiv zu dienen und ist insbesondere bei Heterokontophyten und Cryptophyten hoch konserviert (Huesgen et al. 2013; Patron und Waller 2007; Gruber et al. 2007). Unbekannt ist ein hypothetischer Importrezeptor, welcher im (c)ER zu translozierende Präproteine anhand ihrer TPL-Sequenz erkennt. Dieser könnte als lösliches Rezeptorprotein im cER oder assoziiert an bzw. integriert in der periplastidären Membran agieren.

II) Translokation an der periplastidären Membran (PPM) der komplexen Plastide:

Für die Translokation durch die PPM ins PPC finden sich zwei grundlegende, postulierte Modelle: i) Das ERAD-abgeleitete SELMA-System (*symbiont-specific ERAD-like machinery*) (dargestellt in Abbildung 5) (Hempel et al. 2009; Sommer et al. 2007) und ii) eine Vesikel-medierte Translokation (Cavalier-Smith 2018; Gibbs 1979). Im periplastidären Kompartiment von *P. tricornutum* wurden Vesikel-ähnliche Strukturen von Gibbs und Flori et al. beschrieben (Flori et al. 2016; Gibbs 1979), jedoch bisher keine spezifischen Komponenten eines Vesikeltransports zwischen PPM und oEM identifiziert (z. B. SNAREs, COPI/COPII) (Flori et al. 2016; Moog et al. 2011; Gibbs 1979). Daher wird im Folgenden nur auf das Translokationsmodell mittels SELMA näher eingegangen. Dieses geht auf von Sommer et al. durchgeführte *in silico*-Analysen des sequenzierten Nukleomorph-Genoms der Cryptophyte *Guillardia theta* zurück (Sommer et al. 2007). In fast allen Organismen mit komplexer „roter“ Plastide konnten konservierte Homologe zu ERAD-L Komponenten identifiziert werden (Felsner et al. 2011; Agrawal et al. 2009; Sommer et al. 2007). Die ersten *in vivo* Studien wiesen homologe ERAD-L Komponenten in der PPM und im PPC nach (Hempel et al. 2009; Sommer et al. 2007). Dem SELMA-Modell zugrunde legend formieren die Symbiont-spezifischen Pseudo-Rhomboidproteasen sDer1-1/-2⁶ vermutlich eine Translokationspore und sDer1-1 diskriminiert anhand der +1 Position der TPL zwischen PPC-residenten und stromalen Proteinen (Stork et al. 2012; Hempel et al. 2009). Zusammen mit einer PPM-ständigen, Symbiont-spezifischen Ubiquitinligase PtE3p

⁵ Phe = Phenylalanin, Tyr = Tyrosin, Trp = Tryptophan

⁶ s = symbiontisch, es gibt zwei Versionen der Derlin-Proteine in der PPM

(sHrd1) werden die Substrate möglicherweise durch die PPM ins PPC transloziert (Hempel et al. 2009). Durch Lau et al. konnte eine symbiontische Rhomboidprotease (sRhom3) als weiterer Bestandteil dieses PPM-Komplexes (SELMA-Komplex) identifiziert werden (Lau et al. 2016). Die Rolle dieses Enzyms bleibt wie der genaue Translokationsmechanismus allerdings ungeklärt.

III) Extraktion aus der PPM ins periplastidäre Kompartiment (PPC):

Aus dem SELMA-Komplex der periplastidären Membran werden die Präproteine mutmaßlich durch einen Symbiont-spezifischen Cdc48-Komplex⁷ aus der periplastidären Membran extrahiert (Stork et al. 2012; Moog et al. 2011; Hempel et al. 2009). Analog zur Extraktion von ERAD-Substraten ist eine potenzielle Interaktion zwischen den symbiontischen Versionen der ERAD-L-Proteine sUbx2, sUbx und des sCdc48-Komplexes denkbar (Lau et al. 2016). Der Hypothese zufolge rekrutiert sUbx sCdc48-1/-2 an die PPM und bindet entweder an sCdc48-1 oder sCdc48-2 (Stork et al. 2012; Lau et al. 2016). Die an sCdc48-1/-2 vermutlich gebundenen Kofaktoren sUfd1 und sNpl4 könnten anhand ihrer UBX-Domänen an den hypothetisch ubiquitinierten plastidären Präproteinen binden (Lau et al. 2016; Stork et al. 2012). Durch kontinuierliche Hydrolyse von ATP durch die hexamere ATPase wird chemische Energie in mechanische Energie konvertiert und dadurch das Enzym mutmaßlich in Rotation versetzt (Worden et al. 2017). Durch diese Rotationsbewegung könnte so das Substrat aus der PPM ins PPC gezogen werden (Stork et al. 2012). Ein von Sheiner et al. durchgeführter Knock-Out von *scdc48* in *Toxoplasma gondii* führte zu einem arretierten Proteinimport ins PPC (Fellows et al. 2017; Sheiner et al. 2011). Dieses könnte auf eine mutmaßliche essenzielle Rolle von sCdc48 als Motorprotein während des Translokationsprozesses an der PPM hinweisen (Fellows et al. 2017).

IV) Ubiquitinierung als essenzieller Transportparameter?

Eine Ubiquitinierung der Präproteine scheint möglich, da im PPC der komplexen Plastide *P. tricornutum*s eine Symbiont-spezifische Version einer Ubiquitinierungs-Enzymkaskade aus sUba, sUbc und PtE3p sowie eine symbiontische Version von Ubiquitin (sUbi) identifiziert wurde (Fellows et al. 2017; Lau et al. 2016; Lau et al. 2015b; Stork et al. 2012). Eine Polyubiquitinierung des Substrats analog zu ERAD ist jedoch fraglich, da sUbi der Heterokontophyten keine Lysinreste an den Positionen 48 und 63 (Lys48, Lys63) besitzt (Stork et al. 2012). Diese Lysinreste werden häufig für eine erfolgreiche Polyubiquitinierung des ERAD-Substrats und als Ubiquitinierungsstellen der Ubiquitin-abhängigen Degradation beschrieben (Braxton et al. 2019; Catic et al. 2004). Der Verlust von Lys48 entstammt vermutlich aus der Adaption des Ubiquitins an neue physiologische Aufgaben (Stork et al. 2012). Das fehlende Lysin an Position 63 resultiert mutmaßlich in einer Reduktion möglicher Ubiquitinierungsstellen plastidärer Präproteine, was eine Mono-Ubiquitinierung dieser Substrate im Falle einer (insofern) vorhandenen Ubiquitinierung als

⁷ zwei Symbiont-spezifische Versionen von Cdc48 (sCdc48-1, sCdc48-2) und die zwei Symbiont-spezifischen Versionen der Kofaktoren Ufd1 (sUfd1) und Npl4 (sNpl4)

wahrscheinlicher erscheinen lässt (Stork et al. 2012). Der Einfluss der Ubiquitinierung plastidärer Präproteine auf den Proteinimport ins PPC wurde durch Lau et al. im Modellorganismus *P. tricornutum* demonstriert (Lau et al. 2015b). Das Fehlen möglicher Ubiquitinierungsstellen in der BTS eines PPC-residenten *heat shock proteins* (BTSsHsp70, JGI-ID 55890) resultierte in einer Arretierung des Proteinimport ins PPC (Lau et al. 2015b). Ein im periplastidären Kompartiment identifiziertes aktives Deubiquitinierungsenzym (PtDUP) könnte analog zu ERAD nach der Extraktion mutmaßlich ubiquitiniertes plastidärer Präproteine diese Substrate deubiquitieren (vgl. Übersichtsartikel von Stork et al. 2013b; Hempel et al. 2010; Sommer et al. 2007). Diese Ergebnisse untermauern die Hypothese, dass es sich bei der Translokation *via* SELMA um einen möglicherweise Ubiquitin-abhängigen Prozess handeln könnte (Lau et al. 2015b; Stork et al. 2012; Hempel et al. 2009).

V) Prozessierung der Substrate im PPC:

Das Ubiquitin-ähnliche Protein sUbq (keine UBA-Domäne) könnte das Gegenstück zu Dsk2p aus dem ERAD-L-System darstellen (Stork et al. 2012). Funakoshi et al. haben die essenzielle Rolle von Dsk2p als Erkennungsfaktor der polyubiquitinierten ERAD-L-Substrate demonstriert (Funakoshi et al. 2002). Das Protein Dsk2p besitzt eine N-terminale Ubiquitin-ähnliche Domäne (Ubl) sowie eine C-terminale Ubiquitin-assoziierte Domäne (UBA), was dem Protein die Erkennung der polyubiquitinierten Substrate ermöglicht (Neal et al. 2017; Funakoshi et al. 2002). Weiterhin wurde gezeigt, dass Dsk2p mit dem Ubiquitin-abhängigen Proteasom-System (UPS) interagieren kann (Neal et al. 2017). Es erkennt möglicherweise die an Cdc48 gebundenen Substrate, interagiert mit den 19S-Kappen des 26S Proteasom und könnte dadurch als möglicher Translokator die ERAD-L Substrate dem UPS für die Degradation übergeben (Neal et al. 2017; Funakoshi et al. 2002). Im PPC der komplexen Plastide *P. tricornutum*s konnte bisher nur ein Symbiont-spezifisches 20S Proteasom identifiziert werden (Stork et al. 2012). Dessen Funktion bleibt jedoch bisher ungeklärt. Unwahrscheinlich ist eine mögliche Degradationsfunktion aufgrund eines fehlenden 26S Proteasoms (Stork et al. 2012). Hypothetisch ist es denkbar, dass sUbq durch die Ubl-Domäne mit dem hypothetisch poly- oder monoubiquitinierten Substrat interagiert und dieses von sCdc48-1/-2 für die weitere Prozessierung im periplastidären Kompartiment transloziert (Stork et al. 2012). Ob und in welcher Art eine Interaktion mit dem 20S-Proteasom stattfindet, bleibt ungeklärt. Nach der Dissoziation der Präproteine vom sCdc48-Komplex folgen im Falle PPC-lokalisierter Proteine vermutlich erforderliche posttranslationale Modifikationen (z. B durch die Symbiont-spezifische N-Glykanase sPng1), sodass Proteine ihre native Konformation einnehmen können (Stork et al. 2012).

VI) Transport in die frühere primäre Plastide – oEM/iEM/Stroma:

Im Falle eines in den ehemaligen Rhodoplasten zu transportierenden Präproteins wird dieses in unbekannter Weise im PPC zur oEM (dritte Plastidenmembran) rekrutiert. Als gesichert gilt, dass Derivate von TOC (*translocon of the outer chloroplast*) und TIC (*translocon of the inner chloroplast*) analog zu

Chloroplasten aus der primären Endosymbiose die Präproteine translozieren (Nowack und Weber 2018; Lau et al. 2016; Stork et al. 2012; Bullmann et al. 2010). Es konnten bisher Toc34-Homologe in allen Organismen der grünen und roten Linien identifiziert werden (McFadden und van Dooren 2004). Ein mutmaßliches Toc75-Homolog (Omp85) wurde in *P. tricornutum* (PtOmp85) durch Bullmann et al. identifiziert, welches eine Pore formieren kann und biophysikalische Ähnlichkeiten zu Toc75 von Pflanzen aufweist (Bullmann et al. 2010). Der N- und C-Terminus von PtOmp85 befindet sich vermutlich im PPC, was einer gegensätzlichen Topologie zum ursprünglichen Toc75 aus Cyanobakterien entspricht (Sommer et al. 2011; Bullmann et al. 2010). Durch diese Topologie-Änderung könnte die POTRA-Domäne des Proteins PtOmp85 Substrate im PPC erkennen und für die weitere Translokation an der oEM (dritte Plastidenmembran) an den Präproteinen binden (Paila et al. 2016; Sommer et al. 2007). In *T. gondii* resultierte ein Knock-Out von *toc75* zu einem arretierten Import von luminalen Proteinen im Apicoplasten (Sheiner et al. 2015). Weiterhin wurde für die Homologe von TgTic20 und TgTic22 aus *T. gondii* gezeigt, dass diese essenziell für den Proteinimport in der vierten Plastidenmembran sind (Glaser et al. 2012; van Dooren et al. 2008). Die TPL-Sequenzen der Präproteine werden im Stroma vermutlich durch eine Signalpeptidase gespalten, sodass die Proteine mithilfe von Chaperonen wie Hsp93 oder Hsp70 analog zu primären Plastiden ihre native Konformationen einnehmen können (Richardson und Schnell 2020; Shi und Theg 2013). Durch Bullmann et al. wurde eine Signalpeptidase (JGI-ID17972) möglicherweise im Stroma der komplexen Plastide von *P. tricornutum* lokalisiert, welche die TPL-Sequenzen der Präproteine abspalten könnte (Bullmann et al. 2010). Für eine Übersicht der Translokation an der dritten und vierten Plastidenmembran in primären Plastiden sei hier auf Artikel von (Richardson und Schnell 2020) und (Shi und Theg 2013) verwiesen. Abbildung 5 zeigt schematisch den Transport plastidärer Präproteine in der komplexen Plastide der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum*.

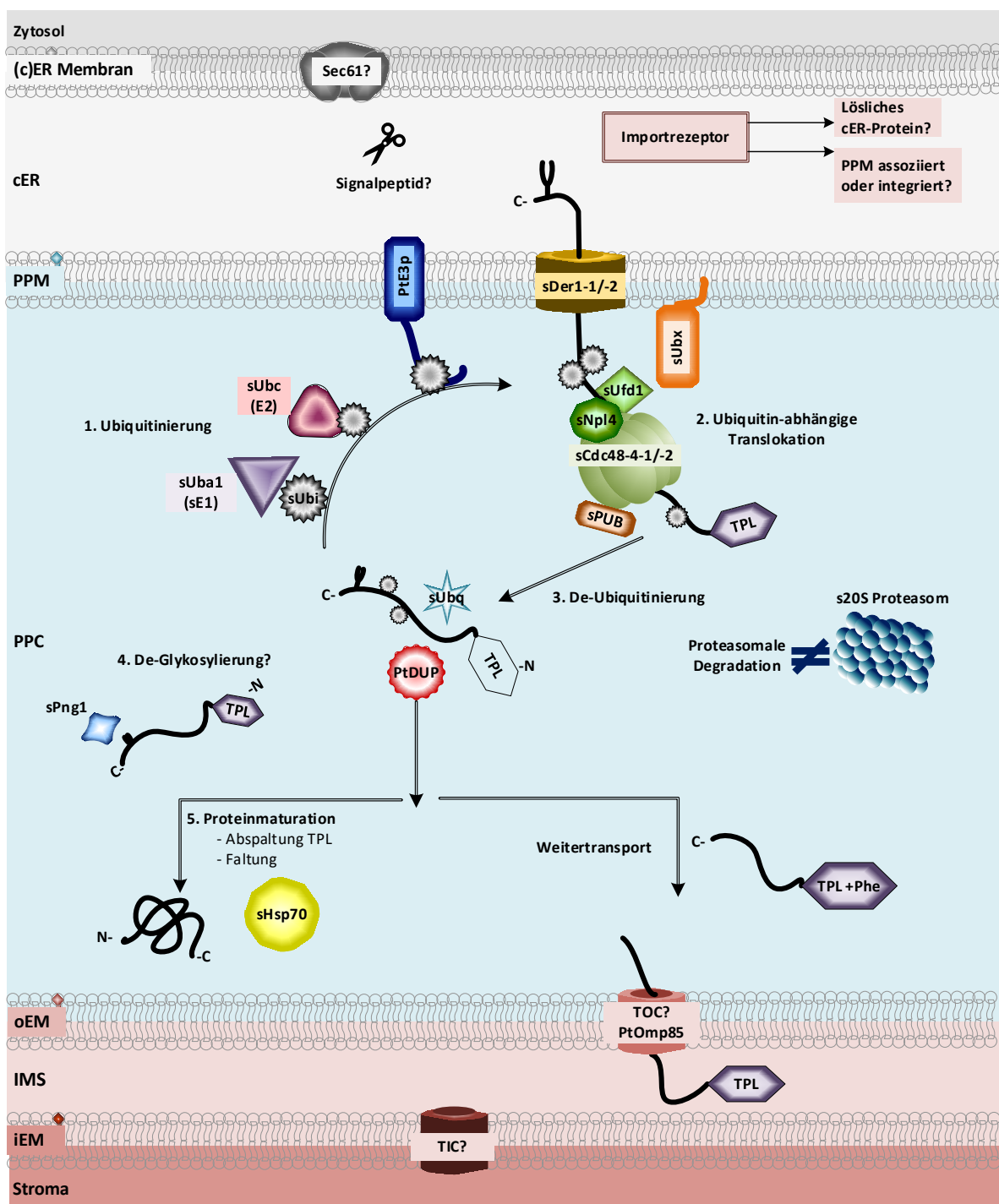


Abbildung 5: Proteinimport in komplexen Plastiden rhodophytischen Ursprungs – Schema. Gemäß der Hypothese erfolgt die ko-translationale Translokation des plastidären Präproteins durch den Sec61-Kanal ins cER und die Abspaltung des Signalpeptids im cER. Ein hypothetischer Importrezeptor erkennt plastidäre Substrate mutmaßlich anhand ihrer TPL und diese werden durch den mutmaßlichen Translokationskanal aus sDer1-1/-2 ins PPC transloziert. Gemäß dem aktuellen Modell werden die translozierten Präproteine durch die assoziierte Ubiquitinligase PTE3p und die Ubiquitinierungsenzyme (sUba1 und sUbc) monoubiquitiniert (1). Das monoubiquitinierte Substrat wird hypothetisch durch die zwei Versionen der AAA⁺ ATPase sCdc48-1/-2, deren möglicher Regulator sPUB und den Kofaktoren sUfd1 und sNpl4 erkannt und aus der PPM extrahiert (2). Hierfür rekrutiert möglicherweise das PPM-lokalisierte Protein sUbx die an sUfd1 und sNpl4 assoziierte hexamere AAA⁺ ATPase aus sCdc48-1/-2 an die PPM. Mögliche Rotationsbewegungen von sCdc48-1/-2 ziehen das Substrat aus der PPM ins PPC und es folgt vermutlich eine Substrat-Deubiquitinierung durch sDUP (3). Daraufhin dissoziiert das Substrat und die TPL von PPC-lokalierten Präproteinen wird abgespalten (4). Durch weitere mögliche posttranslationale Modifikationen kann das Protein seine native Konformation einnehmen (5). Präproteine des früheren Rhodoplasten werden anhand ihrer TPL wahrscheinlich durch den TOC/TIC-Translokationsmechanismus ins entsprechende Kompartiment dirigiert. [Abbildung nach (Stork et al. 2012; Stork et al. 2013b)].

1.4 TPR und WD40 Proteindomänen als Proteininteraktionsmodule

Verschiedene Studien haben gezeigt, dass der Proteinimport an der zweiten Plastidenmembran vermutlich durch ein ERAD-abgeleitetes Transportsystem, der *Symbiont-specific ERAD-like machinery* vollzogen wird (vgl. Übersichtsartikel von (Maier et al. 2015; Stork et al. 2013b)). Viele dieser ERAD-Homologe konnten in den letzten Jahren identifiziert, lokalisiert und teilweise näher charakterisiert werden. Einige von den SELMA-Komponenten weisen nach wie vor unbekannte Funktionen auf. Weiterhin bleibt ein postulierter Importrezeptor als zentrale SELMA-Komponente, der plastidäre Präproteine im cER erkennt und für den weiteren Transport rekrutiert, unbekannt. Dieses postulierte Rezeptorprotein kann entweder als lösliches Rezeptorprotein im cER oder als mit der PPM assoziiertes oder integriertes Protein Substrate für die weitere Translokation bzw. den weiteren Transport an der zweiten Plastidenmembran erkennen. Als mögliche Erkennungssequenz können die TPL und/oder intrinsische, noch unbekannte Zielsteuerungssequenzen dienen. Einige bekannte Rezeptorproteine verfügen über charakteristische konservierte Sequenz-Wiederholungseinheiten wie TPR (TOM70, Pex5) oder WD40-Domänen (Pex7). **TPR** (*tetratricopeptide repeat*) und **WD40** sind Wiederholungen bestimmter Sequenzen innerhalb einer Aminosäuresequenz (vgl. Zusammenfassung von (Sharma und Pandey 2015)). Diese häufig auch als Proteinmotive gleichgesetzten Sequenzwiederholungen finden sich ubiquitär in allen Spezies (Melters et al. 2013). Sie unterscheiden sich in der Länge der repetitiven Sequenz, Anzahl der Wiederholungen sowie ihrer genetischen Konservierung (vgl. (Sharma und Pandey 2015; Melters et al. 2013)). Entstanden sind viele dieser Proteindomänen vermutlich durch intragenetische Tandem-Duplikation und/oder genetische Rekombination (Andrade et al. 2001a; Andrade et al. 2001b). Wiederholungen einer Proteinsequenz verleihen häufig zusammen mit zusätzlichen funktionellen Domänen eine erhöhte Affinität gegenüber Liganden/Molekülen und/oder unterstützen die Assemblierung von Proteinkomplexen (Rajathej et al. 2019; Katti et al. 2000). In Pflanzen sind unter anderem die Proteinmotive Armadillo, HEAT (Huntingtin, elongation factor 3, protein phosphatase 2A, TOR1), Ankyrin, TPR sowie PPR gut charakterisiert (vgl. (Sharma und Pandey 2015)).

1.4.1 *Tetratricopeptide repeats* – TPRs

Tetratricopeptide repeats (TPRs) sind aus drei bis 16 Tandems (*multi repeat arrays*) aufgebaut, wobei ein Tandem aus je 34 Aminosäuren besteht (Andrade et al. 2001a). TPRs wurden 1990 durch Hirano et al. und Sikorski et al. erstmals identifiziert (Hirano et al. 1990; Sikorski et al. 1990). Sie stellen eines der am höchsten konservierte Proteindomäne dar (Perez-Riba und Itzhaki 2019; D'Andrea und Regan 2003). TPRs finden sich ubiquitär in Pro- und Eukaryoten⁸, was für einen ancestralen Ursprung während der Evolution von TPRs spricht (vgl. Übersichtsartikel von van Bibber et al. 2020; Sharma und Pandey 2015). Aufgrund dieser hohen Konservierung konnten in den letzten Jahren gute Vorhersage-Algorithmen entwickelt

⁸ ohne signifikanten Unterschied der Konsensus-Sequenz

werden (z. B. TPRPred, MPI Tübingen) (Karpenahalli et al. 2007). TPRs zeichnen sich durch eine charakteristische Struktur einer rechtsgängigen Superhelix, aufgebaut aus zwei amphiphilen antiparallel angeordneten α -Helices, aus (D'Andrea und Regan 2003; Andrade et al. 2001b; Das et al. 1998). TPRs besitzen eine Konsensus-Sequenz von W₄-L₇-Y₁₁-F₂₄-A₂₇-P₃₂ (D'Andrea und Regan 2003; Das et al. 1998). An Position 32 befindet sich Prolin, durch dessen fehlende freie Aminogruppe ein Strukturbruch der Superhelix resultiert (Das et al. 1998). Eine aus der Konformation resultierende „Grube“ (aufgebaut aus zwei amphiphilen α -Helices) besitzt die für die Liganden- oder Molekülbindung notwendige komplementäre Sequenz und findet sich an der konkaven Seite der Superhelix (D'Andrea und Regan 2003; Das et al. 1998). Die Hauptaufgabe vieler TPRs ist die Mediation von Protein-Proteininteraktionen (z. B. während der Fotosynthese in Chloroplasten oder der hormonellen Stressregulation) oder die Unterstützung der Proteinkomplexbildung (siehe Übersicht von (Sharma und Pandey 2015)). Prominente Beispiele für TPR-Rezeptorproteine sind TOM70 (Teil des Translokator Komplex der äußeren Mitochondrienmembran), Pex5 (Importrezeptor für die peroxisomale Zielsteuerung PTS1) oder HOP (Chaperon-Assemblierungsfaktor) (vgl. Übersicht von (Bohne et al. 2016)).

1.4.2 WD40 Proteindomäne

Die WD40-Proteindomäne ist vor allem in eukaryotischen Genomen vertreten und stellt eine große Gruppierung von *tandem repeats* dar (vgl. Zusammenfassungen von (Zhang und Zhang 2015; Xu und Min 2011)). Das WD40-Tandem setzt sich aus 44-60 variablen Aminosäuren zusammen, welche häufig mit den Aminosäuren W (Tryptophan) und D (Aspartat) enden (Zhang et al. 2017; van der Voorn und Ploegh 1992). Häufig findet sich auch das atypische Motiv [WDXR], welches vor allem mit Proteinen des DNA-Reparaturmechanismus assoziiert wird (X=variable AS, z. B. DDB2-Protein, WDR5; vgl. (Zhang et al. 2017)). Das WD40 Proteinmotiv formiert aus vier bis sieben antiparallel angeordnete β -Faltblätter einen radial orientierten β -Propeller (vgl. Zusammenfassungen von (Zhang und Zhang 2015; Xu und Min 2011)). Interne WD-repeats formieren eine charakteristische geschlossene Struktur, welche am N- oder C-Terminus des Proteins die Interaktionsplattform zwischen Protein und Ligand repräsentiert (Wang et al. 1994). Vor allem N-terminale WD-Strukturen sind häufig in Proteinsequenzen zu finden und stellen die bevorzugte Bindestelle von Liganden („*supersite*“) dar (Sharma und Pandey 2015). WD40-Proteine werden mit zellulären Mechanismen wie Apoptose, Signaltransduktion, Proteintransport oder vesikulären Transport in Verbindung gebracht (Xu und Min 2011). Über die genauen Mechanismen, also wie die mögliche Interaktionen vermittelt werden, ist allerdings nur wenig bekannt (vgl. (Sharma und Pandey 2015; van der Voorn und Ploegh 1992)). Als prominente Beispiele WD40-Motiv tragender Proteine seien an dieser Stelle Clathrin (Vesikel-Hüllprotein), Sec13 (u. a. Transportprotein des *nuclear pore complex*) oder Pex7 (peroxisomale PTS2-Rezeptor) erwähnt (Xu und Min 2011).

1.5 Die Diatomee *Phaeodactylum tricornutum*

Allen Diatomeen gemein ist die aus Siliziumdioxid und einer organischen Matrix aus Polysacchariden und Proteinen aufgebaute Zellwand (Frustel) (Lechner und Becker 2015; Otzen 2012). Ihre Diversität spiegelt sich in den diversen Formen ihrer Frusteln und ubiquitären Habitaten wider. Diese umfassen vor allem marine Gewässer sowie Binnengewässer (Kooistra et al. 2007; Morel und Price 2003). Es wird geschätzt, dass es circa 100.000 verschiedene Spezies gibt, welche einzellig oder als Zellverbund existieren (Daboussi et al. 2014; Falkowski und Knoll 2007). Diatomeen nehmen essenzielle Rollen im marinen Ökosystem ein. Einerseits entfallen rund 45 % der Primärproduktion in den Ozeanen auf sie (siehe Zusammenfassung von (Armbrust 2009)). Andererseits stellen sie als Hauptbestandteil des Phytoplanktons ein wichtiges Element in der Nahrungskette dar. Des Weiteren decken sie rund 20 % des weltweiten Sauerstoffbedarfs (Nelson et al. 1995). Sie sind insbesondere für Anwendungen als Adsorbens, Nano-Materialien oder als Expressionssystem für rekombinante Proteine interessant (Delasoie und Zobi 2019; Jamali et al. 2012; Hempel et al. 2011). *Phaeodactylum tricornutum* etablierte sich als Modellorganismus durch die leichte Kultivierbarkeit, die kurze Generationszeit, das kleine Genom von rund 27 Mb sowie das Vorhandensein von EST-Daten und RNA-Sequenzierungen (Ovide et al. 2018; Bowler et al. 2008; Montsant et al. 2005; Scala et al. 2002). Der marine Protist wurde erstmals 1897 durch Knut Bohling beschrieben und 1958 durch Lewin et al. näher charakterisiert (Lewin 1958a; Lewin et al. 1958b). Durch die Etablierung molekularbiologischer Methoden wie der biolistischen Transformation sowie das von Nymark et al. für *Phaeodactylum tricornutum* angepasste CRISPR/Cas-System, wurden detaillierte Studien zu physiologischen und biochemischen Prozessen in *P. tricornutum* ermöglicht (Nymark et al. 2016; Bowler et al. 2008; Zaslavskaja et al. 2000; Apt et al. 1996). *Phaeodactylum tricornutum* besitzt drei Morphotypen: fusiform, ovoid und triradiat (siehe Abbildung 6). Im Gegensatz zu anderen Diatomeen besitzt nur der ovoide Morphotyp von *P. tricornutum* eine schwach silifizierte Frustel (He et al. 2014; Francius et al. 2008). Der Wechsel zwischen den einzelnen Morphotypen ist bisher noch ungeklärt (Francius et al. 2008).

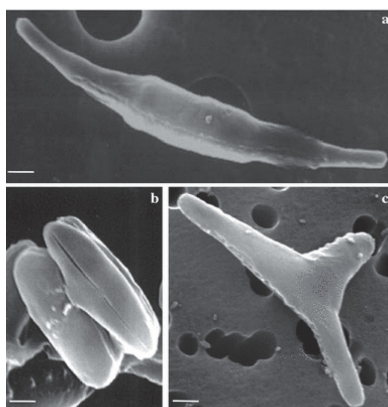


Abbildung 6: Morphotypen von *P. tricornutum*. a Fusiform b Ovoid c Triradiat. TEM-Aufnahme aus (Martino et al. 2007).

1.6 Zielsetzung

Zahlreiche Organismen beherbergen komplexe Plastiden rhodophytischen Ursprungs, darunter auch Humanpathogene wie *Toxoplasma gondii* (Toxoplasmose) oder *Plasmodium falciparum* (Malaria). Auch Diatomeen sind Organismen mit einer komplexen Plastide rhodophytischen Ursprungs, hervorgegangen vermutlich aus einer Endosymbiose zwischen einem ancestralen heterotrophen Eukaryoten und einer Rhodophyte. Der Transfer von essenziellen rhodophytischen Genen und der Verlust Symbiont-spezifischer redundanter Gene, führte zur Etablierung der Rotalge als stabiles Zellorganell (komplexe Plastide mit vier Hüllmembranen). Aus diesem massiven Gentransfer resultierte die Etablierung eines neuen Proteinimport-Mechanismus entlang der periplastidären Membran (PPM). Im Gegensatz zur ersten und dritten/vierten Plastidenmembran konnte nicht auf bereits etablierte Translokatoren wie Sec61 oder TOC/TIC zurückgegriffen werden.

Für die zweite Plastidenmembran (PPM) wurde ein aus der ER-assoziierten Degradation (ERAD) abgeleitetes Transportsystem, die *Symbiont-specific ERAD-like machinery* (SELMA), für fast alle Organismen mit komplexer Plastide rhodophytischen Ursprungs identifiziert. Mittels *in silico* und *in vivo* Analysen wurden in den letzten Jahren ERAD-Homologe (SELMA-Komponenten) in der komplexen Plastide von *Phaeodactylum tricornutum* und *Toxoplasma gondii* in der PPM und dem periplastidären Kompartiment lokalisiert und teilweise charakterisiert. Darunter sind Symbionten-spezifische Kernkomponenten zweier Versionen von Derlin-Proteinen (sDer1-1/-2), ein mutmaßlicher Cdc48-Komplex (sCdc48-1/-2, sUfd1, sNpl4) sowie eine Ubiquitinierungskaskade mit Symbiont-spezifischem Ubiquitin (sUbi). Der genaue Translokationsmechanismus als auch ein postulierter Importrezeptor bleiben allerdings weiter ungeklärt.

Im Rahmen dieser Arbeit sollen durch „gerichtete“ *in silico* Analysen mögliche Proteine als Kandidaten für diesen postulierten Importrezeptor identifiziert und in der pennaten Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* *in vivo* lokalisiert werden. Die *in silico* Analysen umfassen ein gezieltes *Screening* nach TPR-, und WD40-Proteinmotiven, *Screening* nach TPR-, WD40- und Apicoplast-Homologe aus *Plasmodium falciparum* 3D7 sowie *Plasmodium malariae*. Weiterhin soll eine massenspektrometrische Analyse des nativ gelelektrophoretisch aufgetrennten SELMA-Komplex erfolgen und daraus potenzielle Importrezeptorkandidaten durch ein gezieltes *in silico* *Screening* identifiziert werden.

2 Material und Methoden

Die für diese Arbeit verwendeten Materialien und durchgeführten Methoden sind nachfolgend aufgeführt.

2.1 Material und Geräte

2.1.1 Chemikalien

Alle benötigten Chemikalien sind nachfolgend aufgelistet und wurden nach Herstellerangaben gelagert.

Tabelle 1: Verwendete Chemikalien und deren Hersteller

Chemikalie	Hersteller
1,4-Dithiothreitol (DTT)	Sigma-Aldrich
3-(N-Morpholino)propansulfonsäure (MOPS)	Carl Roth
6-Aminocaprinsäure	VWR
Acetat	Carl Roth
Aceton	Carl Roth
Agar-Agar, Kobe I	Carl Roth
Agarose Standard	Carl Roth
Albumin	Carl Roth
Amidoschwarz 10 B	Carl Roth
Ammoniumchlorid (NH ₄ Cl)	Sigma-Aldrich
Ammoniumperoxodisulfat (APS)	Carl-Roth
Aqua-Phenol/Chloroform/Isoamylalkohol (PCI)	Carl Roth
Bis(2-hydroxyethyl)amino-tris(hydroxymethyl)methan (BIS-TRIS)	Carl Roth
Borsäure	Carl Roth
Bromphenolblau	Merck
Calciumchlorid (CaCl ₂)	Carl Roth
Cetyltrimethylammoniumbromid (CTAB)	Sigma-Aldrich
Chloroform	Merck
Chloroform/Isoamylalkohol (CI)	Carl Roth
Coomassie Brilliantblau G-250	BioRad
Diethylpyrocarbonat (DEPC)	AppliChem
Digitonin	Calbiochem
Dinatriumhydrogenphosphat (Na ₂ HPO ₄ x 2 H ₂ O)	Carl Roth

Ethanol, absolut ($\geq 99,8$ % für HPLC)	Carl Roth
Ethanol, vergällt (≥ 96 %)	Carl Roth
Ethylendiamintetraessigsäure-Dinatriumsalz Dihydrat (EDTA)	Carl Roth
Glycerin	Carl Roth
Glycin	Carl Roth
Hefeextrakt	Carl Roth
Imidazol	Carl Roth
<i>InstantBlue™</i>	Expedeon
Isopropanol	Carl Roth
Kaliumacetat (KOAc)	Sigma-Aldrich
Kaliumchlorid (KCl)	Carl Roth
Kaliumhydrogencarbonat (KHCO_3)	Carl Roth
Kaliumhydroxid (KOH)	Carl Roth
Luminol	Carl Roth
Magermilch	Carl Roth
Magnesiumacetat ($\text{Mg}(\text{CH}_3\text{COO})_2$)	Carl Roth
Magnesiumchlorid (MgCl)	Sigma Aldrich
Magnesiumsulfat (MgSO_4)	Sigma Aldrich
Mangan(II)-chlorid (MnCl_2)	Carl Roth
Methanol	Carl Roth
N-2-Hydroxyethylpiperazin-N-2-ethansulfonsäure (HEPES)	Carl Roth
Natriumacetat (NaOAc)	Carl Roth
Natriumchlorid (NaCl)	Carl Roth
Natriumdihydrogenphosphat (NaH_2PO_4)	Sigma-Aldrich
Natriumhydroxid (NaOH)	Carl Roth
Natriumkarbonat (Na_2CO_3)	Carl-Roth
Natriumlaurylsulfat (<i>sodium lauryl sulfate</i> , SDS)	Carl Roth
Natriumnitrat (NaNO_3)	Sigma-Aldrich
N-Ethylmaleinimid (NEM)	Pierce
p-Cumarsäure	Carl Roth
Pepton aus Casein	Carl Roth
Phenylmethylsulfonylfluorid (PMSF)	Carl Roth
Ponceau S	Merck

RNase Away	Carl Roth
Röntgenfilm-Entwickler	Kodak
Röntgenfilm-Fixierer	Kodak
Rotiphorese® NF-Acrylamid/Bis-Lösung 30 % (29:1)	Carl Roth
Roti-Safe® GelStain	Carl Roth
Rubidiumchlorid (RbCl)	Carl Roth
Saccharose/Sucrose	Carl Roth
Salzsäure (HCl)	Carl-Roth
Spermidin	Sigma Aldrich
Tetramethylethyldiamin (TEMED)	Carl Roth
Trichloressigsäure (<i>trichloroacetic acid</i> , TCA)	Carl Roth
Tricin	Carl Roth
Tris-aminomethan (TRIS)	Sigma-Aldrich
Tropic Marin Meersalz	Dr. Biener GmbH
Tween® 80	Merck
Urea	Carl Roth
Wasserstoffperoxid, 30% (H ₂ O ₂)	Carl Roth
Xylencyanol FF	VWR
β-Mercaptoethanol	Carl Roth

2.1.2 Nährmedien, Puffer und Lösungen

Alle verwendeten Nährmedien, Puffer und Lösungen sind in Anhang 5.3 Nährmedien, Puffer und Lösungen aufgelistet.

2.1.3 Laborgeräte und Verbrauchsmaterialien

Benutzte Laborgeräte/-materialien mit Hersteller sind nachfolgend kategorisch aufgelistet.

Tabelle 2: Geräte und Materialien – Agarose-Gelelektrophorese

Gerät	Hersteller
<i>Elektrophoresis Power Supply</i> EPS200	Pharmacia Biotech
Gelkammer	Uni Marburg
Transilluminator	PeqLab

Tabelle 3: Geräte und Materialien – Proteingel-Elektrophorese

Material/Gerät	Hersteller
<i>Elektrophoresis PowerSupply</i> EPS 301/601	Amersham Biosciences
<i>Medical</i> X-Ray Film, 30 x 40 cm	Fujifilm
<i>NativePAGE™</i> 3-12 % BIS-TRIS Proteingele, 1,0 mm/10 well	Invitrogen
Nitrozellulosemembran	Macherey-Nagel
PVDF-Membran, 10 x 10 cm	ThermoFisher
SDS-PAGE Gelkammer	Uni Marburg
Taumelschüttler Polymax 1040	Heidolph
TE 77 Semi-Dry Transfer Unit	Amersham Biosciences
<i>Whatman™</i> Filterpapier, 3 mm	Schleicher&Schuell
<i>XCell SureLock™ Mini-Cell Electrophoresis System</i>	ThermoFisher

Tabelle 4: Sonstiges – Einwegmaterialien, Thermocycler

Material/Gerät	Hersteller
Certomat R Schüttler	Braun Biotech
Klimaschrank MLR 350	Sanyo
Konfokales <i>Laserscanning</i> Mikroskop TCS SP2	Leica Microsystems
<i>Mastercycler</i> -Gradient	Eppendorf
<i>Mastercycler</i> -Personal	Eppendorf
Nanodrop Spektrophotometer ND-1000	PeqLab
Pasteur Glaspipetten	Carl Roth
pH-Meter 526	WTW
Spektralphotometer Ultraspec 2000	GE-Healthcare
Sterile Einmalspritzen, 50 mL	B. Braun
<i>Thermocycler</i> 60	Bio-Med
Thermomixer comfort	Eppendorf
Thermoschüttler TRM-V	MAGV
Vortexer REAX 1DR	Heidolph
Sterilfilter FB30/0,2 CA-S	Schleicher&Schuell
<i>French Press</i> 4-3399	SLM-AMINCO

Tabelle 5: Geräte und Materialien - Partikelbombardment

Material/Gerät	Hersteller
<i>Biolistic PDS-1000/He Particle Delivery System</i>	Bio-Rad
<i>Hepta Stopping Screens</i>	Bio-Rad
M10 Wolframkarbidpartikel, \varnothing 0,7 μ m	Bio-Rad
<i>Makrocarrier</i>	Bio-Rad
<i>Rapture Disc, 1.350 Psi</i>	Bio-Rad

Tabelle 6: Pipetten

Pipetten	Hersteller
<i>Eppendorf Research</i>	Eppendorf
<i>PIPETMAN</i>	Gilson™

Tabelle 7: Zentrifugen

Zentrifuge	Hersteller
<i>Centrifuge 5415D, Tischzentrifuge</i>	Eppendorf
<i>Centrifuge 5417R, Kühlzentrifuge</i>	Eppendorf
<i>Centrifuge 5810R, Kühlzentrifuge</i>	Eppendorf
Mikro 22R C1110, Kühlzentrifuge	Hettich
Ultrazentrifuge L7-55	Beckman Coulter

2.1.4 Molekularbiologische Kits

Nachfolgende molekularbiologische Kits wurden für diverse Anwendungen verwendet und nach Herstellerangaben aufbewahrt.

Tabelle 8: Verwendete molekularbiologische Kits mit deren Hersteller.

Kit	Hersteller
<i>2x PCR Super Master Mix including loading dye</i>	Bioutil
<i>CloneJET™ PCR Cloning Kit</i>	ThermoFisher
<i>FastGene Scriptase II cDNA Kit</i>	Nippon Genetics
<i>Genomic DNA Clean&Concentrator</i>	Zymo Research
<i>HiYield® Gel/PCR DNA Fragment Extraction Kit</i>	SLG®
<i>Monarch® DNA Gel Extraction Kit</i>	NEB
<i>NucleoBond® Xtra Midi</i>	Macherey-Nagel
<i>Phusion® High-Fidelity PCR Kit</i>	ThermoFisher
<i>Q5® High-Fidelity PCR Kit</i>	NEB
<i>QIAGEN Plasmid Purification Midi Kit</i>	QIAGEN
<i>Zymoclean Gel DNA Recovery</i>	Zymo Research

2.1.5 Enzyme

Tabelle 9 listet verwendete Enzyme auf. Die verwendeten Konzentrationen sind dem Methodenteil zu entnehmen.

Tabelle 9: Verwendete Enzyme.

Enzym	Hersteller
Antipain-Dihydrochlorid	Biochemica
Aprotinin	AppliChem
Chymostatin	AppliChem
Deoxyribonuklease I	Fermentas
Elastatinal	Calbiochem
Leupeptin	AppliChem
Pepstatin A	AppliChem
Phusion® <i>High-Fidelity</i> DNA Polymerase	ThermoFisher
Q5® <i>High-Fidelity</i> DNA Polymerase	NEB
Restriktionsendonukleasen	Fermentas/NEB
Ribonuklease A	Sigma-Aldrich
T4 DNA Ligase	ThermoFisher
Taq Polymerase	Bioutil
Trypsin-Inhibitor	AppliChem

2.1.6 Antikörper

Für die Immunodetektion von Proteinen fanden folgende Primär- und Sekundärantikörper Verwendung:

Tabelle 10: Primärantikörper

Primärantikörper	Konzentration	Hersteller
α -Der1-1 (α -Maus)	1:1000	Eurogentec
α -Der1-2 (α -Maus)	1:1000	Eurogentec
α -GFP (α -Ziege)	1:3000	Rockland™
α -RbcL (α -Kaninchen)	1:7500	Agrisera
α -PsbD (α -Kaninchen)	1:7500	Agrisera

Tabelle 11: Sekundärantikörper

Sekundärantikörper	Konzentration	Hersteller
α -Ziege, HRP-gekoppelt	1:10.000	Sigma-Aldrich (Merck)
α -Maus, HRP-gekoppelt	1:10.000	Sigma-Aldrich (Merck)
α -Kaninchen, HRP-gekoppelt	1:10.000	Sigma-Aldrich (Merck)

Für den eGFP-*pulldown* wurden wahlweise an Sepharose-Nanopartikel gekoppelte eGFP-Antikörper (GFP-Trap[®], Firma Chromotek) oder an magnetische Partikel (*magnetic beads*) konjugierter eGFP-Antikörper (μ Mac *Isolation Kit*, Miltenyi Biotech[®]) verwendet. Die Sepharose-Nanopartikel wiesen laut Herstellerangaben eine Bindungskapazität von 10 μ g Protein pro 10 μ L auf, die magnetischen Partikel von 20 pmol pro Protein (etwa 1 μ g eines 50 kDa Proteins). Beide Partikel waren für die massenspektrometrische Analyse kompatibel.

2.1.7 Selektionsmarker

Für die Selektion von *Escherichia coli* Kolonien und von *Phaeodactylum tricornutum* wurden folgende Antibiotika verwendet.

Tabelle 12: Verwendete Antibiotika

Antibiotikum	Stammlösung [mg/mL]	Endkonzentration [μ g/mL]
Ampicillin	50	50
Nourseothricin	100	100
Streptomycin	50	10
Zeocin [™]	100	75

Ampicillin diente als Selektionsmarker für Ligationen mit den Plasmiden pJet1.2/blunt, pPha_NR sowie dem Dualvektor pPha_NR [Dual]. Nach dem Partikelbombardement von *P. tricornutum* erfolgte eine Selektion nach Zeocin[™] und Nourseothricin für die Plasmide pPha_NR sowie dem Dualvektor pPha_NR [Dual] (siehe Kapitel 2.2.2.17 Partikelbombardement).

2.1.8 Organismen

Für Proteinlokalisations- und Interaktionsstudien wurde die pennate Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* Bohlin utex646 (Universität Konstanz, AG Prof. Dr. Kroth) als Modellorganismus verwendet. Für die Erstellung rekombinanter Vektoren (Restriktion und Ligation) wurde der K12-Stamm *E. coli* TOP10 verwendet.

Genotypus *E. coli* TOP10 (Invitrogen):

F⁻ *mcrA* Δ (*mrr-hsdRMS-mcrBC*) ϕ 80*lacZ* Δ M15 Δ *lacX74* *recA1* *araD139* Δ (*ara-leu*)7697 *galU* *galK* λ -*rpsL*(Str^R) *endA1* λ ⁻

2.1.9 Oligonukleotide

Alle Oligonukleotide (*primer*) wurden entweder von den Firmen Sigma-Aldrich (Merck) oder Macrogen Inc. erworben und in einer Konzentration von jeweils 5 pmol/ μ L eingesetzt. Die eingesetzten Oligonukleotide sind im Anhang unter 5.2 Oligonukleotide aufgelistet.

2.1.10 Plasmide

Nach der erfolgreichen Amplifikation von Genen mittels Polymeraseketten-Reaktion (PCR, siehe 2.2.2.4) erfolgte die Analyse von Nukleotidsequenzen mithilfe einer *blunt end*-Ligation der eluierten PCR-Produkte mit dem Plasmid pJet1.2/*blunt* der Firma Fermentas. Für die Expression von eGFP- bzw. mRuby3-Fusionsproteinen in *Phaeodactylum tricornutum* wurden die Plasmide pPhaNR sowie der Dualvektor pPha2xNR [Dual] verwendet.

Tabelle 13: Verwendete Plasmide

Vektor	Eigenschaften	Zugangsnummer
pJet1.2/ <i>blunt</i>	rep (pMB1), ori, <i>bla</i> (<i>amp^R</i>), <i>eco47I</i> , P _{lacUV5} , T7 promoter, MCS	EF694056
pPhaNR	<i>amp^R</i> , P _{NR} , MCS, T _{NR} , <i>sh ble</i> (<i>Zeocin</i>), ori	JN 180663
	<i>amp^R</i> , P _{NR} , MCS, T _{NR} , <i>sh ble</i> (<i>Nourseothricin</i>), ori	
pPha2xNR [Dual]	<i>amp^R</i> , P _{NR} , MCS1, T _{NR} , P _{NR} , MCS2, T _{NR} , <i>sh ble</i> (<i>Zeocin</i>), ori	JN 180664

2.1.11 Datenbanken, Software- und Internetanwendungen

Für *in silico* Analysen wurden verschiedene Internetanwendungen und Datenbanken genutzt. Diese sind mit den verwendeten Computerprogrammen nachfolgend aufgelistet.

Tabelle 14: Datenbanken

Datenbanken	
InterPro	https://www.ebi.ac.uk/interpro/ Proteinfamilien, Domänen und funktionelle Sequenzen
NCBI BlastN, BlastP	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/cgi-bin/BLAST <i>National Center for Biotechnology Information, Alignments, Screenings</i>
PhatrDBv2.0	http://genome.jgi-psf.org/Phatr2/ Genomdatenbank <i>P. tricornutum</i>
PhatrDBv3.0	https://protists.ensembl.org/Phaeodactylum_tricornutum/ Genomdatenbank <i>P. tricornutum</i>
PlasmoDBv2.0	http://plasmodb.org/plasmo/ Genomdatenbanken von <i>Plasmodium</i> spp.
UniProt	https://www.uniprot.org/ Bioinformatische Datenbank für Proteine

Tabelle 15: Internetanwendungen

Internetanwendungen	
ChloroPv1.1	http://www.cbs.dtu.dk/services/ChloroP/ Vorhersage von Chloroplast Transitpeptiden (cTP)
ExPASy compute pI/MW	https://web.expasy.org/compute_pi/ Berechnung Molekulargewicht von Proteinen sowie deren pI
InterPro	https://www.ebi.ac.uk/interpro/ Funktionelle Analyse von Proteinen und Vorhersage von Domänen
Phobius	http://phobius.sbc.su.se/ Vorhersage von Signalpeptiden und Proteintopologie
Phyre ²	http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/~phyre2/html/page.cgi?id=index Vorhersage von Struktur und mutmaßlicher Funktion von Proteinen
SignalP3.0	http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP-3.0/ Vorhersage von Signalpeptiden
SOSUIv1.10	http://harrier.nagahama-i-bio.ac.jp/sosui/ Vorhersage von Proteintopologien
TargetPv1.1	http://www.cbs.dtu.dk/services/TargetP/ Vorhersage von Zielsteuerungssequenzen
TMHMM Serverv.2.0	http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/ Vorhersage von Transmembrandomänen
TPRpred	https://toolkit.tuebingen.mpg.de/tools/tprpred Funktionelle Analyse nach TPR- Motiv

Tabelle 16: Software

Software	
Sequencher Version 5.3	Analyse von Nukleotidsequenzen
ImageJ, GIMP	Bildbearbeitung
Microsoft Office® 2019	Excel, Word, PowerPoint
Microsoft Visio®	Schemen

2.2 Methoden

Nachfolgend sind zell-, molekularbiologische und proteinbiochemische Methoden erläutert. Die Rezepturen der dazugehörigen Nährmedien, Puffer und Lösungen sind in Anhang 5.3 Nährmedien, Puffer und Lösungen aufgeführt.

2.2.1 Zellbiologische Methoden

2.2.1.1 Kultivierung von *Phaeodactylum tricornutum*

Die Kulturhaltung der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* erfolgte in f/2-Nährmedium bei 22° C und Dauerlicht (8.000 bis 11.000 lux). Flüssigkulturen wurden schüttelnd bei 150 rpm kultiviert. Als Selektionsmarker der Stammhaltung und nach der biologischen Transformation diente Zeocin™ mit einer Endkonzentration von 75 µg/mL und ggf. Nourseothricin bei Ko-Lokalisationen mit einer Endkonzentration von 100 µg/mL.

2.2.1.2 Kryokonservierung und Stammhaltung von *Phaeodactylum tricornutum*

Für die Kryokonservierung von *P. tricornutum* wurde eine 50 mL Flüssigkultur mit einer optischen Dichte (OD_{600}) von etwa 0,8 geerntet (Zellzahl ca. $6,3 \times 10^8$, 2.300 x g, RT, 5 Min.) und das Zellpellet in 2 mL f/2-Nährmedium inklusive 5 % Glycerin (steril), Selektionsmarker sowie 25 µg/mL Kanamycin unter sterilen Bedingungen vorsichtig mit der Pipette resuspendiert. Die Zellsuspension wurde in 2 mL sterilen Kryoröhrchen mittels *CoolBox® CFT* von *biocision®* über Nacht bei -80° C langsam heruntergekühlt und bei -80° C langfristig aufbewahrt. Für die Stammhaltung auf Festmedium wurden Klone alle sechs bis acht Wochen auf neue f/2-Platten (inklusive Selektionsmarker) überführt und in einem Klimaschrank (22° C, Tag-/Nachtrhythmus) aufbewahrt.

2.2.1.3 Kultivierung von *Escherichia coli*

Für Plasmidisolierungen wurden *E. coli* TOP10-Kulturen bei 37° C in flüssigem LB-Medium (150 rpm) bzw. für Ligationen auf LB-Festmedium mit dem Selektionsmarker Ampicillin über Nacht (37° C, 16-17 h) kultiviert.

2.2.1.4 Kryokonservierung von *Escherichia coli*

Für die Stammhaltung von *E. coli* wurden 500 µL einer 3 mL über Nacht-Kultur mit 500 µL sterilem Glycerin durch mehrmaliges Invertieren homogen gemischt und bei -80° C gelagert.

2.2.2 Molekularbiologische Methoden

2.2.2.1 Isolierung genomischer DNA aus *Phaeodactylum tricornutum* mit CTAB

Genomische DNA (gDNA) von *P. tricornutum* wurde mittels CTAB isoliert (modifiziert nach (Doyle J. J. und Doyle J. L. 1990)). Hierfür wurde eine 300 mL Flüssigkultur des Wildtyps *P. tricornutum* in der stationären Wachstumsphase geerntet (Zellzahl: 10^8 - 10^9 , 2.300 x g, RT, 5 Min.). Die Zellyse erfolgte mit 800 μ L 2 x CTAB mit einer anschließenden Inkubation für 1 h bei 70° C (Thermoblock). Im Anschluss wurden Zelldebris mittels Zentrifugation vom Lysat getrennt (15.000 x g, RT, 10 Min.). Der Überstand wurde in ein neues 1,5 mL Reaktionsgefäß überführt und mit einer Volumeneinheit (VE) *Aqua-PCI* (Carl Roth) gemischt. Danach erfolgte ein erneuter Zentrifugationsschritt (15.000 x g, RT, 10 Min.). Die wässrige Phase wurde in ein neues 1,5 mL Reaktionsgefäß überführt und mit 1/10 VE 2 M Natriumacetat sowie 2/3 Isopropanol gemischt. Für die Präzipitation der gDNA wurde das Reaktionsgemisch bei 4° C, 20.000 x g für 20 Min. zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen und das gDNA-Pellet mit 70%igen Ethanol bei 4° C, 20.000 x g für 10 Min. gewaschen. Nach Trocknung der gDNA wurde diese in 50 μ L ddH₂O resuspendiert und im Anschluss bei -20° C gelagert. Die Konzentrationsmessung erfolgte photometrisch mittels Nanodrop ND-1000 Spektrophotometer (OD₂₆₀).

2.2.2.2 Isolierung von Gesamt-RNA aus *Phaeodactylum tricornutum* mittels NAES

300 mL Flüssigkultur von *P. tricornutum* wurden in der stationären Phase (OD_{600nm} >1,0) geerntet (2.000 x g, 20 Min., RT), in 4 mL NAES resuspendiert und zu je 500 μ L in einem sterilen, RNasefreiem 1,5 mL Reaktionsgefäß aliquotiert. Je Aliquot wurden 1 Spatel Glasperlen (Sigma-Aldrich, *acid-washed*, 450 μ m, \varnothing 600 μ m) mit 500 μ L *Aqua-PCI* dotiert und 1 Min. gevortext. Im Anschluss erfolgte ein Zentrifugationsschritt (2.000 x g für 20 Min., RT). Die obere wässrige Phase wurde in ein neues steriles, RNasefreies 1,5 mL Reaktionsgefäß überführt und mit je 1 VE Chloroform-Isoamylalkohol (CI) gemischt. Es folgte eine erneute Zentrifugation von 20.000 x g für 10 Min bei 4° C. Dieser Schritt wurde einmal wiederholt. Im Anschluss daran wurde zur oberen wässrigen Phase eine VE Chloroform hinzu pipettiert und das Gemisch für 10 Min. zentrifugiert (20.000 x g, 4° C). Die Präzipitation der RNA erfolgte mittels Zugabe von 2/3 VE Isopropanol über Nacht bei -20° C. Darauf folgend wurde das RNA-Pellet abzentrifugiert (20.000 x g, 10 Min., 4° C) und anschließend mit 300 μ L 75%igen absolutem sterilfiltriertem Ethanol gewaschen (20.000 x g, 10 Min., 4° C). Der Überstand wurde verworfen und die RNA für etwa 5 Min. an der Luft getrocknet. Die RNA wurde in je 30 μ L 1%igem DEPC-H₂O resuspendiert. Die Gesamt-RNA wurde bis zur DNaseI-Behandlung bzw. reversen Transkription bei -20° C gelagert. Die Konzentrationsmessung erfolgte photometrisch mittels Nanodrop ND-1000 Spektrophotometer (OD₂₆₀).

2.2.2.3 DNaseI-Behandlung und Reverse Transkription (cDNA-Synthese)

Vor der der reversen Transkription (cDNA-Synthese) erfolgte eine DNaseI-Behandlung der isolierten RNA. Die Endonuklease spaltet Phosphodiesterbindungen der DNA und dient hierbei zur Beseitigung von möglichen DNA-Resten in der RNA-Lösung. DNaseI als auch der Reaktionspuffer wurden bei ThermoFisher erworben.

Tabelle 17: Reaktionsansatz der DNase I-Behandlung

Bestandteil	Volumen
10x DNaseI Reaktionspuffer, inkl. 50 mM MgCl ₂	1 µL
DNase I, RNase <i>free</i> (1 U)	1 µL
RNA	1 µg
dH ₂ O ad. 10 µL	X µL

Der Reaktionsansatz wurde für eine Stunde bei 37° C inkubiert und im Anschluss die Reaktion für 10 Min. unter Zugabe von 50 mM EDTA bei 65° C inhibiert. Die behandelte RNA wurde auf einem 1 %-igem Agarsegel auf Vorhandensein genomischer DNA überprüft. Im Anschluss der DNaseI-Behandlung folgte die reverse Transkription (cDNA-Synthese). Diese wurde mit dem FastGene® *Scriptase* II cDNA Kit von Nippon Genetics durchgeführt. Zunächst erfolgte eine Primerhybridisierung (siehe Tabelle 18).

Tabelle 18: Reaktionsansatz Primerhybridisierung der cDNA-Synthese

Bestandteil	Konzentration/Volumen
Random Hexamer Primer (100 µM)	1 µL
RNA	1 µg

Das Primer-RNA-Gemisch wurde bei 70° C für eine Stunde und danach für weitere 10 Min. bei 25° C auf dem Thermocycler inkubiert. Nach der Inkubation erfolgte die reverse Transkription nach Tabelle 20:

Tabelle 19: Ansatz der reversen Transkription

Bestandteil	Volumen
10 x Skriptase Puffer	2 µL
dNTP Mix (2 mM)	2 µL
RNase Inhibitor (40 U/µL)	1 µL
Skriptase (200 U/µL)	1 µL
DEPC H ₂ O ad. 20 µL	X µL

Der Reaktionsansatz wurde für 60 Min. bei 50° C inkubiert. Im Anschluss erfolgte eine Hitzeinaktivierung der Skriptase bei 95° C für 5 Min. Die cDNA wurde bei – 80°C gelagert.

2.2.2.4 Polymerasekettenreaktion (PCR)

Spezifische Gene wurden mittels Polymerasekettenreaktion (*polymerase chain reaction*, PCR) unter Verwendung der Q5® *High Fidelity* Polymerase (NEB) als auch der Phusion® *High Fidelity* Polymerase

(Finnzymes) amplifiziert. Die PCR-Produkte verfügten nach der PCR über sogenannte *blunt ends*. Durch die verwendeten Oligonukleotide wurden die Erkennungssequenzen der gewünschten Restriktionsenzyme addiert. Primerhybridisierungstemperaturen (*annealing temperature*, T_a) und Elongationszeiten der PCR-Reaktionen wurden jeweils der zu erwartenden Größe des DNA-Fragments angepasst. Nachfolgend sind die verwendeten Standard-PCR-Programme der verwendeten Polymerasen aufgeführt. Die Reaktionsansätze wurden auf Eis pipettiert.

Tabelle 20: Reaktionsansatz Phusion High Fidelity Polymerase

Bestandteil	Konzentration/Volumen
5xPhusion HF Puffer	5 μ L
dNTPs (10 mM)	1 μ L
3' Primer (5 μ M)	1 μ L
5' Primer (5 μ M)	1 μ L
template	1 pg - 20 ng
MgCl ₂ (50 mM)	1 μ L
Phusion® High Fidelity Polymerase (2 U/ μ L)	0,2 μ L
dH ₂ O ad. 20 μ L	X μ L

Tabelle 21: PCR-Programm Phusion High Fidelity Polymerase

Schritt	Temperatur	Zeit [s]
Initiale Denaturierung	98° C	30
Denaturierung	98° C	10
Primerhybridisierung	45 – 72° C	30
Elongation	72° C	15 -30 s/kb
Finale Elongation	72° C	120
	4° C	∞

Es wurden standardmäßig 30 Zyklen verwendet (Schritt 2-4). Zur Überprüfung der Bandengröße wurden jeweils 10 μ L aufgetragen und für die Elution ausgeschnitten. Das restliche PCR-Produkt wurde bei - 20° C aufbewahrt. Der Reaktionsansatz für die PCR mit der Q5® HF-Polymerase wurde nach dem gezeigten Ansatz in Tabelle 23 pipettiert.

Tabelle 22: Reaktionsansatz der Q5® High Fidelity Polymerase

Bestandteil	Konzentration/Volumen
2xQ5® High Fidelity Mastermix	12,5 μ L
3' Primer (5 μ M)	1,25 μ L
5' Primer (5 μ M)	1,25 μ L
template	1 pg- 10 ng
dH ₂ O ad. 15 μ L	X μ L

Tabelle 23: PCR-Programm der Q5® High Fidelity Polymerase

Schritt	Temperatur	Zeit [s]
Initiale Denaturierung	98° C	30
Denaturierung	98° C	10
Primerhybridisierung	50 – 72° C	30
Elongation	72° C	20 -30 s/kb
Finale Elongation	72° C	120
	4° C	∞

Es wurden standardmäßig 35 Zyklen verwendet (Schritt 2-4). Zur Überprüfung der Bandengröße wurden jeweils 10 µL aufgetragen und gegebenenfalls für die Elution ausgeschnitten. Das restliche PCR-Produkt wurde bei -20° C aufbewahrt.

2.2.2.5 Kolonie-PCR von *Phaeodactylum tricornutum*

Für den Nachweis erfolgreich transfizierter Klone aus *P. tricornutum* wurde ein *ready-to-use* Mastermix mit einer Taq-Polymerase (1 U/µL) (2xPCR Super-Mastermix, Biotool) verwendet. In ein 1,5 mL Reaktionsgefäß wurde 50 µL steriles ddH₂O vorgelegt und mithilfe einer Impföse Zellen einer Kolonie überführt. Die anschließende Lyse erfolgte durch Aufkochen (95° C für 10 Min.). Es folgte ein Pelletieren der Zelldebris bei 20.000 x g für 2 Min. (RT). Von diesem Überstand wurden 2 µL für die Kolonie-PCR als *template* verwendet. Als Negativkontrolle diente jeweils der PCR-Reaktionsmix ohne *template* und als Positivkontrolle die verwendete Plasmid-DNA des Partikelbombardment. Nachfolgender Ansatz lag zu Grunde:

Tabelle 24: Kolonie-PCR mittels Taq-Polymerase

Bestandteil	Volumen
2xPCR Super Mastermix	7,5 µL
MgCl ₂ (50 mM)	1 µL
3' Primer (10 mM)	1 µL
5' Primer (10 mM)	1 µL
<i>template</i>	10 - 20 ng
dH ₂ O ad. 15 µL	X µL

Der Ansatz wurde auf Eis pipettiert und im Anschluss folgendes PCR-Programm gewählt.

Tabelle 25: PCR-Programm der Kolonie-PCR.

Schritt	Temperatur	Zeit
Initiale Denaturierung	95° C	5 Min.
Denaturierung	95° C	1 Min.
Primerhybridisierung	56° C	30 s
Elongation	72° C	1 Min./kb
Finale Elongation	72° C	5 Min.
	4° C	∞

2.2.2.6 Agarosegelelektrophorese

Für die Größenbestimmung von DNA-Fragmenten wurden diese geleelektrophoretisch aufgetrennt (Sharp et al. 1973). Standardmäßig fand 1 x TBE-Puffer und je nach zu erwartender Bandengröße eine Gelmatrix von 2 % oder 1 % (w/v) Agarose Verwendung. Zur Visualisierung am Transilluminator diente der Farbstoff Roti® *Gelstain* in einer Konzentration von 0,003 % (v/v). Die Proben wurden mit 1 µL 6x Ladepuffer versetzt und die DNA-Fragmente ihrer Größe nach aufgetrennt (Spannung von 150 V). Um die Größe der DNA-Fragmente bestimmen zu können, wurde je nach Bandengröße der 1 kb Längenstandard der Firma GeneDirex (*ready-to-use*) oder der 100 bp *O'Generuler* Längenstandard von ThermoFisher Scientific verwendet (siehe Abbildung 7: Längenstandards der Agarosegelelektrophorese).

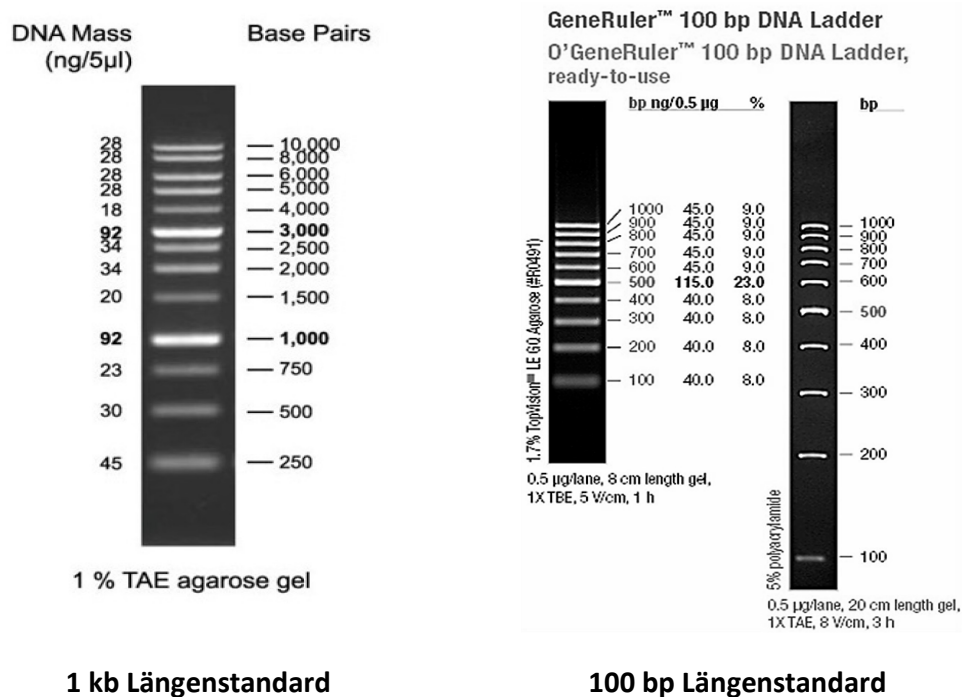


Abbildung 7: Längenstandards der Agarosegelelektrophorese.

2.2.2.7 DNA-Isolierung aus Agarosegelen (Gel-Elution)

Nach der Agarosegelelektrophorese erfolgte die Rückgewinnung der amplifizierten DNA aus der Gelmatrix wahlweise mittels dem Zymoclean Gel DNA *Recovery* (Zymo Research), Hi Yield® Gel/PCR DNA *Fragment Extraction* Kit (SLG®) oder dem Monarch® DNA *Gel Extraction* Kit (NEB). Die Durchführung erfolgte nach den jeweiligen Herstellerangaben. Die DNA wurde in 8 µL mit 50° C vorgewärmten Elutionspuffer aus dem jeweiligen Kit eluiert und bei -20° C langfristige gelagert.

2.2.2.8 Analytische Restriktionen

Die Kontrolle von Ligationen (analytische Restriktion) erfolgte über eine Restriktion der DNA-Fragmente (*inserts*) mittels Endonukleasen Typ II der Firma Fermentas/ThermoFisher Scientific. Folgende Tabelle zeigt den zugrundeliegenden Ansatz. Es wurden pauschal 1 μL der Plasmid DNA eingesetzt.

Tabelle 26: Restriktionsansatz der *Insert*-Kontrolle

Bestandteil	Volumen
Plasmid DNA	1,0 μL
Restriktionsenzym 1 (20 U/ μL)	0,1 μL
Restriktionsenzym 2 (20 U/ μL)	0,1 μL
10x SDB	1,0 μL
dH ₂ O	7,8 μL
Totalvolumen	10 μL

Der Reaktionsmix wurde für 30 Min. bis 1 h bei 37° C inkubiert und anschließend auf ein analytisches Agarosegel zur Überprüfung aufgetragen.

2.2.2.9 Ligation von DNA-Fragmenten in pJet1.2/*blunt cloning vector*

Amplifizierte und aufgereinigte DNA-Fragmente wurden für die Kontrolle der Nukleotidsequenzen zunächst in das Plasmid pJet1.2/*blunt cloning vector* (ThermoFisher) via *blunt-end* Ansatz ligiert (siehe Tabelle 27). Das Enzym als der auch der dazugehörige Reaktionspuffer wurden bei ThermoFisher erworben.

Tabelle 27: Ligationsansatz pJet1.2/*blunt cloning vector*

Bestandteil	Volumen
PCR-Produkt	7 μL
10xT4 DNA Ligase Puffer	1 μL
10xT4 DNA Ligase (5 U/ μL)	1 μL
pJet 1.2/ <i>blunt cloning vector</i>	0,2 μL
ddH ₂ O	0,8 μL
Totalvolumen	10 μL

Der Ligationsansatz wurde bei Raumtemperatur für 30 Min. inkubiert und anschließend in chemisch kompetente *E. coli*-Zellen per Hitzeschock (siehe Abschnitt 2.2.2.13 Hitzeschocktransformation) transformiert. Nach erfolgreicher Transformation folgte eine Plasmid-Minipräparation (siehe 2.2.2.14 Minipräparation) sowie eine Ligationskontrolle (siehe Abschnitt 2.2.2.8 Analytische Restriktion). Nukleotidsequenzen wurden per Sequenzierung nach Sanger kontrolliert (siehe Abschnitt 2.2.2.11 DNA-Sequenzierung).

2.2.2.10 Ligation von DNA-Fragmenten in Expressionsvektoren

Für die Ligation in das jeweilige Plasmid wurden die DNA-Fragmente aus dem pJet1.2/*blunt cloning vector* durch ihre spezifischen Schnittstellen restringiert, sodass die DNA-Fragmente über *sticky ends* verfügten. Für die Ligation wurde ein Vektor:*Insert*-Konzentrationsverhältnis von 1:3 bis 1:5 eingesetzt. Es wurden 10 µL Ligationsansatz für Vektor und *insert* auf ein präparatives Agarosegel aufgetragen. *Insert* und Vektor wurden zusammen nach der präparativen Restriktion aus der Agarosegel-Matrix in einem Reaktionsgefäß eluiert und ligiert (siehe Tabelle 28).

Tabelle 28: Ligationsansatz

Bestandteil	Volumen
Eluat <i>Insert</i> /Vektor	8 µL
10xT4 DNA Ligase Puffer	1 µL
10xT4 DNA Ligase (5 U/µL)	1 µL

Ligationsansätze wurden bei 4° C oder im Eisbad über Nacht inkubiert und am nächsten Tag in chemisch kompetente *E. coli*-Zellen per Hitzeschock transformiert.

2.2.2.11 DNA-Sequenzierung nach Sanger

Die Sequenzierung von DNA wurde von der Firma Macrogen durchgeführt. Hierfür wurden jeweils 500 ng Probe und 5 µL Sequenzierprimer (5 pmol/ µL) pro 10 µL Reaktionsansatz eingesetzt.

2.2.2.12 Herstellung chemisch kompetenter *E. coli* TOP10 Zellen

Für die Herstellung chemisch-kompetenter *E. coli* TOP10 Zellen wurde zunächst eine 3 mL Vorkultur angeimpft (Streptomycin als Selektionsmarker, 10 µg/mL) und über Nacht inkubiert (37° C, 150 rpm, 16 – 17 h). Am nächsten Tag wurden je zwei 100 mL LB-Kolben auf eine OD₆₀₀ von 0,1 eingestellt und steril filtriertes MgSO₄ sowie MgCl₂ mit einer Endkonzentration von je 10 mM steril zur Kultur dotiert. Die Kultivierung erfolgte bei einer Temperatur von 37° C und 150 rpm schüttelnd bis zu einer OD₆₀₀ von etwa 0,6. Im Anschluss wurden beide Kulturen auf Eis für 30 Min. gekühlt und die Zellen geerntet (3.000 x g, 10 Min., 4° C). Beide Zellpellets wurden in je 33 mL TFB I-Puffer resuspendiert und für 15 Min. auf Eis inkubiert. Im Anschluss erfolgte ein erneutes Pelletieren (3.000 x g für 10 Min. bei 4° C). Die erhaltenen Pellets wurden in je 5 mL TFB II resuspendiert, in sterile 15 mL Falcon-Röhren überführt und erneut für 15 Min. auf Eis inkubiert. Nach diesem Inkubationsschritt wurden die nunmehr chemisch-kompetenten Zellen bei 4° C zu je 100 µL in sterile 1,5 mL Reaktionsgefäße aliquotiert und in flüssigem Stickstoff schockgefroren. Die Lagerung erfolgte bei – 80° C.

2.2.2.13 Hitzeschocktransformation von *E. coli*

50 µL chemisch-kompetente *E. coli* - Zellen wurden langsam auf Eis aufgetaut und mit 10 µL Ligationsansatz weiterhin auf Eis für 30 Min. inkubiert. Für Transformationen bereits erfolgreich ligierter Plasmide oder Leervektoren wurden 0,2 µL Plasmid pro 50 µL Zellen eingesetzt. Nach der Inkubation erfolgte der Hitzeschock bei 42° C für 90 s mit anschließender Inkubation auf Eis (2 Min.). Anschließend wurden die Zellen auf LB-Platten mit entsprechendem Selektionsmarker (Ampicillin) ausplattiert und über Nacht bei 37° C inkubiert.

2.2.2.14 Minipräp: Plasmidisolierung aus *Escherichia coli* mithilfe alkalischer Lyse

Für die Isolation geringerer Plasmidkonzentration und Reinheit wurde eine Minipräparation mittels alkalischer Lyse durchgeführt (Birnboim und Doly 1979). Hierzu wurden 3,5 mL einer über Nacht Bakterienkultur mit Selektionsmarker bei 37° C und 200 rpm inkubiert. Davon wurden aus 1,5 mL Bakteriensuspension Zellen geerntet (20.000 x g, 30s, 4° C) und mit 200 µL P1-Puffer resuspendiert. Im Anschluss wurden zur Suspension 200 µL Lysepuffer P2 gegeben, kurz invertiert und das Gemisch bei Raumtemperatur für 3 Min. bei RT inkubiert. Zur Neutralisation und Phasentrennung wurden 200 µL Puffer P3 und 20 µL Chloroform pipettiert, invertiert und das Lysat für 5 Min. bei – 20° C (wahlweise auch auf Eis) inkubiert. Es folgte eine Zentrifugation bei 4° C, 20.000 x g für 5 Min. Der Überstand wurde mit einer Pipette in ein neues 1,5 mL Reaktionsgefäß überführt und die Plasmid-DNA mit 400 µL Isopropanol bei 4° C, 20.000 x g für 20 Min. präzipitiert. Der Überstand wurde verworfen und das DNA-Pellet mit 300 µL 70 %igem Ethanol gewaschen (20.000 x g, 10 Min., 4° C). Das Ethanol wurde abpipettiert und das Plasmid-Pellet bei 54° C für 10 Min. auf dem Heizblock getrocknet und in 40 µL dH₂O resuspendiert. Die kurzfristige Aufbewahrung erfolgte bei 4° C, langfristig bei -20° C.

2.2.2.15 Midipräp: Plasmidisolierung aus *E. coli*

Für die biologische Transfektion von *Phaeodactylum tricornutum* wurde Plasmid-DNA höherer Konzentration sowie Reinheit benötigt. Die Midipräparation erfolgte entweder mit dem Plasmid *Purification* Midi Kit von Qiagen oder dem NucleoBond® Xtra Midi/Maxi Kits von Macherey-Nagel. Beide Kits basieren auf Säulen mit einem Anionenaustauscharz. Die Kits wurden nach Herstellerangaben gelagert. Für eine Midipräp mit dem Qiagen-Kit wurde das Protokoll unverändert angewandt. Das Herstellerprotokoll des NucleoBond® Xtra Midi/Maxi-Kits von Macherey-Nagel Kit wurde modifiziert: Statt 100 mL wurde 50 mL über Nacht *E. coli*-Kultur verwendet. Aufgrund dessen wurden die Volumina des Resuspensions-, Lyse- und Neutralisationspuffer entsprechend angepasst (4 mL statt der im Kit angegebenen 8 mL).

2.2.2.16 Konzentrationsbestimmung isolierter Plasmid-DNA sowie RNA

Die Bestimmung der DNA-Konzentration erfolgte mithilfe des Nanodrop PD-1000 von PeqLab bei einer Wellenlänge von 260 nm. Für die Messung wurden 1 µL DNA oder RNA eingesetzt und mit Wasser der Nullwert bestimmt. Der Absorptionsquotient OD_{260}/OD_{280} ermittelte die Reinheit der gemessenen DNA bzw. RNA.

2.2.2.17 Partikelbombardment von *Phaeodactylum tricornutum*

Die homologe Expression für Interaktions- und Lokalisationsstudien von eGFP-Fusionsproteinen erfolgte in der Diatomee *P. tricornutum*. Hierfür wurden die Zellen nach einem modifizierten Protokoll nach Apt et al. biolistisch transformiert (Apt et al. 1996). Zunächst wurden 60 mg M10 Wolframkarbidpartikel (\emptyset 0,7 µm) mit 1 mL absolutem Ethanol (HPLC grade) gewaschen (5 Min. gevortext, anschließend 1 Min. zentrifugiert bei 14.000 x g, RT). Der Überstand wurde verworfen und die Partikel zwei Mal mit je 1 mL sterilem Wasser gewaschen (Zentrifugation: 1 Min, 14.000 x g, RT). Die gewaschenen Partikel wurden in 1 mL sterilem ddH₂O aufgenommen, gevortext und zu je 50 µL in 1,5 mL Reaktionsgefäße aliquotiert. Die Lagerung erfolgte bei – 20° C.

l) Bestimmung der Gesamtzellzahl nach Thoma:

Für das Partikelbombardment wurde eine etwa sieben Tage alte Flüssigkultur unter sterilen Bedingungen geerntet (1.500 x g, 5 Min., RT). Von der Kultur wurden 5 µL vor der Ernte für die Bestimmung der Zellzahl mittels einer Thoma-Zählkammer (Tiefe 0,1 mm, Kleinstquadrat 0,0025 m²) eingesetzt. Bei 400-facher Vergrößerung wurden vier Großquadrate (entspricht 16 Kleinquadraten) ausgezählt. Die Berechnung der Gesamtzellzahl erfolgte nach Gleichung (1). Die Berechnung der Zellzahl pro mL resultierte aus dem Volumen der Thomakammer (0,00025 m³), welches sich aus der Kantenlänge eines Kleinquadrats (0,05 mm) und der Tiefe der Kammer (0,1 mm) berechnen lässt (Faktor = 4×10^6). Das Mittel der ausgezählten Zellen ergibt sich aus der Anzahl der Kleinquadrate pro Großquadrat (16), Anzahl der ausgezählten Großquadrate (4) und der Summe der ausgezählten Zellen. Folglich konnte die Gesamtzellzahl nach Gleichung (1) berechnet werden:

$$\text{Zellzahl} = \emptyset \text{ Zellzahl pro Kleinquadrat} \times 4 \times 10^6 \times \text{Volumen Flüssigkultur in mL} \quad (1)$$

Pro Transfektion wurden 10⁸ Zellen/100 µL mittig auf einer f/2-Platte (NH₄Cl) mit der Impföse ausplattiert und getrocknet. Die Agarplatten wurden alternativ 24 h vor Transfektion vorbereitet und in der Klimakammer aufbewahrt.

II) Partikelvorbereitung:

Der biolistischen Transformation lag der Reaktionsansatz in Tabelle 29 zugrunde.

Tabelle 29: Reaktionsansatz Partikelbombardment

Bestandteil	Konzentration/Volumen
M10 <i>tungsten</i> Partikel	50 μ L
Transformationskonstrukt	5 μ g
CaCl ₂ (2,5 M)	50 μ L
Spermidin (0,1 M)	20 μ L

Für die Bindung der DNA an die *tungsten*-Partikel wurde der Reaktionsmix für 1 Min. mittels Vortexer gemischt und anschließend bei Raumtemperatur inkubiert. Nach der Sedimentierung der Partikel wurde der Überstand verworfen und das Partikel-DNA-Gemisch mit 200 μ L absolutem Ethanol (HPLC *grade*) gewaschen (1 Min gevortext, Sedimentierung der Partikel). Nach Verwerfen des Überstandes wurden final die Partikel in 50 μ L absolutem Ethanol aufgenommen und unter sterilen Bedingungen je 10 μ L auf Makroträger (*flying discs/macro carrier*) pipettiert. Pro Transformationskonstrukt wurden drei *macro carrier* für das Partikelbombardment vorbereitet. Im Anschluss daran erfolgte die biolistische Transformation mit dem *Biolistic PDS-1000/He Particle Delivery System* der Firma Biorad. Die Einlegeplatte mit dem Makroträger wurde auf Position 1 positioniert, die zu transformierenden f/2-Agarplatten direkt darunter liegend (Position 2). Das Vakuum wurde mit -25 Hg (ungefähr 33 bar) angelegt und auf die Berstscheibe (*rapture disc*) ein Druck von circa 1.350 psi (93 bar) ausgeübt. Die transformierten Zellen wurden nach dem Partikelbombardment für 24 h bei Dauerlicht (8.000 bis 12.000 lux) und 22° C inkubiert. Die Zellen einer transformierten Platte wurden mit jeweils 1 mL f/2-Flüssigmedium auf drei Selektionsplatten gleichmäßig (pro Platte ca. 333 μ L) aufgeteilt und mit einem Glasspatel ausplattiert. Nach ca. drei Wochen konnten unter bereits genannten Kultivierungsbedingungen Kolonien selektiert werden (siehe Kapitel 2.2.1.1 Kultivierung von *P. tricornutum*). Diese wurden auf Rasterplatten übertragen und am konfokalen *Laserscanning*-Mikroskop (KLSM) auf Fluoreszenz bzw. Proteinlokalisierung überprüft (siehe 2.2.3.17 Konfokale *Laserscanning* Mikroskopie und Elektronenmikroskopie).

2.2.3 Proteinbiochemische Methoden

2.2.3.1 Expression rekombinanter Proteine in *P. tricornutum*

Die Expression rekombinanter Proteine in *P. tricornutum* wurde durch Nitrat induziert. Die verwendeten Plasmide pPhaNR als auch pPhaNR[*Dual*] besaßen einen bzw. im Falle des Dualvektors zwei Nitrat-induzierbare Promotoren. Die Induktionszeit betrug in der Regel 24 h in flüssigem f/2-Medium. Für Split-GFP-Interaktionsstudien wurden die Zellen für mindestens 14 Tage auf f/2-Festmedium induziert.

2.2.3.2 Karbonatextraktion zur Überprüfung der Membranintegrität von Proteinen

Die Membranintegrität von Proteinen wurde mithilfe einer Karbonatextraktion überprüft. Hierfür wurde eine 50 mL Flüssigkultur von *P. tricornutum* eines Plasmid-tragenden Klon für etwa sieben Tage kultiviert (1 d Induktion) und die Zellen geerntet (2.300 x g, RT, 5 Min.). Das Pellet wurde einmal mit 1 x PBS gewaschen und in 2,7 mL Solubilisierungspuffer (Puffer SOLA, inkl. 1:300 PIC, 1:200 100 mM PMSF (SL)) vollständig resuspendiert. Es folgte eine mechanische Zellyse (*French Press*: 1.000 Psi, zwei Passagen). Zelldebris wurden im Anschluss durch Zentrifugation bei 2.300 x g und 4° C für 10 Min. separiert. Es folgte eine Verteilung des Lysats in Ultrazentrifugen-Röhrchen (2,7 mL) und eine erste Fraktionierung bei 120.000 x g für 1 h und 4° C (Ausschwingrotor SW 60Ti). Der Überstand des ersten UZ-Durchgangs enthielt lösliche Proteine. Hiervon wurden zwei Mal je 1 mL Probe für die weitere Analyse abgenommen, der restliche Überstand verworfen. Das Proteinpellet wurde nun in 2,7 mL Karbonatpuffer (pH 11,5, inkl. 1:300 PIC, 1:200 100 mM PMSF (SL)) resuspendiert und für 30 Min. auf Eis inkubiert. Im Anschluss erfolgte eine erneute Ultrazentrifugation (120.000 x g, 1 h, 4° C). Der Überstand enthielt nun die Membran-assoziierten Proteine (1 mL Probe abgenommen). Die sich im Pellet befindenden Membran-integrierten Proteine wurden in 1,7 mL SOLA-Puffer resuspendiert. Bis zur Proteinfällung wurden die Proben auf Eis oder langfristig mit flüssigem Stickstoff schockgefroren und bei – 80° C aufbewahrt. Für die SDS-PAGE wurden von allen drei Subfraktionen gleiche Mengenteile (je 1 mL) mit TCA präzipitiert. Jeweils 5 µg Protein wurden für die SDS-PAGE aufgetragen.

2.2.3.3 Proteinfällung mit Trichloressigsäure (TCA-Präzipitation)

Für die TCA-Fällung wurden Proben (i. d. Regel 1 mL) mit einer finalen Konzentration von 10 % (v/v) Trichloressigsäure (TCA, 70 % Stammlösung) gemischt und für 30 Min. auf Eis inkubiert (währenddessen Vortexen der Proben alle zwei bis drei Minuten). Im Anschluss folgte eine Zentrifugation für 20 Min. bei 4° C und 20.000 x g. Der Überstand wurde abgenommen und das Pellet in je 1 mL 80 %igem eiskaltem Aceton mithilfe von Mikropistillen gelöst und gewaschen (20.000 x g, 4° C, 4 Min.). Die Waschschrte wurden so lange wiederholt, bis der Überstand keine grünliche Färbung mehr aufwies. Nach Trocknung (Vakuumpumpe) der finalen Proteinpellets und anschließender Resuspension in 100 µL SDS-Ureapuffer (inkl. 1 % (v/v) β-Mercaptoethanol) folgte eine Denaturierung für 10 Min. bei 60° C unter Schütteln (1.400 rpm, Thermoblock). Die Abtrennung unlöslicher Bestandteile erfolgte durch Zentrifugation (RT, 20.000 x g, 4 Min.). Der in ein neues 1,5 mL Reaktionsgefäß überführte Überstand wurde bei – 20° C langfristig aufbewahrt.

2.2.3.4 Proteinkonzentrationsbestimmung mittels Amidoschwarz 10B

Die Proteinkonzentration wurde kolorimetrisch mittels Amidoschwarz 10B nach einem modifizierten Protokoll nach Schaffner und Weissmann bestimmt (Schaffner und Weissmann 1973). Hierfür wurden 5 µL

Proteinextrakt mit 95 μL dH_2O und 400 μL Amidoschwarz-Färbelösung gemischt, 5 Min. bei RT inkubiert und anschließend zentrifugiert (20.000 x g, 10 Min., 4° C). Der Überstand wurde abgenommen und das Pellet mit 500 μL Amidoschwarz-Waschlösung einmal gewaschen (20.000 x g, 4° C, 5 Min.). Das getrocknete Pellet (Vakuum-Pumpe) wurde in 1 mL 200 mM NaOH resuspendiert und die Absorption bei einer OD von 615nm gemessen (Nullwert: 200 mM NaOH). Anhand einer BSA-Eichgerade konnte aus der OD_{615} die Proteinkonzentration berechnet werden.

2.2.3.5 Proteingelelektrophorese - SDS-PAGE

Die gelelektrophoretische Auftrennung von Proteinen erfolgte mittels SDS-PAGE (Natriumdodecylsulfat-Polyacrylamid-Gelelektrophorese). Für diese Arbeit wurden 12,5%ige SDS-Gele verwendet. Die Herstellung der Gele erfolgte nach folgendem Rezept:

Tabelle 30: Rezeptur 12,5%iges SDS-Gel

Bestandteil	Trenngel	Sammelgel
Acrylamid:N,N' methylenbisacrylamid 30:8 (Carl Roth)	4,1 mL	900 μL
4x Trenngel-/Sammelgelpuffer	2,5 mL	1,25 mL
ddH ₂ O	3,2 mL	2,8 mL
TEMED	20 μL	15 μL
APS	150 μL	85 μL

Der Gellauf erfolgte bei 200 V und 25 mA pro angeschlossener Gelkammer. Als Massenstandard wurden 4 μL PAGE Ruler™ *Prestained Protein Ladder* der Firma ThermoFisher Scientific aufgetragen (siehe Abbildung 8: Massenstandard der SDS-PAGE).

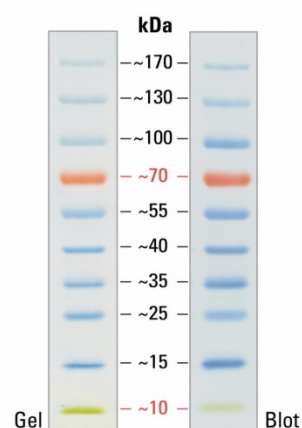


Abbildung 8: Massenstandard der SDS-PAGE.

2.2.3.6 Semidry Westernblot und Immunodetektion

Für die Immunodetektion von Proteinen wurden diese von einem Proteingel auf eine Nitrozellulosemembran (SDS-PAGE) oder PVDF-Membran (BN PAGE) via *semidry* Westernblot transferiert. Das SDS-Gel sowie die der Gelgröße entsprechend zurecht geschnittene Membran wurden etwa 5 Min. in Westernblot-Transferpuffer equilibriert. Im Anschluss wurde die Semidry Westernblot-Apparatur (TE77 GE

Healthcare) wie folgt zusammengebaut: Luftblasenfrei wurden drei Mal mit Transferpuffer angefeuchtetes, ebenfalls der Gelgröße entsprechend zugeschnittenes Whatman™ Filterpapier, die equilibrierte Membran, das SDS-Gel und wieder drei Mal angefeuchtetes Whatman™ Filterpapier aufeinandergelegt. Der Transfer erfolgte für eine Stunde bei Raumtemperatur mit einer Stromstärke von 0,8 mA/cm² pro Gelfläche und einer Spannung von 100 V. Nach dem Transfer erfolgte die Absättigung der unspezifischen Bindungsstellen der Membran rollend für 1 h bei RT (5 % Magermilch in 1 x TBS-T-Puffer). Anschließend wurde die Membran über Nacht bei 4° C rollend mit dem Primärantikörper inkubiert. Tags darauf folgten drei Waschschritte mit 1 x TBS-T rollend für je 10 Min. bei RT. Der Sekundärantikörper wurde für 1 h bei RT rollend inkubiert. Es folgte ein erneutes Waschen (3 Mal 1 x TBS-T, 1 Mal 1 x TBS, 1 x dH₂O) sowie die Immunodetektion des HRP-gekoppelten Sekundärantikörpers mit ECL (*enhanced chemiluminescence*). Die ECL-Lösung wurde kurz vor Gebrauch angesetzt und die Membran damit 5 Min. bei Raumtemperatur inkubiert. Im Anschluss erfolgte die Entwicklung des Röntgenfilms mithilfe von XGB Röntgenentwickler/-fixierer (XGB *Developer/Fixer Replenisher Solutions*, Kodak).

2.2.3.7 Blue Native-PAGE (BN PAGE) - Probenvorbereitung

Die native Auftrennung eines Proteinkomplexes wurde anhand eines modifizierten BN PAGE-Protokoll von Wittig et al. durchgeführt (Wittig et al. 2006). Für die Blue Native PAGE wurde das von Lau et. al (2015) publizierte Konstrukt pPhaNR:BTSShsp70ΔR eGFP (Lau et al. 2015a) verwendet. Als Kontrolle wurde Wildtyp von *P. tricornutum* analog prozessiert und massenspektrometrisch analysiert. Für die Herstellung eines nativen Proteinextrakts, wurden 500 mL Flüssigkultur von *P. tricornutum* der transienten Linie pPhaNR:BTSShsp70ΔR eGFP mit einer OD₆₀₀ von 0,8 wurden für zwei Tage induziert und geerntet (2.300 x g, 5 Min., 4° C). Die Zellen wurden einmal mit SolA-Puffer gewaschen (Rezeptur siehe Tabelle 66: Karbonatextraktion – Solubilisierungspuffer (SolA)) und danach mittels *French Press* lysiert (1.000 Psi, drei Passagen). Die Abtrennung von Zelldebris vom Proteinextrakt erfolgte durch Zentrifugation (2.000 x g, 10 Min., 4° C). Der daraus resultierende Überstand wurde in ein neues 15 mL Falcon-Röhrchen überführt, auf 8,1 mL mit SolA (inkl. 1:300 PIC, 1:200 PMSF) aufgefüllt und auf je drei Ultrazentrifugen-Röhrchen (á 2,7 ml) aufgeteilt. Im Anschluss erfolgte die Fraktionierung mittels UZ bei 120.000 x g, 1 h bei 4° C. Die Membranpellets wurden in je 150 µL Native PAGE-Probenpuffer (BN *sample buffer*) resuspendiert und für 4 h bei 4° C mit 2 % Digitonin schüttelnd (1.400 rpm im Thermoschüttler) solubilisiert. Die ungelösten Bestandteile wurden durch Zentrifugation (20.000 x g, 10 Min., 4° C) separiert und der Überstand zu je 50 µL in 1,5 mL Reaktionsgefäße aliquotiert. Die Proben wurden mittels flüssigem Stickstoff schock gefroren und bei –80° C aufbewahrt. Die Proteinkonzentrationsmessung erfolgte mittels Amidoschwarz 10B (siehe 2.2.3.4).

2.2.3.8 Blue Native PAGE - Gellauf

Eingefrorene Proben wurden langsam auf Eis aufgetaut und für 5 Min. mit 5 μ L 5 % Coomassie G250-Stammlösung auf Eis inkubiert. Pro Geltasche eines bei Invitrogen gekauften 3-12 % BisTris-Gels wurden 150 μ g Protein aufgetragen. Als Größenstandard wurden von dem *Native Marker unstained* (Invitrogen) 8 μ L aufgetragen (siehe Abbildung 9: Nativer Proteinstandard). Für das erste Drittel des Gellaufs bei 4° C wurden eine Spannung von 150 V und eine Stromstärke von 20 mA angelegt. Als Kathodenpuffer im Gelkammer-Inneren wurde der *dark blue* Puffer verwendet. Es folgte ein Austausch mit dem *light blue* Puffer und eine Erhöhung der Spannung auf 250 V. Als Laufpuffer diente 1x BN Laufpuffer. Für die Analyse mittels Massenspektrometrie gekoppelter Flüssigkeitschromatographie fand der Gellauf bis zum kompletten Auslaufen des Ladepuffer statt. Für die Immunodetektion erfolgte der Gellauf bis zu 2/3, da sonst der Transfer nicht effizient genug stattfinden konnte.

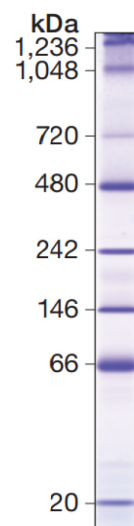


Abbildung 9: Nativer Proteinstandard von Invitrogen.

2.2.3.9 Nativer Westernblot und Immunodetektion

Für die Immunodetektion der Blue Native PAGE wurden die Proteine des BisTris-Gels auf eine PVDF-Membran transferiert (Schägger und Jagow 1987). Hierfür erfolgte eine Equilibrierung der PVDF-Membran für 1 Min. bei RT mit 100 % Methanol und ein Apparatur-Aufbau wie unter Abschnitt 2.2.3.6 beschrieben. Die Whatman™ Filterpapiere, Gel sowie Membran wurden mit nativem Westernblot-Transferpuffer befeuchtet. Der Transfer erfolgte bei 4° C für 3 h und 28 mA. Nach dem Transfer wurde die Membran zunächst in einer Lösung aus 25 % Methanol mit 10 % Essigsäure für 10 Min. entfärbt und kurz (ca. 30 s) in ddH₂O gewaschen und getrocknet. Für die finale Entfärbung wurde die Membran in 100 % Methanol für etwa 3 Min. geschwenkt. Danach erfolgte eine Immunodetektion (Blocken sowie Antikörperbindung) von GFP sowie symbiontischem Derlin1-2 analog der beschriebenen Methode von 2.2.3.6 Semidry Western und Immunodetektion.

2.2.3.10 eGFP-pulldown

Für den *pulldown* mit Klonen der transienten Zelllinien der Fusionsproteine pPhaNR:46675 eGFP und pPhaNR:BTSShsp70ΔR eGFP (Blue Native PAGE) wurden an Partikel konjugierte eGFP-Antikörper verwendet. Nach einer Induktion für 24 h folgte die Ernte von Zellen (OD_{600} : 0,8) aus einer 300 mL dichten transienten *P. tricornutum*-Kultur (1.500 x g, 5 Min., RT). Das Zellpellet wurde in 3 mL sterilem, gekühltem IP-Puffer (inkl. 10mM NEM, 1:300 PIC, 1:200 PSMF) resuspendiert und die Zellen mittels *French Press* (1.000 Psi, vier Durchgänge) lysiert. Die Abtrennung der Zelldebris vom nativen Proteinextrakt erfolgte per Zentrifugation bei 2.000 x g für 10 Min. und 4° C. Nach der Überführung des Überstands in 1,5 mL in Reaktionsgefäße folgte eine Inkubation des Proteinlysats mit jeweils 100 μ L α GFP-Sepharosepartikel oder wahlweise 100 μ L *magnetic beads* über Nacht und über Kopf bei 4° C.

I) Aufreinigung und Elution Sepharosepartikel:

Im Falle von Sepharosepartikel erfolgte eine *batch*-Aufreinigung. Durch Zentrifugation wurden die Partikel vom Überstand getrennt (4.000 x g, 4 Min., 4° C) und dieser verworfen. Nach anschließenden Waschschritten der Sepharosepartikel mit je 1 mL 4° C-kühlem IP-Puffer (inkl. 1:300 PIC, 1:200 PSMF) bis die *beads* keine Verfärbungen mehr aufwiesen (1.500 x g, 4 Min., 4° C) folgte die Elution durch Aufkochen (100 μ L Laemmli-Puffer, 95° C, 10 Min.). Die Trennung der Partikel vom Eluat erfolgte durch Zentrifugation bei 1.500 x g (3 Min., RT). Das Eluat wurde in ein neues 1,5 mL Reaktionsgefäß überführt und bei -20° C gelagert.

II) Aufreinigung und Elution *magnetic beads*:

Für magnetische Partikel geeignete 2 mL Säulen mussten zunächst mit dem im μ MACS GFP *Isolation* Kit (Miltenyi Biotec) vorhandenen Lysepuffer equilibriert werden (200 μ L). Danach erfolgte eine Equilibrierung mit dem verwendeten IP-Puffer (200 μ L). Die Säulen wurden nun mit dem Lysat-Partikel-Gemisch beladen und eine Abtrennung von *beads* und Überstand erfolgte durch *gravity flow*. Die Säulen wurden so lange mit IP-Puffer gewaschen, bis der Durchfluss keine Verfärbungen mehr aufwies (je 1 mL IP-Puffer). Es folgte eine zweistufige Elution mit dem im Kit vorhandenen, auf 95° C aufgewärmten Elutionspuffer (1. Elution mit 80 μ L, 2. Elution 20 μ L). Die Eluate wurden bei -20° C bis zur Verwendung gelagert. Für die InstantBlue™-Färbung wurde ein SDS-Gel mit 50 μ L, für die Immunodetektion (α -GFP) mit 5-10 μ L Probe beladen. Als Kontrolle der InstantBlue™-Färbung wurde ein Konstrukt mitgeführt, welches exklusiv zytosolisches eGFP unter Verwendung des Nitratpromotors exprimiert. Dieses war notwendig, um durch methodische Artefakte resultierende Banden identifizieren zu können und wurde analog prozessiert.

2.2.3.11 InstantBlue™-Färbung von Proteingelen

Die Visualisierung von Proteinen erfolgte mit der Coomassie-basierten Färbelösung InstantBlue™ der Firma Expedeon. Hierbei wurden Proteine bereits nach 15 Min. sichtbar und es war keine Entfärbung notwendig. Vor der massenspektrometrischen Analyse wurden die Gele einmal für wenige Sekunden (ca.

30 s) in bidestilliertem Wasser gewaschen. Für die Aufbewahrung im Kühlschrank wurden die Gele eingeschweißt (mit 1 x TBS befeuchtet).

2.2.3.12 Silbernitratfärbung-Färbung (*silver stain*) von Proteingelen

Die Silbernitrat-Färbung (*silver stain*) diente zur Visualisierung von Proteinen, wenn durch die Instant-Blue™ Färbung kaum oder keine Banden sichtbar waren. Der *silver stain* erfolgte mittels dem Pierce™ *Silverstain* Färbekit von ThermoFisher und wurde nach Herstellerprotokoll durchgeführt.

2.2.3.13 Massenspektrometrische Analysen mittels LC-MS

Ausgeschnittene Proteingelbanden des *pulldown* und der Blue Native PAGE wurden mittels Flüssigkeitschromatographie mit gekoppeltem massenspektrometrischem Detektor (LC-MS) am Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie oder durch die Serviceabteilung Massenspektrometrie und Elementanalytik der Universität Marburg durchgeführt. Im Anschluss erfolgte die selbstständige Auswertung der übermittelten Daten (*Excel-Sheets*).

2.2.3.14 *In vivo* Lokalisationsstudien in *Phaeodactylum tricornutum*

Für *in vivo* Lokalisationsstudien in der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* wurden Fusionskonstrukte von Gensequenzen voller Länge mit eGFP am C-Terminus erstellt, um eine gegebenenfalls vorhandene Zielsteuerungssequenz am N-Terminus nicht zu maskieren. Die genkodierenden Sequenzen wurden aus genomischer DNA (Sequenzen ohne Introns) und cDNA (Sequenzen mit vorhergesagten Introns) amplifiziert und in das Nitrat-induzierbare Plasmid pPhaNR bzw. pPhaNR [Dual] in die entsprechende *multiple cloning site(s)* (MCS) ligiert (siehe 2.2.2.10 Ligation von DNA-Fragmenten in Expressionsvektoren). Die Induktion erfolgte für 24 h unter Dauerlicht und in Nitrat-haltigem Flüssigmedium. Mittels konfokaler *Laserscanning*-Mikroskopie (KLSM) wurden die positiven Zeocin®-resistenten Klone auf Fluoreszenz analysiert. Für Ko-Lokalisationen zweier Proteine wurde jeweils ein Gen mit eGFP und ein Gen mit mRuby3 am C-Terminus fusioniert. Das Fluoreszenzprotein mRuby3 sowie der rekombinante Vektor pPhaNR:BTSShsp70 mRuby3 wurden von Dr. Daniel Moog zur Verfügung gestellt.

2.2.3.15 *In vivo* Topologie-Bestimmung mittels Self-Assembly GFP (SA GFP)

Zur Bestimmung der Topologie von (Membran-) Proteinen wurde das *self-assembling* eGFP System (SA GFP) nach Cabantous et al. angewendet (Cabantous et al. 2005). Hierfür wurde eGFP in zwei Fragmente geteilt: Einen C-terminalen β -Strang (S11-Fragment, 63 bp) und die längeren β -Stränge 1-10 (S1-10 Fragment, 673 bp). Beide Fragmente für sich können nicht fluoreszieren. Dieses ist nur möglich, wenn beide Fragmente miteinander assemblieren, was durch ihre sehr hohe Affinität zueinander stabil möglich ist, wenn sowohl S11- als auch S1-10-Fragment sich in einem gemeinsamen Zellkompartiment (räumliche Nähe) befinden. Die SA-GFP-Konstrukte wurden in den Nitrat-induzierbaren Transfektionsvektor pPhaNR

[Dual] (zwei induzierbare *multiple cloning sites*) kloniert. Für die Validierung der Lokalisation der eGFP-Fusionsproteine ID 46675, ID 43933 sowie ID 44305 wurden deren Gene mit dem kleineren β -Fragment S11 (mit einem *spacer* PGGGGP) am C-Terminus fusioniert, ER- bzw. PPC-Markerprotein an die längeren β -Fragment S1-10 (mit *spacer* PGGGGP). Als PPC-Marker wurde die *bipartite targeting sequence* (BTS) von sHsp70 (ID 55890) verwendet. Als ER-Marker diente die endogene Protein-Disulfid-Isomerase (PDI, ID 44937) als volle Länge Protein. Die ER- bzw. PPC-Marker wurden von Dr. Franziska Hempel zur Verfügung gestellt. Nach dem Partikelbombardment wurden *P. tricornutum*-Klone für maximal 24 h induziert. Die Bestimmung der Fluoreszenz erfolgte mittels KLSM (siehe 2.2.3.17 Konfokale *Laserscanning* Mikroskopie und Elektronenmikroskopie). Die genomische Integrität wurde mittels Kolonie-PCR überprüft (siehe 2.2.2.5 Kolonie-PCR von *Phaeodactylum tricornutum*).

2.2.3.16 *In vivo* Interaktionsstudien mittels BiFC – Split-GFP

Für die Testung möglicher Interaktionen zweier Proteine, wurde die Methode *bimolecular fluorescence complementation* (BiFC, hier als Split-GFP bezeichnet) nach Ghosh et al. angewandt (Ghosh et al. 2000). Analog zum SA-GFP System wird GFP in zwei Fragmente geteilt. An den Interaktionspartner A wurde das N-terminale GFP-Fragment (N-GFP) und an Interaktionspartner B das C-terminale GFP-Fragment (C-GFP) jeweils mit dem C-Terminus des Proteins fusioniert und in den Nitrat-induzierbaren Vektor pPhaNR [Dual] ligiert. Anders als beim SA-GFP System können jedoch beide GFP-Fragmente nur bei einer tatsächlich stattfindenden Interaktion, also bei Nähe der beiden Chromophore, komplementieren (*complementation*) und somit Fluoreszenz detektiert werden. Resultierende Klone aus der biolistischen Transformation mit *P. tricornutum* wurden für mindestens 14 Tage auf f/2-Festmedium inklusive Selektionsmedium induziert und anschließend am KLSM überprüft. Alle Klone wurden mittels Kolonie-PCR bezüglich ihrer genomischen Integrität überprüft (siehe Kapitel 2.2.2.5 Kolonie-PCR von *Phaeodactylum tricornutum*).

2.2.3.17 Konfokale *Laserscanning* Mikroskopie und Elektronenmikroskopie

Die Analyse der angewendeten *in vivo* GFP-Systeme erfolgte am konfokalen *Laserscanning* Mikroskop TCS SP2 (KLSM) der Firma Leica Microsystems. Hierfür wurde das Objektiv PL APO 63 x 1.32-0.60 PH3 CS Oil verwendet. eGFP sowie Chlorophyll wurden bei einer Wellenlänge von 488 nm mittels eines Argonlagers angeregt. Ein TD488/543/633 Teilerspiegel und zwei Photomultiplier ermöglichten die getrennte Detektion von eGFP- bzw. der Plastidenautofluoreszenz (PAF) bei einer Wellenlänge von 500 bis 535 nm bzw. 625 bis 720 nm, die Fluoreszenz von mRuby3 von 580 -605 nm. Die Auswertung sowie Nachbearbeitung der am Mikroskop aufgenommenen Bilder erfolgte mithilfe der Software LCS Lite von Leica. Die Überlagerungen, die sogenannten *merges* oder Montagen, wurden mithilfe dem Programm ImageJ v1.34s erstellt. Für transemmissionselektronische Aufnahmen wurden 50 mL Kultur mit dem entsprechenden *P. tricornutum* Klon kultiviert, 1 d induziert und geerntet (1.000 x g, 3 Min.).

2.2.4 *In silico* Analysen

Um Kandidaten für *in vivo* Lokalisationsstudien identifizieren zu können, wurden unterschiedliche *in silico* Ansätze gewählt. Einerseits erfolgte ein *Screening* nach Proteinen mit TPR-, und/oder WD40-Motiv sowie Licht-regulierten Proteinen, welche im Tag-/Nachtzyklus involviert sind, jedoch keine Relation mit der Photosynthese-Maschinerie aufwiesen. Andererseits erfolgte ein *Screening* aus der Proteinliste der massenspektrometrischen Analysen der Blue Native PAGE sowie der zwei durchgeführten eGFP-*pulldowns*.

2.2.4.1 *In silico* Screening nach TPR-, WD40-Domänen und lichtregulierten Proteinen

Die JGI und Ensemble Proteins Genomdatenbanken wurden jeweils nach den Stichworten „TPR“, „WD40“, und für die Licht-regulierten Proteine nach „*diurnal*“, „*light related*“, „*day cycle*“ sowie „*night cycle*“ durchsucht. Als Filter wurden in den Genomdatenbanken „*Search by: Keywords*“, „*Across: All*“ sowie „*Terms: exact – fast*“ ausgewählt. Die daraus resultierenden Proteine wurden auf das Vorhandensein eines Signalpeptids unter anderem mit den Internetanwendungen SignalP3.0, Phobius und Topcons überprüft. Entsprechend der Vorhersagen wurden Proteine mit einer potenziellen stromalen BTS (+1 Position nach dem Signalpeptid eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin) für *in vivo* Lokalisationsstudien nicht in Betracht gezogen. Weiterhin wurde ein *in silico* Screen nach Domänenvorhersagen (InterPro, NCBI BlastP) vollzogen, um die in den Genomdatenbanken vorhandenen Annotationen zu überprüfen. Proteine, welche nicht als Enzym oder andere eindeutige Annotationen wie zum Beispiel *mitochondrial carrier protein* oder RNA-Helikase aufwiesen, wurden als Kandidaten für die weiteren *in vivo* Studien in Betracht gezogen und lokalisiert. Ein weiterer, aber nicht entscheidender Analysenparameter war das Vorhandensein von Transmembrandomänen (z.B. Internetanwendung TMHMMv.2.0). Weiterhin wurden die Genmodelle auf Vollständigkeit mittels ESTs und Alignments überprüft. Notwendige Korrekturen (z. B. unvollständiger N-Terminus) wurden anhand ggf. vorhandenen ESTs (*expressed sequence tags*) vorgenommen und entsprechend im Ergebnisteil vermerkt.

2.2.4.2 *In silico* Screening nach TPR-, WD40-sequenzähnlichen Proteinen aus Apicomplexa

Für die *in silico* Analyse nach sequenzähnlichen TPR- und WD40-Proteinmodellen aus den Apicomplexa *Plasmodium falciparum* 3D7 und *Plasmodium malariae* wurden deren Genomdatenbanken (PlasmoDB) nach Annotationen (Stichwortsuche) von TPR bzw. *Tetratricopeptide Repeat* sowie WD40 durchsucht. Die resultierenden Proteinlisten wurden mit den *P. tricornutum* Genomdatenbanken JGI und Ensemble Proteins abgeglichen. Als Filter wurden in den Genomdatenbanken „*Search by: Keywords*“, „*Across: All*“ sowie „*Terms: exact – fast*“ ausgewählt. Die daraus resultierenden Proteine (Apicomplexa-Homologe) wurden auf das Vorhandensein eines Signalpeptids unter anderem mit den Internetanwendungen SignalP3.0 und Phobius überprüft. Proteine mit einer potenziellen stromalen BTS (+1 Position nach dem Signalpeptid eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin) wurden für *in vivo* Lokalisationsstudien nicht in Betracht

gezogen. Weiterhin wurde ein *in silico Screening* nach Domänenvorhersagen (InterPro, NCBI BlastP) vollzogen, um die in den Genomdatenbanken ggf. vorhandenen Annotationen zu überprüfen.

2.2.4.3 *In silico Screening Blue Native PAGE-Ansatz*

Die detektierten Peptide aus der massenspektrometrischen Analyse der BN PAGE mit dem Fusionsprotein pPhaNR:BTSShsp70ΔReGFP wurden mit den LC-MS-Analysen einer mitgeführten Kontrolle (Wildtyp-Kultur) verglichen. Proteine, welche in der Kontrolle und dem Fusionsprotein detektiert werden konnten, wurden zunächst nach der Anzahl ihrer Anzahl der gemessenen Peptide (*hits*) und ihrer Annotation sortiert. Als signifikantes Ergebnis wurden nur Peptide mit mindestens zwei *hits* und ohne vorhandene Annotationen (*predicted proteins*) gewertet. Alle *predicted proteins* wurden einer Analyse nach Vorhandensein eines Signalpeptids mit den Internetanwendungen wie z. B. SignalPv.3.0 und Topcons unterzogen. Proteine mit potenzieller stromaler BTS wurden nicht weiter berücksichtigt. Im weiteren Verlauf wurden Domänen u. a. mit InterPro und NCBI BlastP überprüft. Es wurden nur diejenigen Proteine für die weitere Analyse in Betracht gezogen, welche zum Beispiel keine potenzielle konservierte Domäne oder unbekannte Proteindomänen (DUF) aufwiesen. Auch hier wurde das Vorhandensein von Transmembrandomänen ergänzend, aber nicht als Ausschlusskriterium, überprüft. Die relevanten Gene wurden mit eGFP am C-Terminus für *in vivo* Lokalisationen fusioniert.

2.2.4.4 *In silico-Screening eGFP-pulldown*

Die aus einer massenspektrometrischen Analyse resultierenden Peptide des eGFP-*pulldowns* mit den Fusionsproteinen pPhaNR:46675eGFP und pPhaNR:BTSShsp70ΔReGFP wurden mit der Kontrollanalyse (zytotoxisches eGFP) verglichen. Nur diejenigen Peptide, welche exklusiv beim *pulldown* der Fusionsproteine und mit mindestens zwei *hits* (Anzahl der gemessenen Peptide) detektiert werden konnten, wurden als signifikantes Ergebnis gewertet. Diese Proteine wurden für weitere *in silico* Analysen in Betracht gezogen. Alle anderen Peptide wurden als Kontaminationen betrachtet, da sie möglicherweise mit dem am *bait protein* fusioniertem GFP interagierten und deswegen detektiert wurden. Nur Proteine ohne vorhandene Annotationen (*predicted proteins*) wurden auf das Vorhandensein eines Signalpeptids mit den Internetanwendungen u. a. SignalPv.3.0 und Topcons unterzogen. Proteine mit potenzieller stromaler BTS wurden nicht weiter berücksichtigt. Im weiteren Verlauf wurden diese Proteine nach möglichen konservierten Domänen mit den Internetanwendungen u. a. InterPo und NCBI BlastP überprüft. Diejenigen Proteine, welche keine (detektierbare) konservierte Domäne oder unbekannte Proteindomänen (DUF) aufwiesen, wurden mit eGFP am C-Terminus für *in vivo* Lokalisationen fusioniert. Das Vorhandensein von Transmembrandomänen wurde ergänzend überprüft und diente nicht als ausschließendes Kriterium.

3 Ergebnisse

In der komplexen Plastide von *Phaeodactylum tricornutum* wurde die *Symbiont-specific ERAD-like machinery* (SELMA) als möglicher Translokationsmechanismus in der zweiten Plastidenmembran (PPM) postuliert (Lau et al. 2016; Hempel et al. 2009; Sommer et al. 2007; Gould et al. 2006a). Es handelt sich hierbei wahrscheinlich um ein aus der ER-assoziierten Degradation (ERAD) rezykliertes Transportsystem, welches analog zu ERAD vermutlich Ubiquitin-abhängig stattfindet (Lau et al. 2015b; Agrawal et al. 2009; Sommer et al. 2007). Bisher wurden zentrale ERAD-L-Homologe als SELMA-Komponenten in Heterokontophyta, Apicomplexa, Hapto- und Cryptophyta identifiziert (Stork et al. 2012; Felsner et al. 2011; Bullmann et al. 2010; Sommer et al. 2007). Für diese im periplastidären Kompartiment (PPC) und der periplastidären Membran (PPM) von *P. tricornutum* lokalisierten Komponenten konnten auch spezifische Interaktionen gezeigt werden (Stork et al. 2012; Moog et al. 2011; Hempel et al. 2009). Die PPM-befindlichen Derlinproteine sDer1-1/-2 formieren sowohl Homo- als auch Heteromere. sDer1-1 kann zwischen PPC und stromalen Proteinen anhand der ersten Position des Transitpeptid-ähnlichen Signals (TPL) diskriminieren (Hempel et al. 2009). Für einige mutmaßliche SELMA-Komponenten bleiben auch weiterhin Funktionen unbekannt. So wurde durch Lau et al. beispielsweise die Rhomboidprotease sRhom3 (ID 47107) in der PPM lokalisiert, die genaue Funktion in der Membran bleibt bisher jedoch ungeklärt (Lau et al. 2016). Nach wie vor ist auch eine detaillierte Aufklärung des Translokationsmechanismus entlang der PPM ausständig. Ein postulierter Importrezeptor, welcher sich als lösliches Protein im cER oder assoziiert an oder integriert in der PPM befinden könnte, bleibt nach wie vor unbekannt. Für die Identifikation dieses postulierten Importrezeptors wurden verschiedene „gerichtete“ *in silico* Ansätze und ein proteinbiochemischer Ansatz mit anschließenden *in vivo* Lokalisationsstudien verfolgt. Proteine mit einer potenziellen cER- oder PPM-Lokalisation (Importrezeptorsuche) und PPC-Lokalisation (neue mögliche SELMA-Komponente) waren von Interesse und wurden teilweise weiter charakterisiert. Es wurden durch die verschiedenen Ansätze 32 Proteine lokalisiert, davon 20 mit relevanten Lokalisationen. Sieben Proteine wurden mittels TEM-Aufnahmen, Karbonatextraktion und/oder Topologiebestimmung näher charakterisiert. Auf diese Ergebnisse wird im folgenden Abschnitt eingegangen.

3.1 Identifikation von spezifischen Proteindomänen

Einige bekannte Rezeptoren (z. B. Pex4, Pex5 oder TOM70) verfügen über TPR- und/oder WD40-Proteinmotive. Im Zuge dieser Arbeit wurde für die Identifikation des postulierten Importrezeptors unter anderem der Ansatz gewählt, gezielt Proteinmodelle mit den Proteindomänen TPR und WD40 in Genomdatenbanken von *Phaeodactylum tricornutum* zu suchen.

Weiterhin wurde in der Genomdatenbank PlasmoDB für TPR-, WD40- und Apicoplast-sequenzähnlichen Proteinen aus den Apicomplexa *Plasmodium falciparum* 3D7 sowie *Plasmodium malariae* mit den gleichen angelegten Kriterien gesucht.

Als Kriterien dienen zum einen das Vorhandensein eines Signalpeptids sowie weiterhin das Fehlen einer aromatischen Aminosäure oder (Iso-)Leucin an der ersten Stelle nach dem detektierten Signalpeptid (potenziell nicht stromal). Wurden für Proteine durch verschiedene Algorithmen unterschiedliche Signalpeptid-Positionen detektiert, wurden diese für die *in vivo* Lokalisation ausgewählt, insofern mindestens zwei Internetanwendungen eine potenziell nicht stromale BTS (zweigeteilte Zielsteuerungssequenz, *bipartite targeting sequence*) vorhersagten. Proteine mit Signalpeptid, mit TPR-/WD40-Domäne und potenziell nicht stromaler BTS wurden für *in vivo* Lokalisationen in der Diatomee *P. tricornutum* ausgewählt.

Zuvor wurden die Genmodelle der Proteinmodelle auf Vollständigkeit mittels (wenn möglich) vorhandenen EST-Daten und NCBI-Alignments überprüft und gegebenenfalls korrigiert. Für die Vorhersagen der Lokalisationen mittels des Algorithmus TargetPv.1.1 („*plant network*“) wurden die Proteinsequenzen in voller Länge als auch die Proteinsequenz ohne Signalpeptid (o. SP) überprüft. Um potenzielle Signalsequenzen von Mitochondrien oder Chloroplasten detektieren zu können, ist es essenziell das detektierte Signalpeptid zu entfernen.

3.1.1 *In silico* Identifikation von Proteinen mit TPR-Proteindomäne

Für die Stichwortsuchen „TPR“ und „*Tetratricopeptide Repeat*“ wurden in den Genomdatenbanken von *P. tricornutum* insgesamt 336 Proteine als TPR-Protein annotiert. Zunächst wurden Duplikate von Proteinsequenzen aussortiert und anschließend nach Vorhandensein eines Signalpeptids und konservierten Domänen *gescreent* (Anwendungen siehe Tabelle 15: Internetanwendungen).

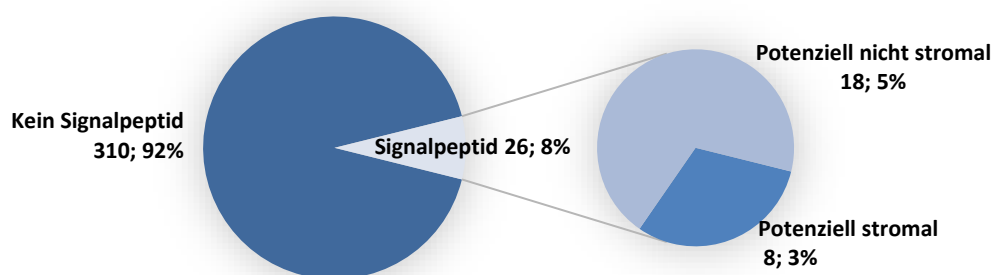


Abbildung 10: *In silico* Screening TPR-Proteinmodelle mit Signalpeptid. **Potenziell stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid ist eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin **Potenziell nicht stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid ist jede andere Aminosäure.

Von den insgesamt 336 untersuchten Proteinen besitzen lediglich 26 Proteine ein vorhergesagtes Signalpeptid (siehe Abbildung 10). 18 Proteine weisen an der ersten Position nach dem detektierten Signalpeptid keine aromatische Aminosäure oder ein (Iso-)Leucin auf und könnten somit ein plastidäres, nicht-stromales Protein sein (ohne Betrachtung der konservierten Domäne). Acht Proteine besitzen an der ersten Position nach dem Signalpeptid eine aromatische Aminosäure oder ein (Iso-)Leucin und werden somit als potenziell stromal gewertet. Die potenziell stromalen Proteine werden für weitere Lokalisationen ausgeschlossen.

Bei der *in silico* Analyse nach konservierten Domänen (siehe Abbildung 11) weisen von den insgesamt 336 Proteinen 56 Proteine kein vorhergesagtes TPR-Proteinmotiv auf. Von den restlichen 280 Proteinen werden 51 als Enzym mit TPR-Domäne (z. B. Acyltransferasen, Zink-abhängige Proteasen, Phosphodiesterasen), 139 Proteine mit detektierten Domänen wie DNA-/RNA-Bindungsmotive, Chromosomen Segregationsprotein oder *nuclear pore complex subunit* (als sonstige Domänen zusammengefasst) vorhergesagt. Die restlichen 90 Proteine besitzen laut Vorhersage mittels NCBI BlastP konservierte TPR-Proteinmotive ohne zusätzliche funktionelle Domänen. Von den 18 Proteinen mit nicht potenzieller stromaler Zielsteuerungssequenz (BTS) wurden aufgrund der detektierten konservierten Domänen sechs Kandidaten für die *in vivo* Lokalisation in *Phaeodactylum tricornutum* am C-Terminus mit eGFP fusioniert (siehe Tabelle 31).

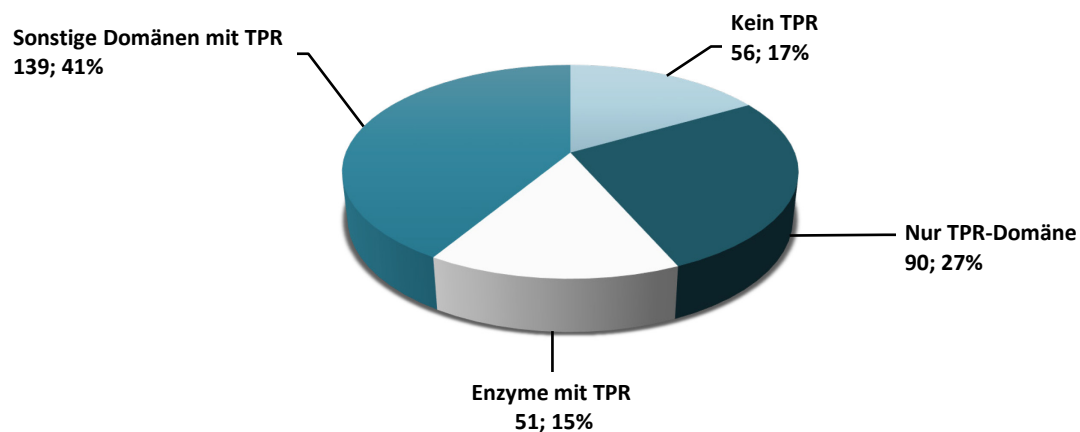


Abbildung 11: *In silico* Screening nach konservierten Domänen von annotierten TPR-Proteinen. Verteilung der Domänen der 336 untersuchten Proteinen (mit und ohne Signalpeptid).

3.1.1.1 *In vivo* Lokalisationen von Proteinen mit TPR-Domäne in *P. tricornutum*

Um als Lokalisation evident zu gelten, mussten mindestens drei Klone das gleiche Fluoreszenzmuster und davon mindestens 90 % der Zellen eGFP-Fluoreszenz aufweisen. Von 336 analysierten Proteinen wurden sechs Proteine für die *in vivo* Lokalisationen ausgesucht (siehe Tabelle 31), mit dem Plasmid pPhaNR ligiert und vier eGFP-Fusionsproteine lokalisiert (ID 46675eGFP, ID 39634eGFP, ID 44959eGFP, ID 47492eGFP, blau in Tabelle 33). Die Lokalisationen zeigt Abbildung 12.

Tabelle 31: *In vivo* Kandidaten TPR-Proteine in *P. tricornutum*. Die lokalisierten Proteine sind farblich unterlegt (blau). Legende: TMD: Transmembrandomänen mittels TMHMMv.2.0, pred. Lok: vorhergesagte Lokalisation mit TargetPv.1.1, FL: full length Protein, o. SP: ohne Signalpeptid, S: secretory pathway mTP: mitochondrial transit peptide cTP: chloroplast transit peptide Other: any other location

Protein-ID	Domäne (NCBI BlastP)	Signalpeptid	TMD	pred. Lok
46675 (36696)	TPR Repeat, TOM70 ⁹	TFA-LS ¹⁰ , ALS-DT ¹¹	0	S (FL), mTP (o. SP)
39634	TPR-Domäne	IST-QP ¹⁰ , APD-VP ¹¹	0	cTP (FL, o. SP)
44959	DnaJ domain, TPR-repeat Lipoprotein, TPR-1-Domäne	ALC-QH ¹⁰ , VHA-AA ¹¹	0	mTP (FL), Other (o. SP)
47492	TOM70 ⁹ mit TPR-Motiv	VQA-RT ¹²	0	S (FL), Other (o. SP)
48967	TPR-Domäne	VHA-KR ¹²	2	S (FL), cTP (o. SP)
49015	TPR-Domäne	IST-QP ¹⁰ , APD-VP ¹¹	0	cTP (FL, o. SP)

Das mutmaßliche TPR-Fusionsprotein [ID 39634eGFP](#) zeigt eine Plastidenlokalisierung des PPC oder der dritten/vierten Plastidenmembran. Eine oEM/iEM-Lokalisation wird durch das ausgedehnte eGFP-Signal um die komplexe Plastide mit zwei punktförmigen eGFP-Signalen in der Plastidenmitte angedeutet. Für [ID 39634](#) werden mittels den *in silico* Anwendungen THMMHv2.0 sowie Phyre² keine Transmembrandomänen vorhergesagt. Aufgrund keiner vorhandenen potenziellen stromalen BTS scheint eine Lokalisation der dritten oder vierten Plastidenmembran als unwahrscheinlich. Aufgrund der Vorhersage eines Chloroplasten-Transitpeptids (cTP als volle-Länge Protein und auch ohne Signalpeptid) wird eine Plastidenlokalisierung untermauert. Der NCBI BlastP-Algorithmus detektiert keine konservierte Domäne. Mit Phyre² hingegen wird das Protein als mögliches Chaperon, also mit einer proteinbindenden Domäne, detektiert.

Das Protein [ID 47492](#) wurde bereits als TOM70-Homolog von Diatomeen von Marter et al. mittels dem Fluorophor mRuby3 in Mitochondrien in *P. tricornutum* lokalisiert und diente als TOM70-Referenz für das TPR-Protein ID 46675, welches ebenfalls eine vorhergesagte TOM70-Domäne besitzt (Marter et al. 2020). Das TOM70-Homolog zeigt ein typisches Fluoreszenzmuster für Mitochondrien. Das netzartige eGFP-Signal befindetet häufig in Plastidennähe (siehe Abbildung 12, B).

⁹ Mitochondrieller Importrezeptor für ADP/ATP carrier, Protein-Transport und -bindungen

¹⁰ Vorhersage mit SignalPv.3.0

¹¹ Vorhersage mit Phobius

¹² Gleiche Vorhersage von SignalPv.3.0 und Phobius

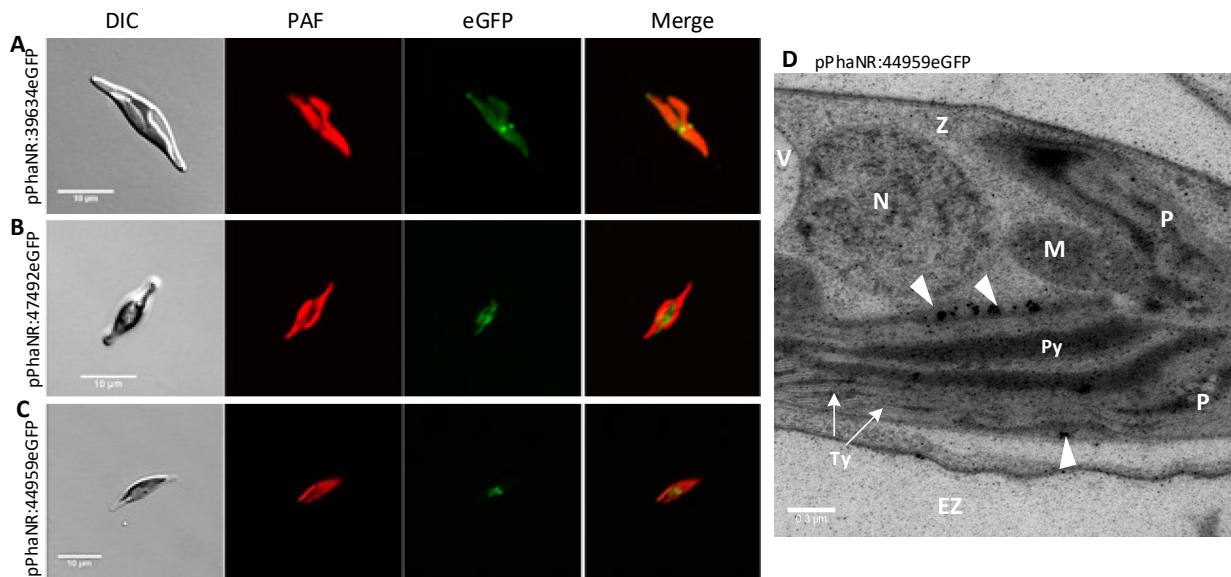


Abbildung 12: Lokalisationen ausgewählter TPR-Proteine in der Diatomee *P. tricornutum*. **A** Mutmaßliche PPC-Lokalisation des Fusionsprotein ID 39634eGFP **B** Mögliche mitochondrielle Lokalisation von eGFP-Fusionsprotein ID 47492 **C** Mutmaßliche PPC-Lokalisation des Fusionsproteins ID 44959eGFP **D** TEM-Aufnahme Fusionsprotein ID 44959eGFP zeigt eine plastidäre, mutmaßliche PPC-Lokalisation (Pfeile) **Legende:** **DIC:** Differentieller Interferenzkontrast **PAF:** Plastidenautofluoreszenz **eGFP:** *enhanced green fluorescent protein* **Merge:** Überlagerung eGFP/PAF **N** Nukleus **M** Mitochondrium **P** Komplexe Plastide **Ty** Thylakoide **Py** Pyrenoid **V** Vakuole **EZ** Extrazellulär **Z** Zytosol

Das Protein [ID 44959](#) zeigt eine PPC-typische Lokalisation mit einer Überlappung des eGFP-Signals mit der Plastidenautofluoreszenz (PAF) mittig der Plastide (*blob-like structure*, Abbildung 12, C). Für dieses Protein wird kein Transitpeptid vorhergesagt. Es handelt sich vermutlich um ein lösliches Chaperon im PPC. TEM-Aufnahmen (erstellt von Dr. Thomas Heimerl) bestätigen eine plastidäre Lokalisation, ermöglichen jedoch aufgrund der eng aneinander liegenden Plastidenmembranen keine nähere Verifikation des plastidären Kompartiments. Da das Protein sich nachweislich am äußeren Plastidenbereich befindet, könnte in Anbetracht der KLSM-Aufnahmen eine PPC-Lokalisation als wahrscheinlich gelten.

3.1.1.2 Das PPC-lokalisierte TPR-Protein ID 46675 interagiert mit MCPs der komplexen Plastide

Das TPR-Protein [ID 46675](#) wird als lösliches Protein mit einer TOM70-Domäne am C-Terminus mit mitochondrialem Transitpeptid vorhergesagt. Die Lokalisation des Fusionsproteins [ID 46675eGFP](#) zeigt eine für das PPC-typische sogenannte *blob-like structure* und konnte durch von Dr. Thomas Heimerl angefertigte TEM-Aufnahmen verifiziert werden (siehe Abbildung 13, A und C). Die elektronenmikroskopischen Aufnahmen zeigen eine deutliche auf die Plastide beschränkte Lokalisation (v.a. im äußeren Plastidenbereich). Eine genauere Spezifikation ist aufgrund der eng aneinander liegenden Plastidenmembranen/kompartimente jedoch nicht möglich (siehe Abbildung 13, C).

Die Topologie des TPR-Proteins wurde mittels SA-GFP (siehe Methodenteil 2.2.3.15) bestimmt. Hierfür wurden zwei Markerproteine, das ER-lokalisierte Enzym PDI ([ID 44967](#)) und das PPC *heat shock* protein sHsp70 ([ID 55890](#)) verwendet. Beide Proteinsequenzen der Markerproteine wurden in voller Länge am N-Terminus mit den β -Faltblättern von eGFP (S1-10) fusioniert, um Zielsteuerungssequenzen der

Markerproteine nicht zu maskieren. Das zu testende Protein ID 46675 wurde in voller Länge am N-Terminus mit dem β -Faltblatt des eGFP-Proteins (S11) fusioniert. Nur wenn beide eGFP-Fragmente sich in räumlicher Nähe (also im gleichen Kompartiment) befinden, können sich die eGFP-Stränge zum β -barrel assemblieren und das Chromophor kann fluoreszieren. Mit dem ER-Marker konnte keine eGFP-Fluoreszenz, mit dem PPC-Marker eine eGFP-Fluoreszenz mit *blob-like structure* am KLSM detektiert werden (Abbildung 13, B). Um Expressionsartefakte zu vermeiden, also falsch positive Fluoreszenz-Detektionen durch zu lange Induktionszeiten, wurden verschiedene Induktionszeiten getestet. Nach acht Stunden konnte für die beiden SA-GFP-Konstrukte kein Signal, nach 24 h ausschließlich für das „PPC-Konstrukt“ detektiert werden.

Alle untersuchten Klone wurden mittels Kolonie-PCR auf Integration des transfektierten Plasmids überprüft. Alle getesteten Klone zeigten die zu erwartende Bandengröße. Somit wurde bei den transgenen SA-GFP-ER-bzw. -PPC-Zelllinien die jeweiligen Plasmide genomisch integriert. Demnach wird postuliert, dass der C-Terminus des Fusionsproteins ID 46675eGFP sich wahrscheinlich im PPC befindet. Um zu identifizieren, ob es sich bei dem *in vivo* lokalisierten Fusionprotein um ein lösliches PPC oder ein Protein der zweiten bzw. der dritten Plastidenmembran mit dem C-Terminus im PPC handelt, wurden Zellkulturen mittels Karbonatextraktion subfraktioniert (Methode siehe 2.2.3.2 Karbonatextraktion). Das TPR-eGFP-Fusionsprotein (ca. 36 kDa, eGFP 27 kDa) konnte mittels eGFP-Antikörper in der löslichen Fraktion mit dem zu erwartenden Molekulargewicht von 63 kDa nachgewiesen werden (siehe Abbildung 13, D). Die Induktionszeit der Kulturen für die Karbonatextraktion wurde analog zu den Induktionszeiten der KLSM-Analysen gewählt (1 d). Als Kontrollen für eine korrekte Fraktionierung dienten die große Untereinheit des löslichen Proteins Rubisco (RbcL, ca. 54 kDa) sowie das integrale Protein PsbD (ca. 36 kDa). RbcL wurde mittels spezifischen Antikörpers nur in der löslichen Fraktion detektiert und PsbD mittels spezifischen Antikörpers erwartungsgemäß in der integralen Fraktion. Zusätzlich wurde ein Signal in der löslichen Fraktion von PsbD detektiert, welches durch ein erhöhtes Expressionslevel verursacht werden kann.

In Anbetracht der Lokalisation, TEM-Aufnahmen und Karbonatextraktion des Fusionsproteins ID 46675eGFP wird postuliert, dass es sich um ein lösliches PPC-Protein handelt. Um mögliche Interaktionspartner des mutmaßlichen PPC-Proteins TPR-ID 46675 ermitteln zu können, wurde ein eGFP-*pull-down* mit anschließender LC-MS durchgeführt.

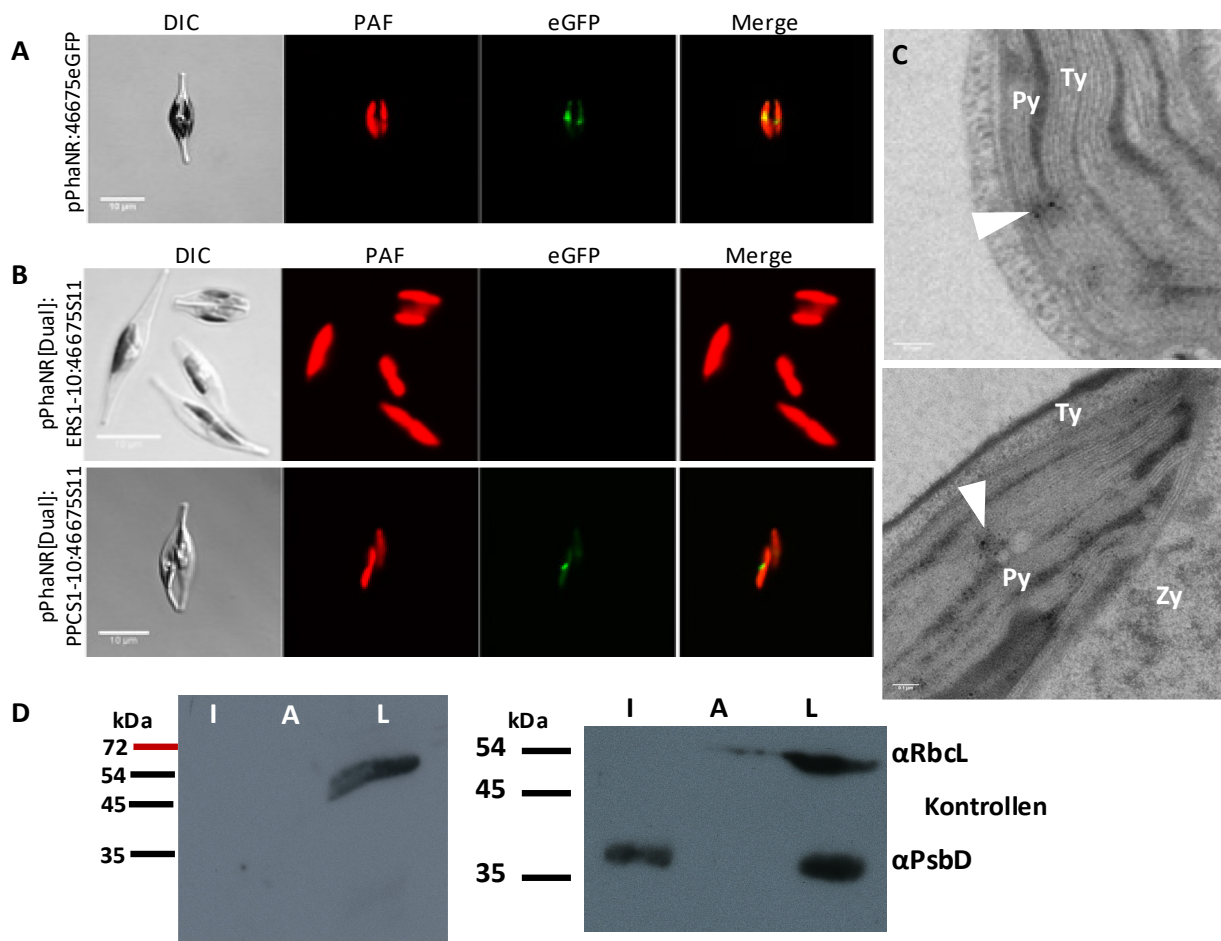


Abbildung 13: Charakterisierung des Fusionsprotein ID 46675eGFP. A. Mutmaßliche PPC-Lokalisation des Fusionsprotein ID 46675eGFP. B. Oben: SA-GFP mit dem ER-Marker (PDI) zeigt keine eGFP-Fluoreszenz, Unten: SA-GFP mit dem PPC-Marker (sHsp70) zeigt eGFP-Fluoreszenz. C. TEM-Aufnahme: Plastidäre Lokalisation von ID 46675 eGFP (Pfeile) D Karbonatextraktion: ID 46675eGFP (63 kDa) ist ein lösliches Protein. **Legende:** DIC: Differentieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Überlagerung PAF/eGFP Py = Pyrenoid Zy = Zytosol Ty: Thylakoide L: löslich A: assoziiert I: integral Rbcl = *large chain of Rubisco*, lösliche Kontrolle PsbD = *photosynthetic reaction protein*, integrale Kontrolle

3.1.1.3 eGFP-pulldown mit dem mutmaßlichen periplastidären TPR-Protein ID 46675

Für die Identifikation möglicher Interaktionspartner wurde ein eGFP-pulldown durchgeführt (siehe Methodenteil 2.2.3.10 eGFP-pulldown). Anhand einer mitgeführten Kontrolle (zytosolisches eGFP) ist es durch einen Vergleich der elektrophoretisch (SDS-PAGE) aufgetrennten Proteine von Kontrolle und *bait*-Protein möglich nach der Färbung der Proteingele spezifische Banden des *bait*-Protein bzw. dessen potenziellen Interaktionspartner zu determinieren. Die SDS-Gele wurden einerseits mit InstantBlue® und andererseits aufgrund der höheren Sensitivität mit Silbernitrat eingefärbt (siehe Abbildung 14).

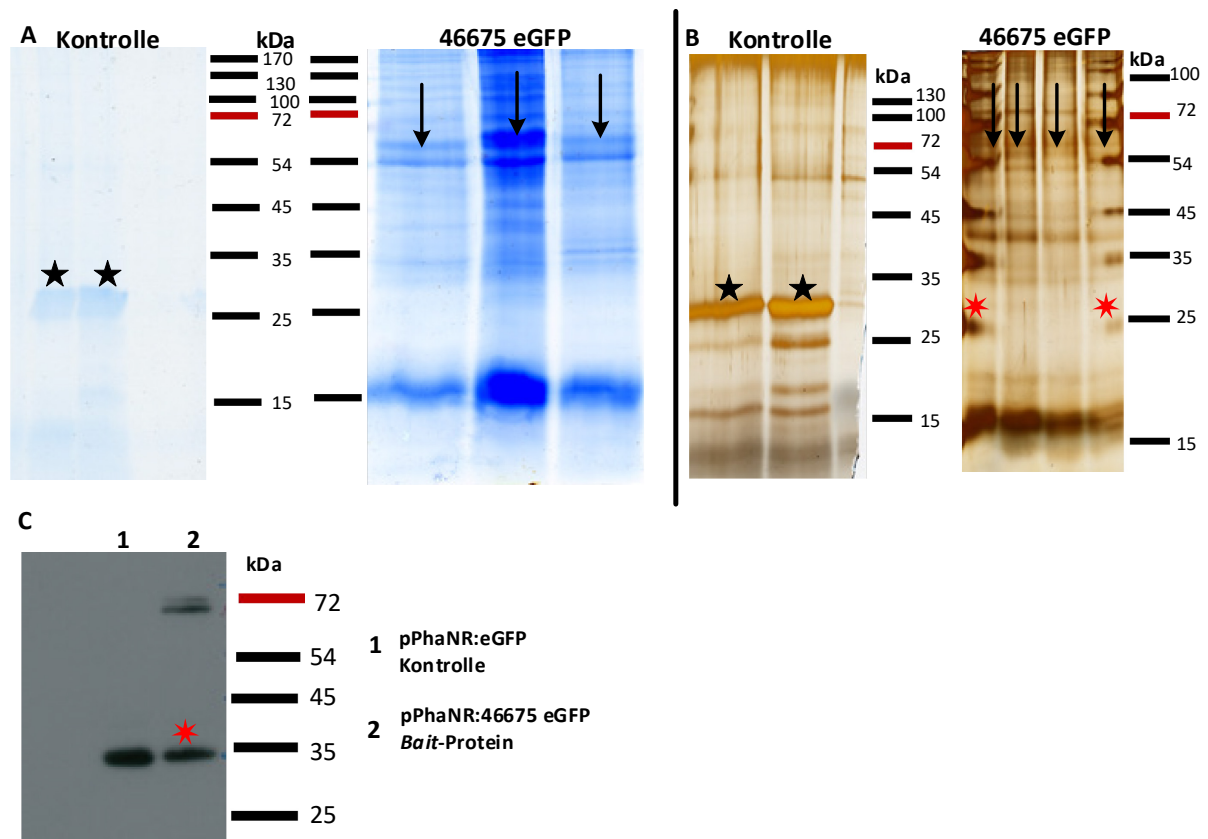


Abbildung 14: Proteobiochemischer Nachweis des Fusionsproteins ID 46675eGFP. **A.** InstantBlue®-Färbung (12,5 %iges SDS-Gel mit je 50 µl Eluat beladen): Banden der Kontrolle (zytosolisches eGFP, Stern) sind nur schwach, Banden für das Protein ID 46675 eGFP sind signifikant stärker erkennbar (markiert mit Pfeilen) **B.** Silbernitratfärbung (12,5 %iges SDS-Gel mit je 50 µl Eluat beladen): Beide Färbemethoden weisen die zu erwartenden Banden von 27 kDa (eGFP, Stern) und 63 kDa (46675 eGFP, Pfeile) auf. **C.** Immunodetektion des Fusionsprotein mit GFP-Antikörper: Verifikation, dass es sich um die exprimierten Proteine handelt. Die detektierten Banden entsprechen den zu erwartenden Molekulargewichten (1= eGFP: 27 kDa 2= 46675 eGFP: 63 kDa). Die zusätzliche Bande beim *bait*-Protein von ca. 30 kDa (roter Stern) entspricht vermutlich abgespaltenen eGFP-Protein.

Da die visualisierten Gelbanden der InstantBlue®-Färbung relativ schwach zu erkennen waren (Kontrolle, Abbildung 14, (A)) und die Auftrennung zu einem korrekten Ausschneiden einzelner Gelbanden des *bait*-Proteins nicht ausreichend war, wurden jeweils Eluate der Kontrolle und dem *bait*-Protein ID 46675 eGFP massenspektrometrisch (LC-MS) analysiert. Nach dem Abgleich der Analysen (*scaffolds*) der detektierten Peptide von Kontrolle (zytosolisches eGFP) und dem *bait*-Protein (46675 eGFP), wurden lediglich exklusive Peptide des *bait*-Proteins mit mindestens zwei Peptid-Treffern (*hits*) als signifikantes Ergebnis gewertet. Peptide, welche auch in der Kontrollfraktion (zytosolisches eGFP) detektiert worden sind, wurden aufgrund potenzieller unspezifischer Interaktionen zwischen eGFP und Proteinen als Artefakt gewertet.

Die verbliebenen Proteine wurden nach Vorhandensein eines Signalpeptids und konservierten Domänen mittels diverser Algorithmen überprüft (LC-MS Daten siehe *eGFP-pulldown* mit dem Fusionsprotein ID 46675eGFP, Internetanwendungen siehe Tabelle 15). Die grafische Auswertung der Proteine nach möglichen vorhandenem Signalpeptid ist in Abbildung 15 als Diagramm dargestellt.

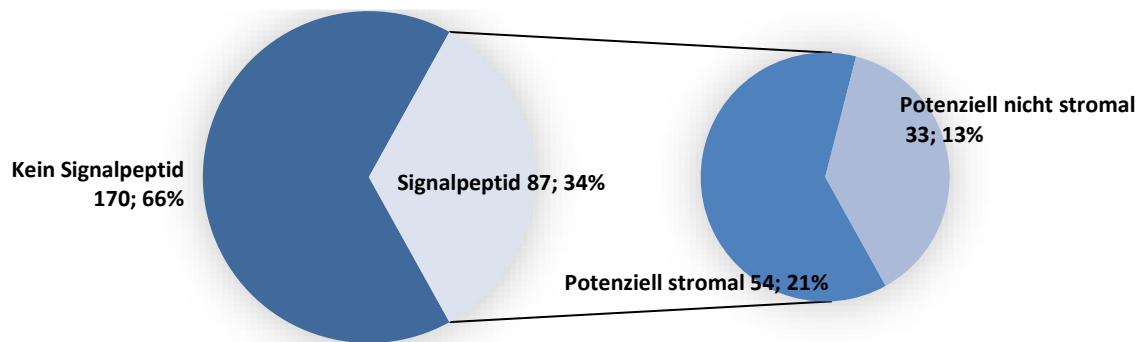


Abbildung 15: In silico Screening nach Signalpeptiden - eGFP-pulldown mit bait-Protein ID 46675eGFP. Potenziell stromal: +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid ist eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin **Potenziell nicht stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid jede andere Aminosäure.

Insgesamt wurden 257 Peptide exklusiv im Eluat des *bait*-Fusionsproteins ID 46675eGFP durch LC-MS detektiert. Für mehr als die Hälfte dieser detektierten Peptide, also 66 % bzw. 170 dieser Proteine, wurde kein potenzielles Signalpeptid vorhergesagt. Von den verbliebenen 87 Proteinen wurden für 33 Proteine eine potenzielle nicht stromale Zielsteuerungssequenz (BTS, erste Position nach dem Signalpeptid ist keine aromatische Aminosäure oder ein (Iso-)Leucin) und für die restlichen 21 % eine potenzielle stromale BTS detektiert.

Von den 257 nach konservierten Domänen überprüften Proteinen wird für ein Viertel aller Proteine keine konservierte Domäne vorhergesagt (66 Peptide, siehe Abbildung 16). Jeweils 2 % der Peptide werden mit Domänen unbekannter Funktionen (DUF)¹³ oder als *DnaJ-class molecular* Chaperon mit einer C-Terminalen Zinkfinger-Domäne annotiert. Mit fast gleichen Anteilen von je 22 % bzw 21 % wird für die detektierten Peptide eine enzymatische Funktion (z. B. Oxidoreduktasen, Transferasen, Hydrolasen) oder eine funktionelle Domäne des vesikelmedierten Transports, der Fotosynthese oder TPR-/WD40-/PPR-Proteinmotive vorhergesagt. Die restlichen Proteine (28 %) besitzen vorhergesagte potenzielle ribosomale oder DNA-bindende Domänen (siehe DNA, RNA relevante Proteine und Enzyme, 28 %). Weiterhin wurden bereits identifizierte ERAD- und SELMA-Komponenten und ein von Dr. Simone Stork identifiziertes *mitochondrial carrier* Protein (MCP 7, ID 35625) ebenfalls massenspektrometrisch detektiert (vgl. Dissertation von (Stork 2013a)). Eine Übersicht der detektierten ERAD-, SELMA und anderer Komponenten findet sich in Anhang 5.4.1 Identifizierte ERAD-/SELMA-Komponente durch eGFP-pulldown mit dem PPC-TPR-Protein ID 46675eGFP. Zwischen den Wirt- und Symbiont-spezifischen Komponenten konnte mithilfe der UniProt-Identifikationsnummer unterschieden werden (zum Beispiel für die Wirts- und Symbionten-spezifischen Versionen des *heat shock* Proteins hHsp70/sHsp70).

¹³ DUF = 3584, 2046, 342, 1995, 4209, 1499

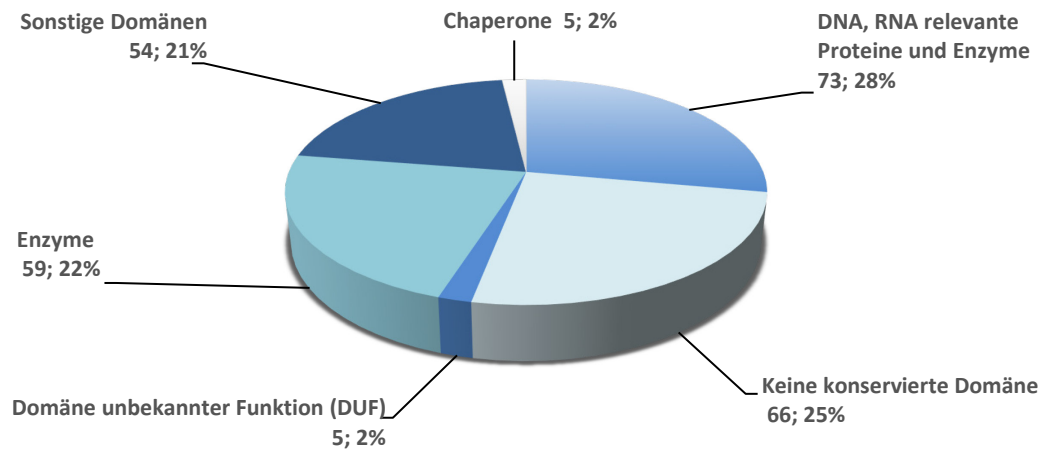


Abbildung 16: *In silico* Analyse nach konservierten Domänen der detektierten Peptide der LC-MS des durchgeführten eGFP-pulldown mit dem Fusionprotein ID 46675eGFP.

Für Lokalisationsstudien wurden insgesamt acht Proteine mit Domänen unbekannter Funktion (DUF), keinen ersichtlichen konservierten Domänen oder einer Annotation als molekulares DnaJ-Chaperone ausgewählt (siehe Tabelle 32). Durch die LC-MS detektiert wurde auch das TPR-Protein mit vorhergesagter DnaJ-Domäne [ID 44959](#). Dieses Protein wurde im Zuge der *in silico* Analysen zu TPR-Proteindomänen, als sequenzähnliches TPR-Protein aus Apicomplexa in *P. tricornutum* und in der LC-MS-Analyse der Blue Native PAGE des SELMA-Komplexes jeweils identifiziert. Die Lokalisation des Fusionsproteins ID 44959eGFP erfolgte *in vivo* durch die Identifikation von TPR-Proteinen (mutmaßlich PPC, siehe Abbildung 12).

Von den acht ausgewählten Kandidaten wurden alle Gene in voller Länge mit dem Expressionsplasmid pPhaNR ligiert, für drei Proteine konnte eine erfolgreiche Transfektion der Diatomee *P. tricornutum* verzeichnet werden ([ID 37837](#), [ID 43727](#), [ID 44959](#), blaue Markierung in Tabelle 32, Lokalisationen siehe Abbildung 17). Alle drei lokalisierten Fusionsproteine ([ID 37837eGFP](#), [43727eGFP](#), [44959eGFP](#)) zeigen eine mögliche PPC-Lokalisation mit dem typischen *blob*-artigen Fluoreszenzmuster (siehe Abbildung 17, A-C). Das Protein [ID 43727](#) wird als lösliches Protein (TMHMMv.2.0) mit potenziellem Transitpeptid für Chloroplasten vorhergesagt (TargetPv.1.1). Folgend den Vorhersagen von Phyre² handelt es sich möglicherweise um ein Membranprotein (vier TMDs) mit möglicher Transferase- oder Hydrolase-Aktivität.

Tabelle 32: *In vivo* Lokalisations-Kandidaten aus dem eGFP-pulldown mit dem bait-Fusionsprotein ID 46675eGFP. Die blau unterlegten Zeilen markieren die lokalisierten Fusionsproteine. Legende: TMD: Transmembrandomänen mittels TMHMMv.2.2 Pred. Lok: vorhergesagte Lokalisation von TargetPv.1.1 DUF: Domäne unbekannter Funktion S: *secretory pathway* FL: *full length* o. SP: ohne Signalpeptid mTP: *mitochondrial transit peptide* cTP: *chloroplast transit peptide* Other: *any other location*

Protein-ID	Domäne (NCBI BlastP)	Signalpeptid	TMD	pred. Lok
37837	-	CEA-GW ¹⁴ , FKM-EC ¹⁵	0	S (FL), Other (o. SP)
43494	-	ASA-DN ¹⁶	0	S (FL), Other (o. SP)
43598	DUF 5401	SAA-AW ¹⁴ , AAA-WL ¹⁵	1	mTP (FL), cTP (o. SP)
43727	DUF 599	AIA-GF ¹⁶	0	cTP (FL, o.SP)
44821	-	ASG-RH ¹⁴ , AAA-SG ¹⁵	1	mTP (FL), Other (o. SP)
44959	DnaJ-class molekulares Chaperon mit TPR-Motiv	ALC-QH ¹⁴ , VHA-AA ¹⁵	0	mTP (FL), Other (o. SP)
46917	-	TNG-RV ¹⁴ , ASA-FA ¹⁵	0	SP (FL), Other (o. SP)
47363	-	ATG-MV ¹⁴ , VTS-DV ¹⁵	0	cTP (FL), Other (o. SP)

Die Membranintegrität der potenziellen Transferase/Hydrolase [ID 43727](#) wird durch eine durchgeführte Karbonatextraktion bestätigt (siehe Signal von ca. 61 kDa (inklusive eGFP) in Abbildung 17, D). Demnach könnte es sich entsprechend dem Fluoreszenzmuster auch um ein PPM-integriertes Protein handeln. Eine Plastidenlokalisierung wurde durch von Dr. Thomas Heimerl angefertigte TEM-Aufnahmen verifiziert. Das Fusionsprotein [43727eGFP](#) wird vor allem im äußeren Plastidenbereich nachgewiesen. Aufgrund der eng anliegenden Plastidenmembranen ist eine weitere Diskriminierung zwischen den Plastiden-Kompartimenten anhand der elektronenmikroskopischen Aufnahmen allerdings nicht möglich. Eine der erstellten TEM-Aufnahmen ist in Abbildung 17 (E) gezeigt.

Bei dem lokalisierten Fusionsprotein [ID 37837eGFP](#) handelt es sich möglicherweise um ein lösliches Protein im PPC, mit nach Phyre² vorhergesagter unbekannter Funktion (DUF 4468, Phyre²). Die Lokalisation des Proteins unbekannter Funktion zeigt Abbildung 17 (A).

Für die beiden Proteine [ID 37837](#) sowie [ID 44959](#) werden ohne Signalpeptid keine spezifischen Zielsteuerungssequenzen vorhergesagt. Für das Protein [ID 44959](#) (in voller Länge) wird ein potenzielles mitochondrielles Transitpeptid durch TargetP detektiert. Die Lokalisation des eGFP-Fusionsprotein zeigt jedoch keine typische mitochondrielle Fluoreszenz, sondern eine mögliche PPC-Lokalisation (vgl. Lokalisation von [ID 47492](#) in Abbildung 12).

¹⁴ Vorhersage mit SignalPv.3.0

¹⁵ Vorhersage mit Phobius

¹⁶ Gleiche Vorhersage mit SignalPv.3.0 und Phobius

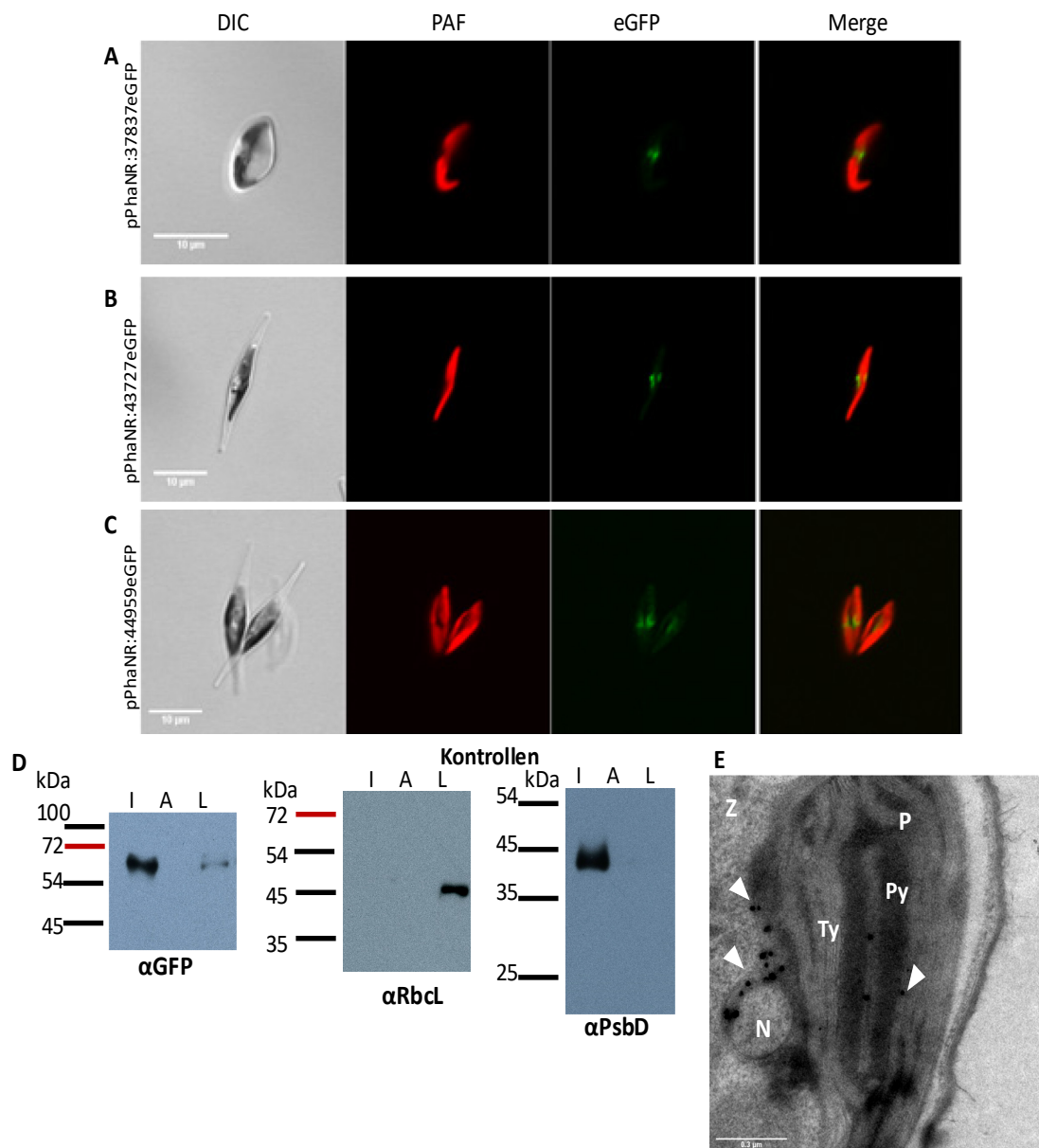


Abbildung 17: In vivo Lokalisationen ausgewählter Fusionsproteine aus dem pull-down mit TPR-ID 46675 eGFP. A. Mutmaßliche PPC-Lokalisation von Fusionsprotein ID 37837eGFP (ovoider Morphotyp von *P. tricornutum*) **B.** Mögliche PPC-Lokalisation von Fusionsprotein ID 43727eGFP **C.** Potenzielle PPC-Lokalisation von eGFP-Fusionsprotein ID 44959 **D.** Karbonatextraktion ID 43727eGFP: Das Protein wird mit dem GFP-Antikörper bei ca. 62 kDa in der integralen Fraktion signifikant und schwächer in der löslichen Fraktion nachgewiesen. Die große Untereinheit von Rubisco (Rbcl, löslich) und PsbD (integral) dienen als Kontrollen. **E:** TEM-Aufnahme des Proteins ID 44959eGFP: Das Protein lässt sich durch Immunogold-Markierung vor allem in der Peripherie der Plastide nachweisen. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein Merge: Overlay eGFP/PAF* I: integral A: assoziiert L: löslich Z: Zytosol Py: Pyrenoid Ty: Thylakoide P: Plastide N: Nukleus

Durch den *pull-down* mit dem Fusionsprotein ID 46675 eGFP wurde auch ein *mitochondrial carrier* Protein (MCP7, ID 35625) detektiert, welches durch Dr. Simone Stork¹⁷ in der komplexen Plastide mutmaßlich in der zweiten Plastidenmembran (PPM) identifiziert wurde. Da für das Protein ID 46675 neben dem TPR-Proteinmotiv ebenfalls eine TOM70-Domäne detektiert wird (NCBI BlastP, siehe Abbildung 18), wurden das in der LC-MS detektierte Protein MCP7 sowie zwei weitere von Dr. Simone Stork identifizierte MCPs

¹⁷ Bei den lokalisierten MCPs handelt es sich um unveröffentlichte Daten von Dr. Simone Stork

(MCP3/ID 40221, MCP2/ID 41519) auf potenzielle Interaktion mit dem mutmaßlich im PPC identifizierten TPR-Protein ID 46675 getestet.

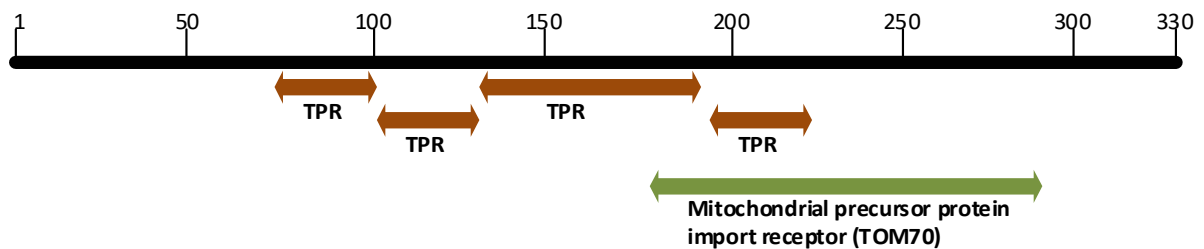


Abbildung 18: Vorhergesagte, konservierte Domänen von ID 46675 – Schema. Das Protein verfügt über vier potenzielle TPR (braune Pfeile) sowie eine TOM70-Domäne (grüner Pfeil) am N-Terminus.

Weiterhin wurden die PPC-Proteine sHsp70 und sCdc48-1, das stromale Protein sAtpc (stromaler ATP *synthase epsilon chain*) und das PPM-Protein sDer1-1 (SELMA-Komplex) für Interaktionsstudien *via* Split-GFP (Methode siehe 2.2.3.16 *In vivo* Interaktionsstudien mittels BiFC) ausgewählt. Die Lokalisationen von MCP2, MCP3 und MCP7 von Dr. Simone Stork sowie sDer1-1 von Dr. Franziska Hempel sind in Anhang 5.4.2 gezeigt. Für das Split-GFP System wurden die Interaktionspartner in voller Länge N-terminal mit dem N-terminalen eGFP-Fragment (N-GFP), das zu testende Protein ID 46675 N-terminal mit dem C-terminalen eGFP-Fragment (C-GFP) fusioniert. Klone der jeweiligen Interaktionspartner wurden einerseits *via* Kolonie-PCR getestet und andererseits am KLSM auf eGFP-Fluoreszenz überprüft.

Abbildung 19 zeigt die detektierten eGFP-Fluoreszenzen der Interaktionspartner MCP7 N-GFP:46675 C-GFP (A), MCP3 N-GFP:46675 C-GFP (B) und sDer1-1 N-GFP:46675 C-GFP (C). Für diese drei getesteten Interaktionspartner kann ein PPC-/PPM-typisches Fluoreszenzmuster am KLSM detektiert werden. MCP7 wird *via* LC-MS des *pull-down* detektiert, sodass in Anbetracht der LC-MS-Ergebnisse sowie der Split-GFP detektierten eGFP-Signale eine Interaktion zwischen MCP7 und dem TPR ID 46675 postuliert werden kann. MCP3 wird durch die LC-MS nicht nachgewiesen, jedoch eine eGFP-Fluoreszenz für das Split-GFP-Konstrukt detektiert (siehe Abbildung 19, B). Auch hier ist eine Interaktion der getesteten Proteine wahrscheinlich.

Ebenfalls positiv getestet wurde die Interaktion zwischen dem membranständigen und möglichen SELMA-Translokator sDer1-1 N-GFP und 46675 C-GFP. Die Fluoreszenzmuster der transgenen Zellen zeigen die für PPM-Proteine typischen GFP-Fluoreszenz, welche sich auf einen mittigen Punkt in der komplexen Plastide beschränken („blob“, siehe Abbildung 19, C). Das sDerlin-Protein wurde während der massenspektrometrischen Analyse nicht detektiert.

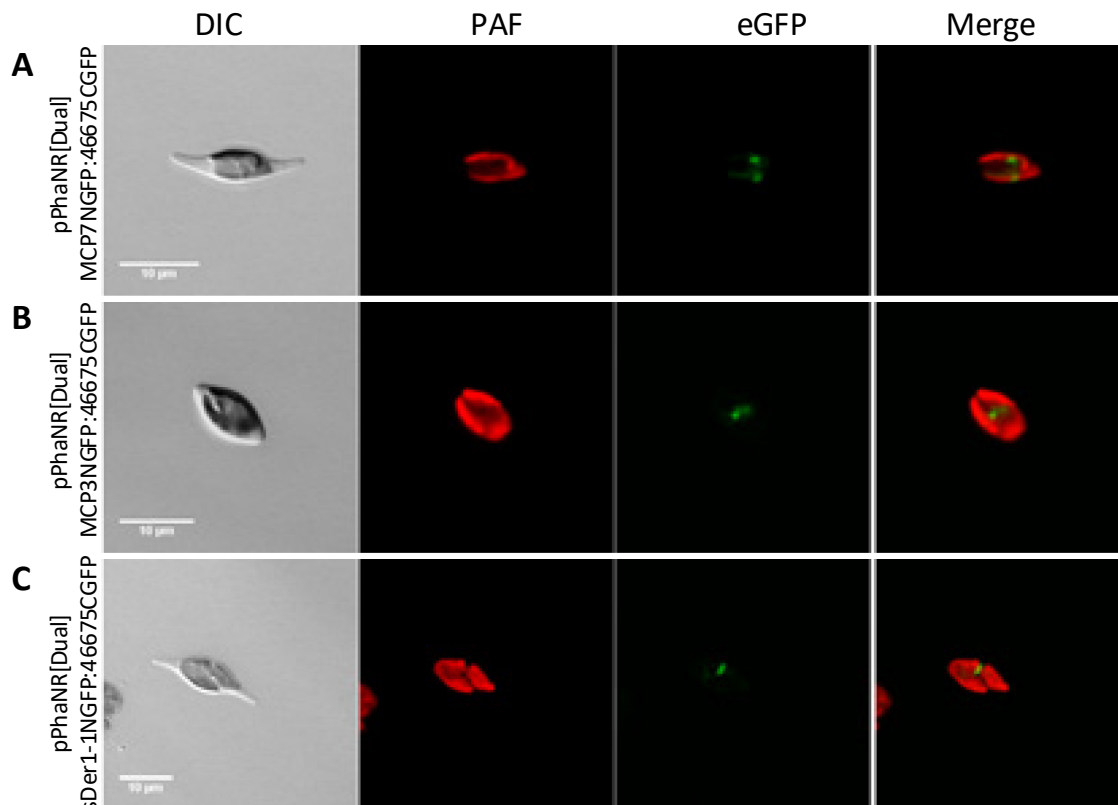


Abbildung 19: *In vivo* Interaktionsstudien von TPR-Protein ID 46675, MCPs und sDer1-1. **A.** Interaktion zwischen MCP7 N-GFP und 46675 C-GFP: Beide Proteine interagieren miteinander. **B.** Interaktion zwischen MCP3 N-GFP und 46675 C-GFP (ovoider Morphotyp von *P. tricornutum*), detektiert durch eGFP Signale. **C.** Interaktion mit sDer1-1 N-GFP: Zwischen dem PPM-Protein sDer1-1 und dem TPR-Protein 46675 N-GFP liegt eine Interaktion vor. **Legende:** **DIC:** Differenzieller Interferenzkontrast **PAF:** Plastidenautofluoreszenz **eGFP:** *enhanced green fluorescent protein* **Merge:** *Overlay eGFP/PAF*

Die Klone der Interaktionspartner 46675 C-GFP:sAtpc N-GFP, 46675 C-GFP:sCdc48-1 N-GFP und 46675 C-GFP:sHsp70 N-GFP weisen positive Ergebnisse der Kolonie-PCR auf, es konnte jedoch keine eGFP-Fluoreszenz am KLSM detektiert werden (siehe Abbildung 52 im Anhang 5.4.3). Die löslichen Symbiont-spezifische PPC-lokalisierte AAA⁺ ATPase sCdc48-1, das Protein sHsp70 und sAtpC wurden beim *pulldown* massenspektrometrisch erfasst.

3.1.2 *In silico* Identifikation von Proteinen mit WD40-Proteindomäne

Für die Suche nach Proteinen mit einer annotierten WD40-Proteindomäne wurden die *P. tricornutum*-Genomdatenbanken von JGI und EnsemblProtists verwendet. Doppelte Proteinsequenzen wurden aussortiert und anschließend erfolgte eine *in silico* Analyse nach Vorhandensein eines Signalpeptid und konservierten Protein-Domänen (siehe Tabelle 15: Internetanwendungen). Die erzielten Ergebnisse des *Screenings* nach Proteinen mit WD40-Proteindomäne zeigen die Diagramme in Abbildung 20 und Abbildung 21.

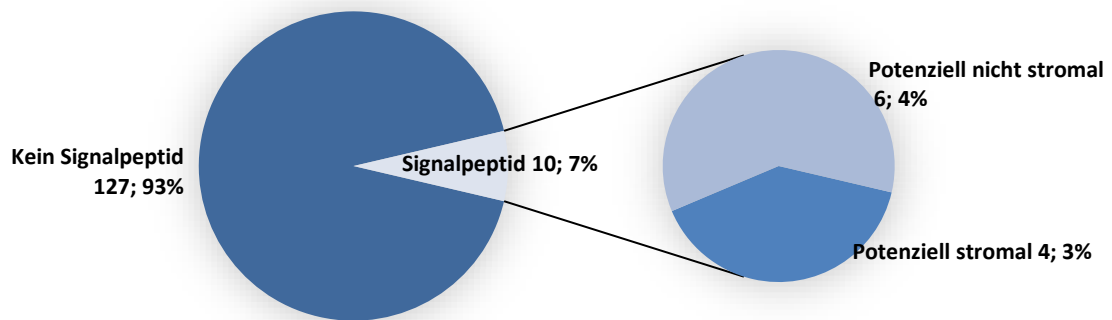


Abbildung 20: In silico Screening nach WD40-Proteinen auf Vorhandensein eines Signalpeptid. **Potenziell stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid ist eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin **Potenziell nicht stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid jede andere Aminosäure.

Insgesamt wird für 93 % der 137 in den Genomdatenbanken als WD40-annotierte Proteine kein Signalpeptid vorhergesagt. Von den zehn Proteinen mit detektierten Signalpeptid besitzen sechs Proteine eine als potenziell nicht stromale bzw. vier als potenziell stromale (+1 Position nach dem Signalpeptid aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin) gewertete BTS.

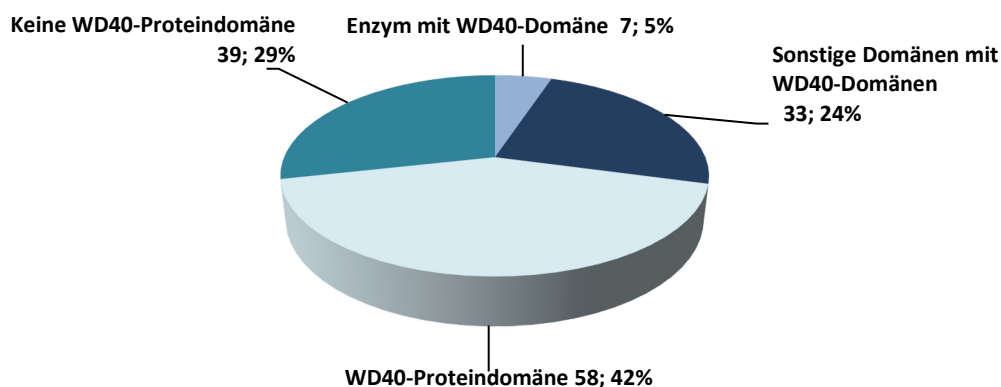


Abbildung 21: In silico Screening nach konservierten Domänen – WD40-Proteine. Verteilung der Domänen von Proteinen mit und ohne Signalpeptid.

Von insgesamt 137 überprüften, als WD40-annotierten Proteinen werden sieben (5 %) Kandidaten als Enzym mit WD40-Domäne und 33 als Protein mit WD40-Motiv mit zusätzlicher sonstiger funktioneller Domäne vorhergesagt (siehe Abbildung 21). Als sonstige Domänen werden Domänen wie Domänen unbekannter Funktion (DUF), BEACH-PH-like Utp3 oder Vps8/Clathrin zusammengefasst. Weiterhin besitzen 29 % Proteine keine konservierte WD40-Proteindomäne und 42 % ein WD40-Proteinmotiv ohne zusätzliche konservierte funktionelle Domäne. Von den sechs Kandidaten mit nicht potenzieller stromaler Zielsteuerungssequenz (+1 Position keine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin) wurde aufgrund der Domänen-Vorhersagen nur ein Kandidat ausgewählt (siehe Tabelle 33).

Tabelle 33: *In vivo* Kandidat mit WD40-Domäne. Legende: Pred. Lok: Vorhergesagte Lokalisation mit TargetPv.1.1 **TMD:** Transmembrandomänen nach TMHMMv.2.0 **FL:** *full length* **S:** *secretory pathway* **o.** **SP:** ohne Signalpeptid **mTP:** *mitochondrial transit peptide*

Protein-ID	Domäne NCBI BlastP	Signalpeptid	TMD	pred. Lok
36668	WD40-Superfamilie	ASA-RP ¹⁸ , VRA-SA ¹⁹	0	mTP (FL, o. SP)

3.1.2.1 *In vivo* Lokalisation eines Proteins mit WD40-Domäne in *P. tricornutum*

Von 137 Kandidaten wurde aufgrund der vorab definierten Kriterien ein Protein für die Lokalisation im Modellorganismus *P. tricornutum* ausgewählt. Das Fusionsprotein ID 36668eGFP weist eine mutmaßliche ER-Lokalisation/ Lokalisation des sekretorischen Weges auf (siehe Abbildung 22).

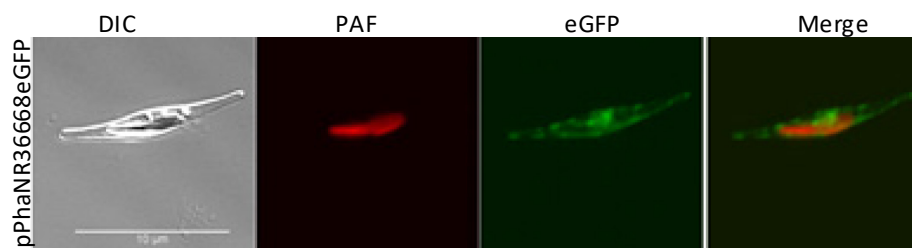


Abbildung 22: *In vivo* Lokalisation des WD40-Fusionsprotein ID 36668eGFP. Das Fusionsprotein lokalisiert vermutlich im ER. **Legende: DIC:** Differenzieller Interferenzkontrast **PAF:** Plastidenautofluoreszenz **eGFP:** *enhanced green fluorescent protein* **Merge:** *Overlay eGFP/PAF.*

Das Protein wird als lösliches Protein mit potenziellem mitochondriellen Transitpeptid vorhergesagt (TMHMMv.2.0, TargetPv.1.1). Nach einer Vorhersage des Phyre²-Algorithmus handelt es sich möglicherweise um ein lösliches Transportprotein oder einem Protein des *apoptosome-procaspase 9 complex*. Das erkennbare Fluoreszenzmuster entspricht einer Lokalisation des ER bzw. des sekretorischen Weges und würde der funktionellen Vorhersage von Phyre² entsprechen. Aufgrund der mutmaßlichen ER-Lokalisation wurden keine weiteren Interaktionsstudien durchgeführt.

3.2 Identifikation von Apicomplexa-sequenzähnlichen Proteinen

3.2.1.1 *In silico* Identifikation von sequenzähnlichen Proteinen aus *Plasmodium falciparum* und *Plasmodium malariae*

Bei der *in silico* Suche nach sequenzähnlichen Proteinen aus *Plasmodium falciparum* 3D7 und *Plasmodium malariae* in der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* wurde die Genomdatenbank PlasmoDB nach den Annotationen „WD40“, „TPR“ bzw. „*Tetatricopeptide repeat*“ sowie „Apicoplast“ für *P. falciparum* 3D7 sowie *P. malariae* gefiltert. Analog zu den anderen durchgeführten *in silico* Analysen wurden die gleichen definierten Kriterien angewandt (Signalpeptid, keine potenzielle stromale Zielsteuerungssequenzen, Annotationen wie Enzyme, Transkriptionsfaktoren o. ä. führten zum Ausschluss für Lokalisationsstudien).

¹⁸ Vorhersage mit SignalPv3.0

¹⁹ Vorhersage mit Phobius

Tabelle 34 fasst die ausgewählten Proteine für die Lokalisationsstudien in *P. tricornutum* zusammen. Da bei den durchgeführten Analysen nach Apicomplexa-Homologen hauptsächlich die gleichen konservierten Domänen der Proteine detektiert wurden (z. B. ribosomale Untereinheit, Dehydrogenase) sind keine Diagramme zur Übersicht erstellt worden.

I) Identifikation von sequenzähnlichen Proteinen mit WD40-Domäne:

Die Suche nach sequenzähnlichen Proteinen mit WD40-Domäne resultierte in 97 gefundenen Proteinmodellen von *P. malariae* in *P. tricornutum*. Nach der Überprüfung der Genmodelle sowie gegebenenfalls vorgenommenen Korrekturen der acht gefundenen sequenzähnlichen Proteine, wurden diese auf potenzielle Signalpeptide untersucht. Zwei dieser acht Proteine weisen nach der Analyse mittels NCBI BlastP eine annotierte WD40-Domäne auf. Ein Protein (ID 47965) wird aus der weiteren Betrachtung ausgeschlossen, da dieses eine potenzielle stromale Zielsteuerungssequenz (BTS) aufweist (Vorhersage mit Phobius und SignalPv.3.0). Das verbliebene Protein ID 36668 mit WD40-Proteindomäne wurde bereits durch die *in silico* Identifikation von Proteinen mit WD40-Domäne in *P. tricornutum* als eGFP-Fusionsprotein lokalisiert (siehe Abbildung 22). Für *P. falciparum* 3D7 konnten keine WD40-sequenzähnlichen Proteine mit Signalpeptid identifiziert werden.

II) Identifikation von sequenzähnlichen Proteinen mit TPR-Domäne:

Im Zuge der Suche nach sequenzähnlichen Proteinen mit TPR-Domäne aus den Apicomplexa *P. falciparum* 3D7 und *P. malariae* wurden 402 Proteine (*P. malariae*: 369, *P. falciparum* 3D7: 121) identifiziert. Von diesen 402 Apicomplexa-Homologen wird für 16 *P. tricornutum*-Proteine ein Signalpeptid vorhergesagt. Davon werden sieben Proteine als potenziell nicht stromal gewertet (erste Position nach dem Signalpeptid keine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin). Von diesen sieben wurden fünf Proteine aufgrund ihrer konservierten Domänen (z. B. DnaJ *class molecular chaperone*) für *in vivo* Lokalisationen ausgewählt (siehe Tabelle 34). Die Proteine ID 44959²⁰ und ID 47492²¹ (nicht in Tabelle 34 aufgelistet) wurden bereits durch die *in silico* Suche in *P. tricornutum* detektiert und lokalisiert (ID 44959: PPC, ID 47492: Mitochondrien, siehe Abbildung 12). Ein weiteres Protein (ID 18036) wurde trotz entsprechender Kriterien nicht für weitere Analysen betrachtet, da es am C-Terminus ein KXEL-Zielsteuerungsmotiv aufweist und dieses eine ER-Lokalisation wahrscheinlich macht (Emanuelsson et al. 2007).

III) Identifikation von sequenzähnlichen Apicoplast-Proteinen in *P. tricornutum*:

Für die *in silico* Identifikation nach sequenzähnlichen Apicoplast-Proteinen aus *P. malariae* sowie *P. falciparum* 3D7 in *P. tricornutum* wurden für insgesamt 812 von *P. falciparum* 3D7 und *P. malariae* untersuchten Proteinsequenzen, 42 Orthologe in der Diatomee *P. tricornutum* gefunden. Davon werden für 15 Proteine kein und für 27 Proteine ein mutmaßliches Signalpeptid detektiert. Von diesen mit einem

²⁰ *P. falciparum* 3D7: PF3D7_0201800.1-p1; *P. malariae*: PmUG01_12081300.1-p1

²¹ *P. falciparum* 3D7: PF3D7_1434300.1-p1 *P. malariae*: PmUG01_13026000.1-p1

Signalpeptid vorhergesagten Proteinen werden fünf Proteine als mit potenzieller stromaler BTS (+1 Position nach dem Signalpeptid eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin) und 22 Proteine als mit potenzieller nicht stromaler Zielsteuerungssequenz gewertet. Von den *in silico* Suchen nach TPR-, WD40- und Apicoplast-Homologen mit nicht potenzieller stromaler BTS wurden vier Proteine ([ID 39554](#), [ID 32487](#), [ID 42126](#), [ID 43933](#)) unter Berücksichtigung ihrer vorhergesagten konservierten Domänen ausgewählt und lokalisiert (siehe Tabelle 34). Die Protein-Identifikationsnummer aus PlasmoDB der jeweiligen Proteinsequenz ist im Anhang 5.5 vermerkt.

Tabelle 34: *In vivo* Kandidaten sequenzähnlicher Apicomplexa-Proteine in *P. tricornutum*. Legende: TMD: Transmembrandomänen mit TMHMMv.2.0 pred. Lok.: vorhergesagte Lokalisation mit TargetPv.1.1 S: secretory pathway FL: full length o. SP: ohne Signalpeptid cTP: chloroplast transit peptide mTP = mitochondrial transit peptide Other: any other location

Protein-ID	Domäne NCBI BlastP	Signalpeptid	TMD	pred. Lok
32487	Keine	TEA-TF ²² , VSA-VP ²³	1	cTP (FL), mTP (o. SP)
39554	Keine	ATA-VD ²⁴	0	SP (FL), Other (o. SP)
42126²⁵	ER-Lumen Protein <i>Retaining Receptor</i>	KNA-QG ²² , RVA-KN ²³	4	SP (FL, o. SP)
43933	DnaJ <i>Domain</i>	SRS-RE ²⁴	0	mTP (FL), Other (o. SP)

3.2.1.2 Lokalisation von sequenzähnlichen Proteinen mit TPR-/WD40-Domänen aus *P. falciparum* 3D7 und *P. malariae* in *P. tricornutum*

Von den sechs ausgewählten Kandidaten konnten alle eGFP-Fusionsproteine in voller Länge *in vivo* in der Diatomee *P. tricornutum* lokalisiert werden. Die zwei eGFP-Fusionsproteine ID 44959 und ID 47492 wurden bereits durch vorherige Ansätze lokalisiert (siehe Abbildung 12). Die Lokalisationen der restlichen vier Fusionsproteine aus Tabelle 34 sind in Abbildung 23 (A-D) dargestellt.

Das Protein [ID 32487](#) verfügt über keine durch NCBI BlastP detektierbare konservierte Domäne und wird als Membranprotein (eine Transmembrandomäne) vorhergesagt. Phyre² detektiert für das Fusionsprotein [ID 32487eGFP](#) eine mögliche Hydrolase oder Hydrolase-Inhibitor-Funktion mit ebenfalls einer Transmembrandomäne. Die in Abbildung 23 (A) gezeigte Lokalisation könnte eine mögliche cER-Lokalisation darstellen. Eine cER-Lokalisation wird durch „wolkenartige“ Akkumulationen des eGFP-Fluoreszenzmusters neben der Plastide mit teilweiser Überlagerung mit der Plastidenautofluoreszenz angedeutet. Manchmal zeigt sich daneben auch eine cER-Lokalisation mit eGFP-Fluoreszenz mit zusätzlichen partiellen ER-Mustern. Eine weitere Verifikation der Lokalisation ist ausstehend.

Für das Protein [ID 39554](#) werden durch NCBI BlastP keine konservierte Domäne und durch TMHMMv.2.2 keine Transmembrandomäne detektiert. Phyre² annotierte das Protein als mögliche Oxidoreduktase. Die

²² Vorhersage mit SignalPv.3.0

²³ Vorhersage mit Phobius

²⁴ Gleiche Vorhersage mit SignalPv.3.0 und Phobius

²⁵ Homologe: ID 13900, 37518, 14136, 14076, 6074, 6241, 6240

gezeigte eGFP-Fluoreszenz des Fusionsproteins 39554eGFP (Abbildung 23, B) könnte eine PPC- oder PPM-Lokalisation zeigen, da eine dafür typische *blob-like structure* vorliegt. Ebenfalls denkbar ist eine cER-Lokalisation, da sich das eGFP-Fluoreszenzmuster zusätzlich entlang der Plastide ausdehnt. Demnach könnte das Apicomplexa-Protein ID 39554 aus *P. falciparum* 3D7 bzw. *P. malariae* in *P. tricornutum* in PPC/PPM oder cER lokalisiert sein. Eine durchgeführte Karbonatextraktion identifiziert das Fusionsprotein 39554eGFP als Membranprotein mit einem errechneten Molekulargewicht von 57 kDa (inkl. eGFP, siehe Abbildung 23, E). Die durchgeführten Kontrollen für lösliche Proteine (große Untereinheit des löslichen Proteins Rubisco, RbcL) und die Kontrolle der integralen Proteinen (PsbD) weisen ebenfalls die zu erwartenden Molekulargewichte auf und werden in den jeweiligen Fraktionen durch die spezifischen Antikörper detektiert. Unter Berücksichtigung von Karbonatextraktion und gezeigter eGFP-Fluoreszenz kommt demnach eine Lokalisation in PPM oder der (c)ER-Membran in Betracht.

Für das als ER-Lumen Protein *retaining receptor*²⁶ annotierte Protein mit der ID 42126 werden vier (TMHMMv.2.0) bzw. sieben (Phyre²) Transmembrandomänen vorhergesagt und eine Lokalisation im sekretorischen Weg. Das Fluoreszenzmuster des eGFP-Fusionsprotein in Abbildung 23 (C) zeigt eine eGFP-Fluoreszenz, welche teilweise mit der Plastidenautofluoreszenz überlagert (schwache Fluoreszenz um die zwei signifikanteren zentralen eGFP-Punkte). Weiterhin sind zwei deutlich erkennbare punktförmige eGFP-Fluoreszenzen erkennbar, welche sich in der Plastidenmitte konzentrieren und aus dieser scheinbar herausragen. Dieses lässt auch eine cER-Lokalisation oder des Golgi-Apparates infrage kommen, weshalb für die weitere Verifizierung der Lokalisation des Fusionsproteins ID 42126eGFP von Dr. Thomas Heimerl elektronenmikroskopische Aufnahmen angefertigt wurden (siehe Abbildung 24, C). Pfeile markieren das Protein einerseits im äußeren Bereich der Plastide und mutmaßlich im Golgi-Apparat.

²⁶ NCBI BlastP, Phyre²

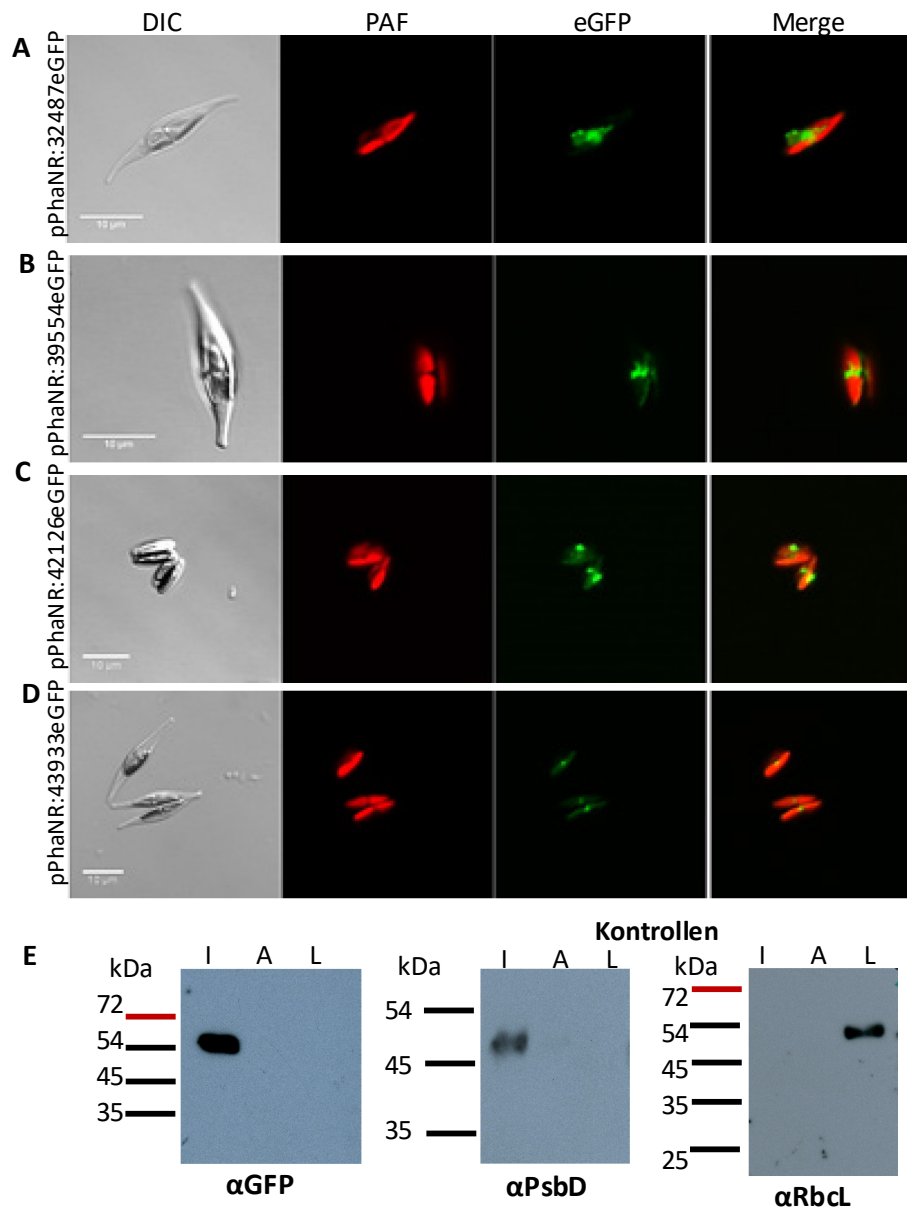


Abbildung 23: *In vivo* Lokalisationen der ausgewählten sequenzähnlichen Apicomplexa-Proteine in der Diatomee *P. tricornutum*. **A.** Mögliche cER-Lokalisation des Fusionsprotein ID 32487eGFP. **B.** Mögliche PPC- oder cER-Lokalisation des eGFP-Fusionsproteins ID 39554. **C.** Mutmaßliche PPC-/cER-Lokalisation des ER-Lumen-Rezeptors (Fusionsprotein ID 42126eGFP). **D.** Mögliche PPC-Lokalisation des potenziellen DnaJ-Chaperon (ID 43933) als eGFP-Fusionsprotein. **E.** Karbonatextraktion Fusionsprotein ID 39554eGFP: Mit dem GFP-Antikörper wird entgegen der Erwartung das Protein mit ca. 54kDa in der integralen Fraktion nachgewiesen. **Legende:** **DIC:** Differenzieller Interferenzkontrast **PAF:** Plastidena autofluoreszenz **eGFP:** *enhanced green fluorescent protein* **Merge:** *Overlay* eGFP/PAF. **I:** integral **A:** assoziiert **L:** löslich **Rbcl:** *large chain of Rubisco*, lösliche Proteine **PsbD:** *photo reaction center protein D*, integrale Proteine

Weiterhin wurden Ko-Lokalisationen mit dem von Dr. Daniel Moog zur Verfügung gestellten Fusionskonstrukt pPhaNr:BTSShsp70mRuby3 und dem möglichen ER-Lumen Rezeptor ID 42126 eGFP durchgeführt. Da durch das Chromophor mRuby3 die Fluoreszenz des Chromophors eGFP angeregt werden kann, wurden zunächst Bilder mit dem für mRuby3 entsprechend eingestellten Laser angefertigt. Dieser wurde ausgeschaltet, um falsch positive Signale von eGFP zu verhindern und im Anschluss mit dem Argon-Laser Bilder für eGFP erstellt (siehe Abbildung 24, A).

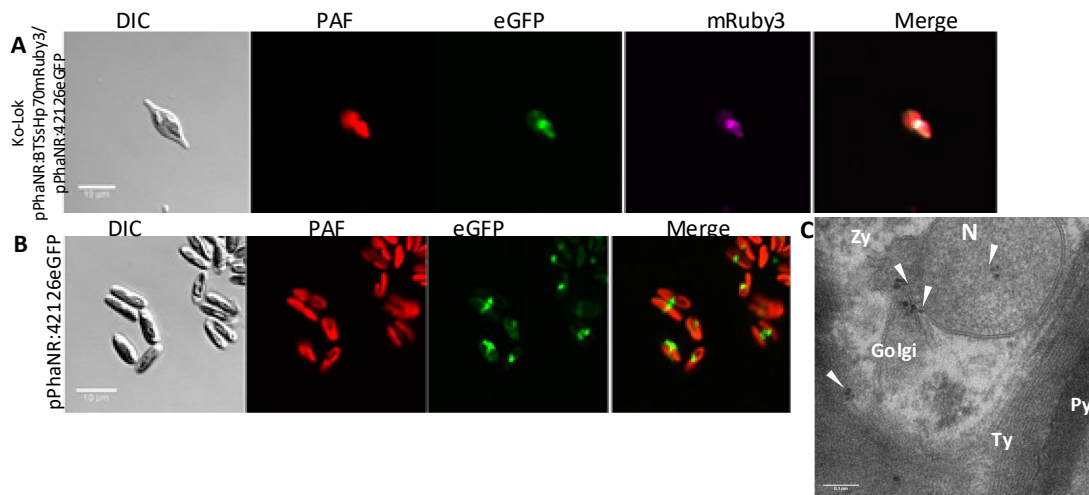


Abbildung 24: Ko-Lokalisation der Fusionsproteine BTSShsp70mRuby3 und 42126eGFP. Weiterhin TEM-Aufnahmen des Fusionsproteins 42126eGFP A. Die Ko-Lokalisation des PPC-Fusionsprotein BTSShsp70mRuby3 (magenta) und dem vorhergesagten KDEL-Rezeptor ID 42126eGFP zeigt eine teilweise Überlappung beider Chromophore, wobei die eGFP-Fluoreszenz signifikanter erscheint und sich mehr um die Plastide ausdehnt. B. Mögliche cER-Lokalisation des eGFP-Fusionsprotein ID 42126 C: TEM: Das Protein ist mittels Immunogold-Markierung im Golgi und äußeren Bereich der komplexen Plastide nachweisbar. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay aus eGFP/PAF/mRuby3 respektive eGFP/PAF in Abbildung B N: Nukleus Ty: Thylakoide Py: Pyrenoid Zy: Zytosol

Als ein weiteres lokalisiertes sequenzähnliches Apicoplast-Protein zeigt das vorhergesagte DnaJ-Chaperon Protein ID 43933 als eGFP-Fusionsprotein eine PPC-typische Lokalisation (*blob-like structure*). Eine Plastidenlokalisierung wird durch von Dr. Thomas Heimerl angefertigte TEM-Bilder bestätigt (siehe Abbildung 25, B). Das Fusionsprotein ID 43933eGFP wird hauptsächlich in der komplexen Plastide nachgewiesen. Weiterhin wird das mögliche Chaperon ID 43933 auch außerhalb der Plastide, möglicherweise an der Zellmembran, in der gezeigten TEM-Aufnahmen nachgewiesen. Die Lokalisation kann jedoch aufgrund der eng aneinander liegenden Plastidenmembranen nicht näher durch elektronenmikroskopische Aufnahmen verifiziert werden. Eine durchgeführte Karbonatextraktion entspricht den Vorhersagen eines löslichen Proteins, sodass eine Zellmembranlokalisierung weiterhin ausgeschlossen werden kann. Gemäß der Erwartung wird das eGFP-Fusionsprotein mittels GFP-Antikörper mit einem Molekulargewicht von etwa 90 kDa ausschließlich in der löslichen Fraktion detektiert (siehe Abbildung 25, C). Die Kontrollen entsprechen ebenfalls den zu erwartenden Molekulargewichten von 54 kDa für α RbcL (löslich) sowie 35 kDa für α PsbD (integral). Für durchgeführte Transfektionen mit SA-GFP-Konstrukten (Topologiebestimmung mit ER-/PPC-Markerproteinen) konnten keine Klone nach dem Partikelbombardment verzeichnet werden. Das Protein ID 43933 wird durch Phyre² als Hsp40 Co-Chaperon vorhergesagt.

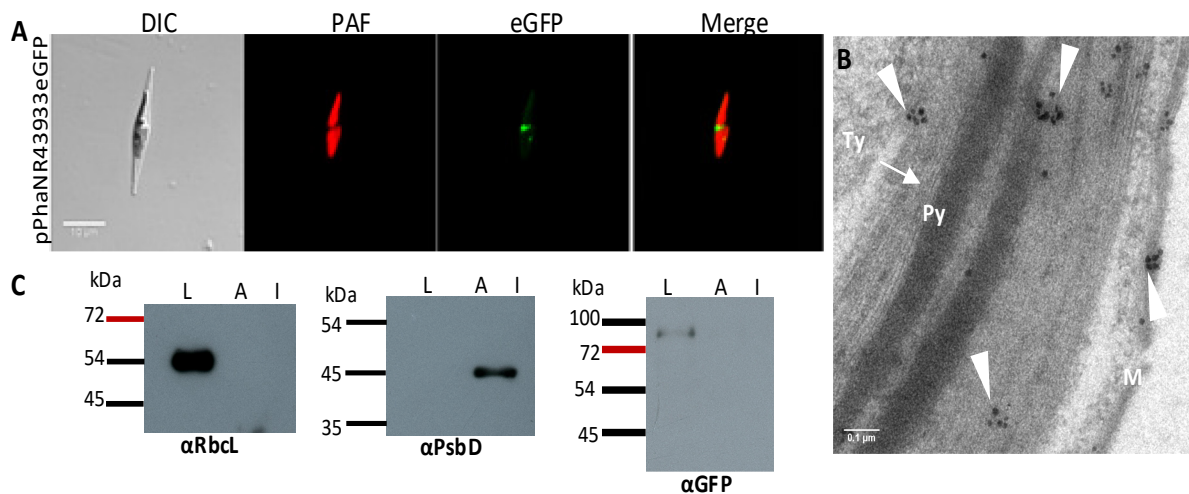


Abbildung 25: *In vivo* Lokalisation, Karbonatextraktion und TEM-Aufnahme des Fusionsprotein 43933eGFP. **A.** Mutmaßliche PPC-Lokalisation von dem Fusionsprotein ID 43933eGFP. **B.** TEM-Aufnahme: Das Fusionsprotein wird innerhalb der Plastide als auch in Nähe der Zellmembran (M) lokalisiert (Pfeile). **C.** Karbonatextraktion: Das eGFP-Fusionsprotein ID 43933 wird ausschließlich in der löslichen Fraktion (ca. 90 kDa, inkl. eGFP) detektiert. Die Kontrollen α RbcL (große Untereinheit von Rubisco, ca. 54 kDa) für die löslichen Proteine und α PsbD (Reaktionsprotein Fotosystem I/II, ca. 35 kDa) für integrale Proteine zeigen den Erwartungen entsprechende Molekulargewichte in den jeweiligen Fraktionen. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay PAF/eGFP Ty: Thylakoide M: Zellmembran Py: Pyrenoid

3.3 Identifikation von lichtregulierten Proteinen

3.3.1.1 *In silico* Identifikation von lichtregulierten Proteinen

Da es sich bei *P. tricornutum* um einen phototrophen Organismus handelt, ist es möglich, dass der unbekannte Importrezeptor abhängig von Licht- und Dunkelrhythmus genetisch hoch bzw. runter reguliert wird. Dieser Hypothese zufolge sind während des Lichtzyklus aufgrund einer höheren Metabolismusrate mehr plastidäre Präproteine in die komplexe Plastide zu importieren und der Importrezeptor müsste entsprechend während des Lichtzyklus genetisch hochreguliert sein (Stork et al. 2012). Daher wurden die Genomdatenbanken der Diatomee *P. tricornutum* nach den hier als lichtregulierten Proteinen benannten Proteinen *gescreent* (verwendete Stichworte siehe Methodenteil 2.2.4.1). Nach Aussortierung doppelter Proteinsequenzen wurden die verbliebenen Genmodelle auf Vollständigkeit bzw. Korrektheit überprüft. Die ggf. korrigierten Proteinsequenzen wurden auf Vorhandensein eines Signalpeptids sowie auf Vorhandensein von konservierten Proteindomänen untersucht.

Von insgesamt 127 identifizierten Proteinen wird für 82 % kein Signalpeptid und für 18 % ein Signalpeptid vorhergesagt (siehe Abbildung 26). Von den mit Signalpeptid vorhergesagten Kandidaten besitzen acht Proteine an der ersten Position nach dem detektierten Signalpeptid eine aromatische Aminosäure oder die Aminosäure (Iso-)Leucin (potenziell stromal). Auf 15 Proteine mit Signalpeptid trifft dieses nicht zu. Diese werden als Protein mit potenzieller nicht stromaler BTS gewertet.

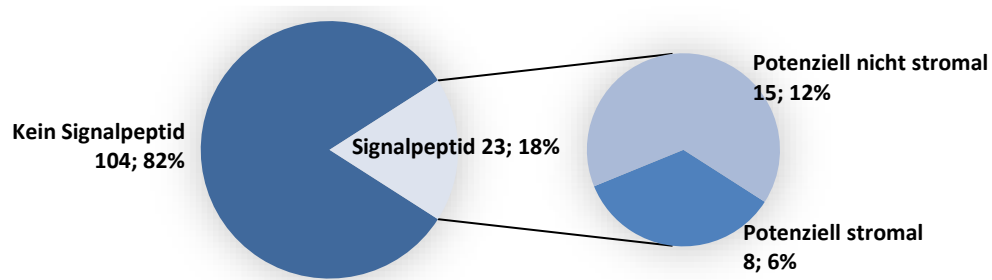


Abbildung 26: In silico Screening nach Vorhandensein eines Signalpeptids – lichtregulierte Proteine. Potenziell stromal: +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid ist eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin Potenziell nicht stromal: +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid jede andere Aminosäure.

Abbildung 27 zeigt die detektierten konservierten Domänen der *in silico* Analyse zu den lichtregulierten Proteinen. Von 127 Proteinen konnte für rund ein Viertel der Proteine (23 %) keine konservierte Domäne detektiert werden. Der größte Anteil von 40 % wird als Enzym mit WD40-Domäne annotiert und 45 Proteine weisen Annotationen als Transkriptionsfaktoren mit WD40-Domäne oder TPR-Proteinmotiv auf (zusammengefasst in sonstige Domänen).

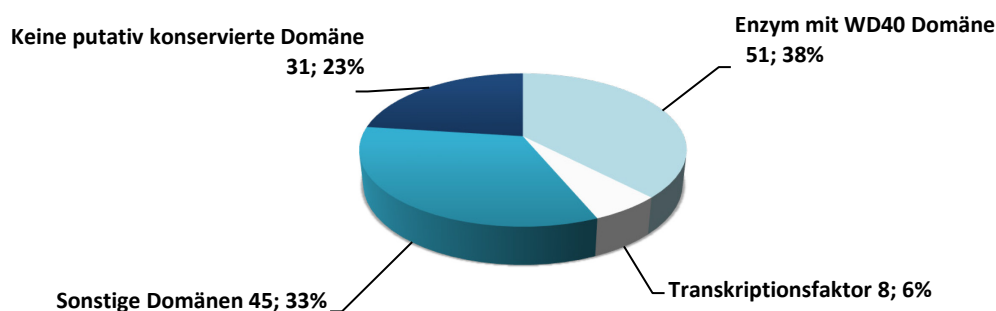


Abbildung 27: In silico Screening nach konservierten Domänen – lichtregulierte Proteine. Verteilung der Domänen von Proteinen mit und ohne Signalpeptid.

Aufgrund der definierten Kriterien (keine potenzielle stromale BTS, kein Enzym, Transkriptionsfaktor oder ähnliche Proteindomänen) wurden von 127 Proteinen drei Kandidaten für *in vivo* Lokalisationen ausgewählt (siehe Tabelle 35). Alle drei Proteine wurden in der Diatomee *P. tricornutum* lokalisiert.

Tabelle 35: In vivo Kandidaten Licht-regulierte Proteine. TMD: Transmembrandomänen TMHMMv.2.0, pred. Lok: vorhergesagte Lokalisation TargetPv.1.1, FL = full length, S: secretory pathway o. SP = ohne Signalpeptid Other: any other location

Protein-ID	Domäne NCBI BlastP	NCBI BlastP	Signalpeptid	TMD	pred. Lok
38112	-		SIA-VL ²⁷	0	S (FL), Other (o. SP)
43657	60kDa integrales Membranprotein		TQA-FA ²⁸ , WRG-GI ²⁹	3	Other (FL, o. SP)
49097	Bestrophin-ähnlich		ASA-LV ²⁸ , IWL-AS ²⁹	4	Other (FL, o. SP)

²⁷ Gleiche Vorhersage mit SignalPv.3.0 und Phobius

²⁸ Vorhersage mit SignalPv3.0

²⁹ Vorhersage mit Phobius

3.3.1.2 *In vivo* Lokalisationen von lichtregulierten Proteinen in *P. tricornutum*

Von 127 überprüften Kandidaten wurden drei Proteine für die Lokalisation in *Phaeodactylum tricornutum* ausgewählt und lokalisiert (siehe Tabelle 35). Das Fusionsprotein ID 43657eGFP könnte in der dritten (oEM) oder vierten Plastidenmembran (iEM) lokalisiert sein (siehe Abbildung 28, B). Das eGFP-Fluoreszenzmuster beschränkt sich auf eine Überlagerung der kompletten Plastidenautofluoreszenz (PAF), welche teilweise ein netzartiges Fluoreszenzmuster von eGFP erkennen lässt. Die Vorhersage als 60 kDa integrales Membranprotein (drei Transmembrandomänen) deutet auf eine mögliche Lokalisation in oEM oder iEM hin. Weiterhin entspricht die SignalPv3.0-Vorhersage mit einer aromatischen Aminosäure nach dem Signalpeptid für ein Membranprotein der dritten oder vierten Plastidenmembran (siehe Tabelle 35).

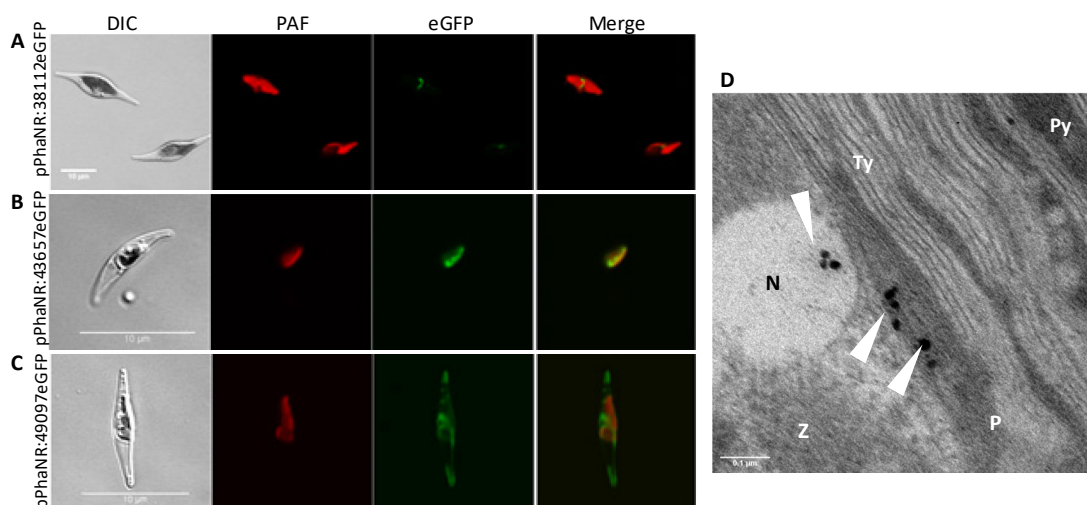


Abbildung 28: *In vivo* Lokalisationen der drei möglicherweise lichtregulierten Proteine. **A.** Mutmaßliche PPC-Lokalisation des möglichen lichtregulierten Fusionsprotein ID 38112eGFP. **B.** Lokalisation in der dritten oder vierten Plastidenmembran des lichtregulierten Fusionsproteins ID 43657eGFP. **C.** Mögliche ER-Lokalisation des potenziell lichtregulierten eGFP-Fusionsprotein ID 49097. **D** Die TEM-Aufnahme des Fusionsproteins 38112eGFP zeigt eine Lokalisation im äußeren Plastidenbereich (wahrscheinlich PPC) und im Nukleus (Pfeile). **Legende:** **DIC:** Differenzieller Interferenzkontrast **PAF:** Plastidenautofluoreszenz **eGFP:** *enhanced fluorescent green protein* **Merge:** *Overlay* eGFP/PAF. **N:** Nukleus **Ty:** Thylakoide **Z:** Zytosol **P:** Plastide **Py:** Pyrenoid

Das Fusionsprotein 49097eGFP mit detektierter Bestrophin-ähnlicher Domäne (NCBI BlastP) lokalisiert vermutlich im ER bzw. sekretorischen Weg. Eine Lokalisation im ER bzw. des sekretorischen Weges äußert sich in einem netzartigen Fluoreszenzmuster, welches sich über die gesamte Zelle ausdehnt. Entsprechend der vier vorhergesagten Transmembrandomänen könnte sich es um ein Protein der ER-Membran handeln (siehe Abbildung 28, C). Der Phyre²-Algorithmus detektiert eine mögliche Funktion als Transportprotein bzw. Membranprotein mit fünf Transmembrandomänen. Da entsprechend der Internetanwendung Phobius das Protein ID 49097 keine potenzielle stromale BTS aufweist, wurde das Protein trotz der SignalPv.3.0-Vorhersage lokalisiert.

Ein weiteres lokalisiertes Fusionsprotein (ID 38112eGFP) verfügt über keine mit NCBI BlastP detektierbarer konservierter Domäne. Es lokalisiert vermutlich im PPC (siehe Abbildung 28, A). Entsprechend der Vorhersagen von Phyre² handelt es sich um eine mögliche Oxidoreduktase, mit durch TEM-Aufnahmen verifizierter plastidärer Lokalisation (siehe Abbildung 28, D).

3.4 Massenspektrometrische Analyse des SELMA-Komplexes

Für eine massenspektrometrische Analyse (LC-MS) des SELMA-Komplexes wurde ein Konstrukt von Dr. Julia Lau verwendet, welches in einem arretierten Proteinimport in der periplastidären Membran (PPM) der komplexen Plastide von *P. tricornutum* resultiert (Lau et al. 2015b). Durch diese Arretierung wird theoretisch eine Akkumulation von Proteinen im cER und des Proteinkomplexes in der PPM erzielt. Der bisher noch unbekannte Importrezeptor kann ein lösliches cER-Protein oder ein Membranassoziertes/-integriertes Protein der PPM. Daher wurde die Membranfraktion eines nativ hergestellten Proteinlysats unter nativen Bedingungen gelelektrophoretisch aufgetrennt (Methodik siehe 2.2.3.7 Blue Native-PAGE (BN PAGE) - Probenvorbereitung, 2.2.3.8 Blue Native PAGE - Gellauf). Sollte der noch nicht identifizierte Importrezeptor ein an der zweiten Plastidenmembran (PPM) oder (c)ER-Membran integriertes oder assoziiertes Membranprotein sein, müsste dieser sich (theoretisch) im aufgetrennten und analysierten SELMA-Komplex (480 kDa) befinden. Nach einer InstantBlue®-Färbung des Blue Native-Gels waren der native Proteinmassenstandard sowie die resultierten Gelbanden deutlich sichtbar (siehe Abbildung 29). Die 480 kDa-Gelbanden (SELMA-Komplex) wurden steril ausgeschnitten und massenspektrometrisch analysiert (siehe 2.2.3.13 Massenspektrometrische Analysen mittels LC-MS). Für die Blue Native PAGE dienten Lysate von Wildtyp-Kulturen als Kontrollen.

Da der postulierte Importrezeptor auch ein lösliches cER-Protein sein kann, wurde ein natives Proteinlysate ohne weitere Fraktionierung mittels eGFP-*pull-down* prozessiert und massenspektrometrisch ohne gelelektrophoretische Auftrennung analysiert (siehe 2.2.3.10 eGFP-*pull-down*). Als Kontrolle dieser Analyse wurden Lysate aus Kulturen hergestellt, welche zytosolisches eGFP exprimierten. Da die Analyse des *pull-downs* des nativen Proteinlysats zum Ende dieser Arbeit zur Verfügung stand, konnten nur *in silico* Auswertungen daraus erstellt werden. Die LC-MS-Daten befinden sich im digitalen Anhang D3. Weiterhin sind zur Vollständigkeit im Anhang 5.4.6 Diagramme und ausgewählte *in vivo* Kandidaten des durchgeführten *pull-down* mit dem Fusionsprotein BTSsHsp70ΔReGFP gezeigt.

Der Importrezeptor sollte hypothetisch sowohl in den Wildtyp-Zellen als auch den transgenen Zellen des Blue Native PAGE-Ansatzes detektierbar sein. LC-MS-Analysen der Kontrolle (Wildtyp) und des ausgeschnittenen SELMA-Komplexes wurden auf detektierte, nicht annotierte³⁰ und mit mindestens zwei Peptiden detektierte Proteine untersucht. Nur Proteine, welche im Zuge der LC-MS mit mindestens zwei detektierten Peptiden (*hits*) nachgewiesen wurden, wurden als signifikantes LC-MS-Ergebnis gewertet. Diese *predicted proteins* wurden auf potenzielle Signalpeptide und konservierte Domänen überprüft. Weiterhin wurden die Genmodelle der Proteinsequenzen auf Vollständigkeit mittels (wenn möglich) vorhandener EST-Daten überprüft und ggf. korrigiert.

³⁰ *predicted proteins*

3.4.1 Gelpräparation und Verifikation des SELMA-Komplexes

Für die massenspektrometrische Analyse der Membranfraktion eines nativen Proteinlysats wurden Proteine mittels Blue Native PAGE aufgetrennt und die 480 kDa-Gelbanden (Molekulargewicht entspricht dem SELMA-Komplex) steril ausgeschnitten und analysiert (siehe Abbildung 29, A). Für die Verifikation, dass es sich bei diesen vier Gelbanden tatsächlich um den SELMA-Komplex handelt, wurde ein nativer Westernblot-Transfer mit anschließender Immunodetektion mit einem Antikörper gegen das symbiontische Derlinprotein sDer1-2 und gegen eGFP für das mit GFP-fusionierte Konstrukt durchgeführt. Der α sDer1-2-Antikörper wurde gewählt, da der Antikörper gegen sDer1-1 unter nativen Bedingungen zu keinem Immunonachweis führt (persönliche Kommunikation mit Dr. Franziska Hempel). Den Erwartungen entsprechend wurde bei 480 kDa ein Signal des sDer1-2-Antikörpers sowie eGFP detektiert (siehe Abbildung 29, B). Dadurch erfolgte eine Verifizierung, dass es sich bei den ausgeschnittenen und massenspektrometrisch analysierten Gelbanden tatsächlich um den SELMA-Membrancomplex handelte. Abbildung 29 zeigt das nach dem Gellauf mit InstantBlue® gefärbte native Tris-Bis-Gel und die Immunodetektion mit dem jeweiligen Antikörper. Eine Färbung war notwendig, da sonst der native Marker nicht deutlich erkennbar war und eine entsprechende Größenordnung nicht möglich gewesen wäre.

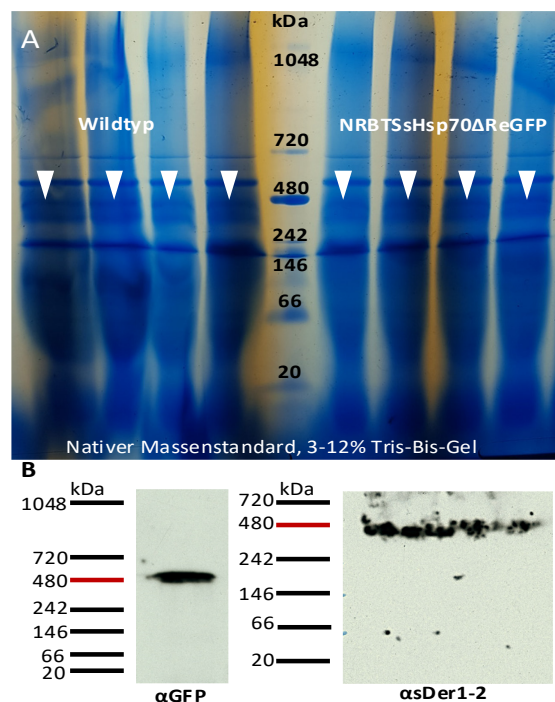


Abbildung 29: Blue Native PAGE - SELMA-Komplex mit Immunodetektion. **A.** Links: Beladenes 3-12 %Bis-Tris-Gel mit 150 μ g Protein aus Wildtypkultur, Rechts: Beladenes Gel mit 150 μ g Protein pPhaNRBTSsHsp70 Δ ReGFP. Pfeile markieren den aufgetrennten SELMA-Komplex bei circa 480 kDa. Das Gel wurde nach dem Lauf mit InstantBlue® für eine Stunde eingefärbt, um den Marker sichtbar zu machen. **B.** Native Immunodetektion: Links: Nachweis mittels eGFP-Antikörper und rechts: Nachweis mit sDer1-2 Antikörper. Das zu erwartende Molekulargewicht von 480 kDa (SELMA-Komplex) wird mit beiden Antikörpern nachgewiesen.

3.4.2 *In silico* Analysen Blue Native PAGE SELMA-Komplex

Unter den *via* LC-MS nachgewiesenen Peptiden befinden sich unter anderem die SELMA-Komponenten sDer1-1, sDer1-2 oder sCdc48-1. Eine tabellarische Übersicht befindet sich in Anhang 5.4.4 Tabelle 86. Zusammen mit der Verifikation *via* Immunodetektion ist dieses ein wichtiger Parameter, dass es sich bei den analysierten Gelbanden tatsächlich um den SELMA-Komplex handelte. Die anhand LC-MS detektierten Peptide wurden von Kontrolle (Wildtyp) und *bait*-Protein (NRBTSsHp70ΔReGFP) miteinander verglichen und diejenigen Peptide für weitere Analysen ausgewählt, welche mit mindestens zwei Treffern (signifikante *hits*) und in beiden Analysen (Kontrolle und *bait*-Protein) detektiert wurden.

Dieser Abgleich zwischen Wildtyp und *bait*-Protein resultierte in einer Liste aus 815 Peptiden (*predicted proteins* aus insgesamt 1234 detektierten Peptiden). 419 (33 %) Proteine werden mit enzymatischen Funktionen, Domänen der Fotosynthesemaschinerie oder mitochondriellen funktionellen Domänen (z. B. Cytochrom) annotiert, welche für weitere Analysen nicht weiter berücksichtigt wurden (siehe Diagramm in Anhang 5.4.5, Abbildung 53). Die 815 sogenannten *predicted proteins* wurden nach Korrektheit ihres Genmodells, Vorhandensein eines potenziellen Signalpeptids sowie auf vorhandene konservierte Domänen überprüft. Die LC-MS Analyselisten (*scaffolds*) aus diesem Ansatz befinden sich im digitalen Anhang D2. Für über die Hälfte (64 %) der 815 überprüften Proteine wird kein Signalpeptid detektiert (siehe Abbildung 30). Insgesamt weisen 19 % der in der LC-MS detektierten Proteine eine als potenzielle stromale BTS und 17% keine potenzielle stromale gewertete BTS auf (siehe Abbildung 30). Als potenziell stromal gewertet wurde ein Protein, wenn dieses an der ersten Position nach dem potenziellen Signalpeptid eine aromatische Aminosäure oder ein (Iso-)Leucin besitzt. Da mit verschiedenen Algorithmen auf Signalpeptide untersucht wurde, werden im weiteren Verlauf auch Kandidaten berücksichtigt, welche für mindestens einen Algorithmus eine potenziell nicht stromale BTS aufwiesen.

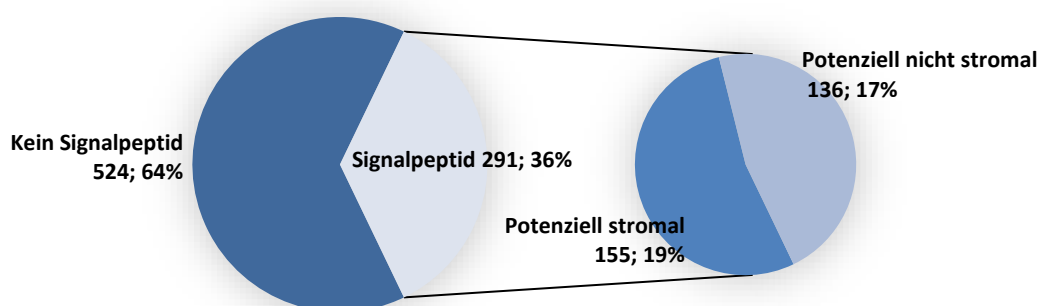


Abbildung 30: *In silico* Überprüfung auf Vorhandensein eines potenziellen Signalpeptids – Blue Native PAGE. **Potenziell stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid ist eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin **Potenziell nicht stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid jede andere Aminosäure.

Die 815 massenspektrometrisch detektierten Peptide wurden weiterhin auf das Vorhandensein konservierter Domänen mittels unter anderem NCBI BlastP überprüft. Demnach entfallen mit 34 % der größte Anteil auf als Enzym annotierte Proteine (z. B. Hydrolasen, Transferasen, Permeasen). Gefolgt mit 24 %

sind Proteine mit beispielsweise detektierter POTRA-Domäne, Ureatransporter, Sauerstofftransporter, ein COPII Vesikelprotein (ID 42434) oder als ABC-Transporter (ID 27838) (zusammengefasst in sonstige Domänen, siehe Abbildung 31). Mit jeweils 3 % wurden Proteine mit Domänen unbekannter Funktion (z. B. DUF 389, 410) sowie mit Proteinmotiven wie TPR, PPR, WD40 oder Ankyrin-*repeats* detektiert. In ähnlich hohem Anteil (5 %) wurden 40 Proteine mit potenziellen ribosomalen Untereinheiten nachgewiesen. Weiterhin entfallen 1 % auf mit dem Fotosyntheseapparat assoziierte Proteine, 4 % auf mitochondriell assoziierte Proteine, 10 % auf Proteine mit DNA-/RNA-Bindemotive sowie 2 % als Chaperone detektierte Proteine. Interessant für Lokalisationsstudien sind einerseits Proteine mit keiner konservierten Domäne (12 %, total 101) sowie nicht charakterisierte Proteine (2 %, total 16) mit potenziell nicht stromaler Zielsteuerungssequenz.

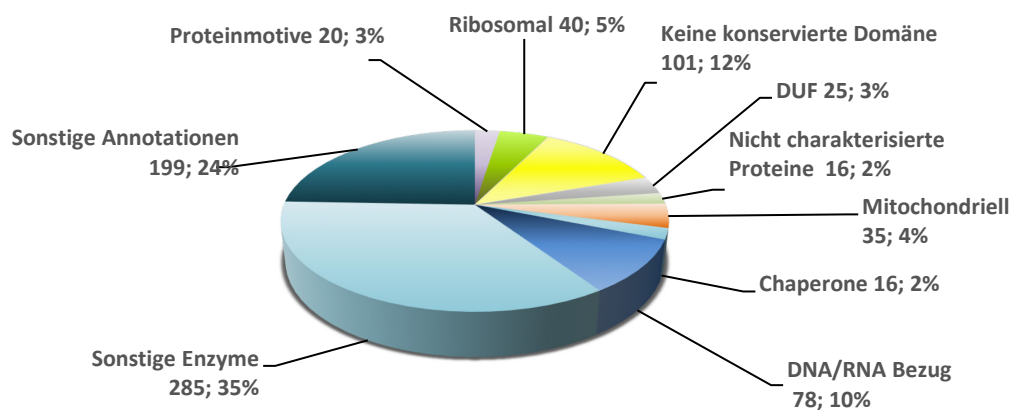


Abbildung 31: *In silico* Identifikation konservierter Domänen nicht annotierter Proteine – Blue Native PAGE. Umfassende Analyse der Proteine mit und ohne Signalpeptid.

Nach den vorab definierten Kriterien (Signalpeptid, keine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin an erster Position nach dem Signalpeptid, relevante konservierte Domäne³¹) wurden die in Tabelle 36 gelisteten Proteine für die *in vivo* Lokalisation in der Diatomee *P. tricornutum* ausgewählt. Teilweise wurden ausgewählte Proteine bereits durch vorherige *in silico* Ansätze (Identifikation von TPR-/WD40-Proteinen (ID 47492, ID 36668), sequenzähnlichen Apicomplexa-Proteinen (ID 42126) sowie dem *pull-down* mit dem TPR-Fusionsprotein ID 46675eGFP (ID 43727) lokalisiert. Alle Proteinsequenzen wurden für die Lokalisationsstudien jeweils in volle Länge am C-Terminus mit eGFP fusioniert. Identifizierte ERAD-, SELMA-Komponenten sowie Proteine aus anderen Ansätzen dieser Arbeit befindet sich in 5.4.4.

³¹ Kein Enzym, keine DNA-/RNA-Bindedomäne bzw. DNA/RNA-Erkennungsmotive oder ähnliches

Tabelle 36: Lokalisationskandidaten aus dem Blue Native PAGE-Ansatz mit dem SELMA-Komplex. Lokalisierte Proteine sind blau markiert. Legende: TMD: Transmembrandomäne mit TMHMMv.2.0 pred. Lok: vorhergesagte Lokalisation mittels TargetPv.1.1 FL = full length S: secretory pathway mTP = mitochondrial transit peptide cTP: chloroplast transit peptide Other: any other location o. SP = ohne Signalpeptid SRP= signal recognition particle AA = amino acid DUF = Domäne unbekannter Funktion. Fortsetzung folgende Seite.

Protein-ID	Konservierte Domäne NCBI BlastP	Signalpeptid	Transmembrandomäne	Vorhergesagte Lokalisation
Bd_1649	DUF 1092	VSA-SS ³²	1	S (FL), cTP (o. SP)
13922	Got1/Sft2-like family	ALG-DI ³³ , FLF-DS ³⁴	2	S (FL), mTP (o. SP)
36311	-	ASA-VP ³³ , VMG-LL ³⁴	2	S (FL), o. SP)
37368	CBS-Pair	VAT-TM ³³ , VTA-FS ³⁴	0	mTP (FL), cTP (o. SP)
37419	-	ILA-QF ³³ , IVA-SP ³⁴	1	S (FL), Other (o. SP)
37687	-	TFG-AI ³²	0	Other (FL), o. SP)
38916	-	AYS-AV ³²	0	mTP (FL), o. SP)
39827	-	IGA-ES ³²	8	mTP (FL), SP (o. SP)
40063	DUF 4149	SHG-LL ³³ , FSH-GL ³⁴	5	mTP (FL), o. SP)
42646	-	ALI-AD ³³ TTA-LI ³⁴	0	S (FL), Other
42790	-	AFS-VD ³²	1	S (FL), Other (o. SP)
42874	-	CAS-ES ³²	1	mTP (FL), Other (o. SP)
43044	-	DQS-RS ³²	0	mTP (FL), o. SP)
43127	-	SLG-SS ³²	8	Other (FL), o. SP)
43348	-	ALA-SV ³²	1	Other (FL), o. SP)
44305	DUF 1275	VVS-DS ³²	4	S (FL), Other (o. SP)
44488	WD40/YVTN repeat like containing protein	ANG-QI ³²	0	S (FL), Other (o. SP)
44547	Ankyrin repeat	LDG-ED ³²	2	SP (FL), Other (o. SP)
44879	Armadillo/beta-catenin-like repeat	MLA-DW ³³ , LDG-TV ³⁴	1	SP (FL), Other (o. SP)

³² Gleiche Vorhersage mit Phobius und SignalPv.3.0

³³ Vorhersage mit SignalPv.3.0

³⁴ Vorhersage mit Phobius

Protein-ID	Konservierte Domäne NCBI BlastP	Signalpeptid	Transmembrandomäne	Vorhergesagte Lokalisation
45081	DUF 4239	VTC-AL ³³ , SRG-QE ³⁴	3	Other (FL), mTP (o. SP)
45143	DUF 2254	VLS-QF ³²	3	SP (FL), Other (o. SP)
45408	ACT (AA-Bindung, Regulation assoziierter Enzyme)	AFG-QP ³²	0	mTP (FL), Other (o. SP)
45423	-	VGG-SS ³³ , VVG-GS ³⁴	0	mTP (FL), cTP (o. SP)
45835	<i>Hedgehog</i> Rezeptor, Membranprotein	GWT-RE ³²	12	Other (FL, o. SP)
45870	-	GVS-LA ³³ , VSL-AP ³⁴	9	mTP (FL), Other (o. SP)
46395	DUF 1118	AAS-AF ³³ , ASA-FV ³⁴	3	mTP (FL), Other (o. SP)
46602	-	ALA-SF ³³ , AWC-ET ³⁴	3	SP (FL), Other (o. SP)
47811	-	AAA-SI ³²	0	SP (FL), Other (o. SP)
48661	-	SDG-AR ³²	0	SP (FL), Other (o. SP)
49202	-	ATA-SS ³²	0	SP (FL), Other (o. SP)
49296	-	ACS-DV ³³ , VAC-SD ³⁴	2	SP (FL), Other (o. SP)
49297	-	ASS-DM ³²	0	SP (FL), Other (o. SP)
49301	-	VTA-GW ³³ , LWP-TL ³⁴	0	mTP (FL), Other (o. SP)
49774	-	TET-DP ³³ , VPT-ET ³⁴	1	Other (FL), Other (o. SP)
49908	<i>DnaJ class molecular chaperone</i>	KDG-DE ³²	8	SP (FL), Other (o. SP)
54466	-	VRA-RK ³³ , CEA-SV ³⁴	1	SP (FL), Other (o. SP)

3.4.3 *In vivo* Lokalisationen von Importrezeptor-Kandidaten – Blue Native PAGE

Von den in Tabelle 38 gelisteten, 36 Proteinen konnten 15 Proteine in der Diatomee *P. tricornutum* lokalisiert werden. Die *in vivo* Lokalisationen der 15 Fusionsproteine werden nach Kompartimenten kategorisiert gezeigt. Fünf weitere Proteine wurden bereits durch vorherige Analysen im Zuge dieser Arbeit lokalisiert: [ID 42126](#) (Apicoplast-Sequenzähnlich), [ID 44959](#) (TPR-Domäne-Identifikation, Apicoplast-Sequenzähnlich, 46675eGFP-*pulldown*), [ID 47492](#) (TPR-Domäne-Identifikation) [ID 36668](#) (WD40-Proteinmotiv-Suche, WD40-Apicomplexa-Suche) und [ID 43727](#) (46675-*pulldown*).

3.4.3.1 Mögliche PPC-, PPM- und stromale Lokalisationen aus dem Blue Native PAGE-Ansatz

Drei der ausgewählten Kandidaten ([ID 40063](#), [ID 44305](#), [ID 37368](#)) zeigen eine Lokalisation in der komplexen Plastide von *P. tricornutum*. Das Fusionsprotein [ID 37368eGFP](#) mit einem detektierten CBS-pair (NCBI BlastP) weist entsprechend der Signalpeptid-Vorhersagen von SignalPv.3.0 keine aromatische Aminosäure oder ein (Iso-)Leucin auf. Nach dem Phobius-Algorithmus befindet sich nach dem Signalpeptid an erster Stelle ein Leucin, was der in Abbildung 32 gezeigten eGFP-Fluoreszenz entspricht. Da durch TMHMMv.2.0 und Phyre² keine Transmembrandomänen vorhergesagt werden, scheint eine Lokalisation der dritten oder zweiten Plastidenmembran als ausgeschlossen. Aufgrund der wahrscheinlichen stromalen Lokalisation wurden keine weiteren Topologie-Bestimmungen oder eine Karbonatextraktion durchgeführt.

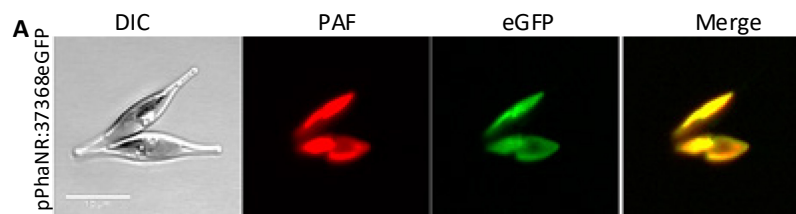


Abbildung 32: *In vivo* Lokalisation des mutmaßlichen stromalen Fusionsproteins [ID 37368eGFP](#). Die Überlappung der Fluoreszenzen von PAF und eGFP deutet eine stromale Lokalisation an. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF

Das Protein [ID 40063](#) mit einer nach NCBI BlastP annotierten Domäne unbekannter Funktion (DUF 4149) wird von Phyre² als vorhergesagter Phosphattransporter detektiert. Als mögliches Membranprotein (Phyre²: vier TMDs, TMHMMv.2.0: fünf TMDs) könnte der mögliche Phosphattransporter in der periplastidären Membran der komplexen Plastide von *P. tricornutum* lokalisiert sein. Trotz des vorhergesagten mitochondrialen Transitpeptids kann eine mögliche mitochondrielle Lokalisation aufgrund eines ähnlichen Fluoreszenzmusters nicht komplett ausgeschlossen werden. Die zur Verifikation der Lokalisation des mutmaßlichen PPM-Proteins von Dr. Thomas Heimerl erstellten TEM-Aufnahmen lagen vor Abgabe dieser Arbeit noch nicht vor. Ein weiteres potenzielles PPM Protein ([ID 44305](#)) wird durch NCBI BlastP als Protein mit Domäne unbekannter Funktion (DUF 1275) und mit vier TMDs (TMHMMv.2.2) annotiert. Das

erkennbare Fluoreszenzmuster des eGFP-Signales entspricht einem PPM-typischen Signal, welches „gürtelartig“ die Plastidenmitte umgibt (siehe Abbildung 34, A).

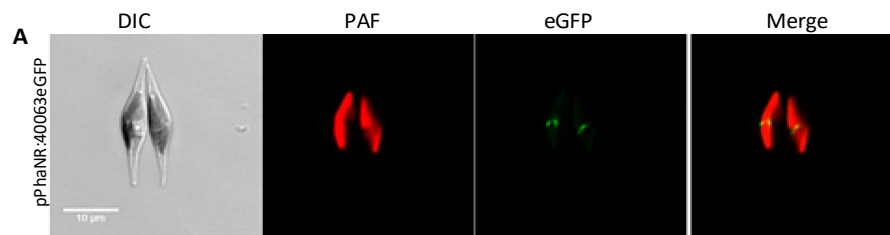


Abbildung 33: *In vivo* Lokalisation des möglichen PPM-Proteins ID 40063eGFP. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: *Overlay eGFP/PAF*.

Die Domäne DUF 1275 umfasst diverse bakterielle Proteine und wird mit einer möglichen Permease-Funktion mit sechs vorhandenen Transmembrandomänen in Verbindung gebracht. Weitere Topologie-Bestimmungen mittels SA-GFP determinieren den C-Terminus des Proteins ID 44305 im periplastidären Kompartiment (PPC) der komplexen Plastide. Dieses wird durch eine detektierbare eGFP-Fluoreszenz zwischen der vorhergesagten Permease und dem PPC-Protein sHsp70 bestätigt (siehe Abbildung 36, B). Der C-Terminus des Proteins befindet sich somit wahrscheinlich im PPC. Mit dem getesteten ER-Marker konnte keine Fluoreszenz detektiert werden. Aufgrund der vier (TMHMMv.2.0) bzw. sieben (Phyre²) vorhergesagten TMDs ist es möglich, dass im Falle eines Membranproteins der N-Terminus des Proteins sich in der zweiten oder dritten Plastidenmembran integriert befindet. Die Membranintegrität der vorhergesagten Permease wurde durch Karbonatextraktion überprüft und bestätigt (siehe Bande in der integralen Fraktion, ca. 56 kDa in Abb. 34 C). Die Kontrollen (löslich: große Untereinheit von Rubisco, 54 kDa, integral: PsbD, 36 kDa) zeigen eine korrekte Fraktionierung (Abbildung 34, C).

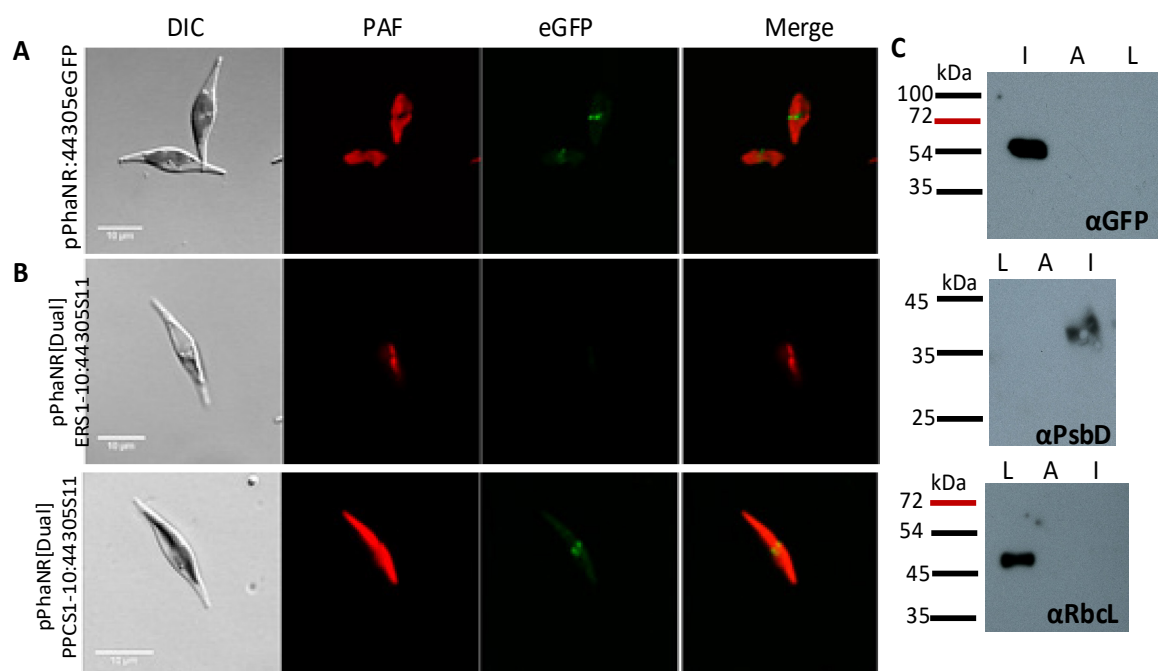


Abbildung 34: Lokalisation, SA-GFP und Karbonatextraktion Fusionsprotein ID 44305eGFP. **A.** Die eGFP-Fluoreszenz des Fusionsproteins 44305eGFP deutet unter Berücksichtigung der TMD-Vorhersagen eine mögliche PPM-Lokalisation an **B.** SA-GFP mit PDI (ER-Marker) zeigt keine eGFP-Fluoreszenz, SA-GFP mit dem PPC-Marker sHsp70 zeigt eine für das PPC-typische Fluoreszenz. **C.**

Entsprechend der Erwartungen werden in der integralen Fraktion das Fusionsprotein mittels GFP-Antikörper mit einem Molekulargewicht von ca. 56 kDa und die jeweiligen Fraktionen die Kontrollen (*large chain* von Rubisco, 54 kDa löslich; PsbD, 36 kDa, integral) detektiert. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF I: integral A: assoziiert L: löslich

3.4.3.2 Mutmaßliche cER Lokalisationen von Proteinen aus dem Blue Native PAGE-Ansatz

Von den 15 lokalisierten Proteinen zeigen fünf eGFP-Fusionsproteine eine mutmaßliche cER-Lokalisation. Das Genmodell von [ID 13922](#) wurde am N-Terminus aufgrund von Unvollständigkeit mithilfe von *Alignments* und EST-Daten verlängert (siehe 5.5 Anmerkungen zu Proteinmodellen und konservierte Domänen). Bei dem ausgewählten Protein [ID 13922](#) handelt es sich um ein mutmaßliches eGFP-Fusionsprotein, welches in der (c)ER-Membran-integriert sein könnte (Lokalisation siehe Abbildung 35, A). Die relativ schwache eGFP-Fluoreszenz umgibt die komplexe Plastide, überlappt jedoch nicht komplett. Es ist ein längliches, außerhalb der Plastide liegendes eGFP-Fluoreszenzmuster erkennbar. Mit Phyre² werden für das nach Algorithmen von NCBI BlastP als Vesikel-Transporter annotierte Protein ID 13922 vier Transmembrandomänen prognostiziert. Eine durchgeführte Karbonatextraktion zeigt, dass es sich um ein integrales Protein mit ca. 45 kDa handelt (siehe Abbildung 35, B). Als Kontrollen dienen die große Untereinheit des löslichen Protein Rubisco (54 kDa) und das integrale Protein der Fotosysteme I/II PsbD (36 kDa). PsbD ist in der integralen und löslichen Fraktion aufgrund des mutmaßlich hohen Expressionslevels der getesteten Kulturen nachweisbar. Rekombinante Vektoren für die Ko-Lokalisationen mit dem ER-Protein PDI mRuby3, dem PPC-Protein sHsp70 mRuby3 sowie den PPM-ständigen Protein sDer1-1 mRuby3 wurden erstellt, jedoch blieb das Partikelbombardment ohne Erfolg.

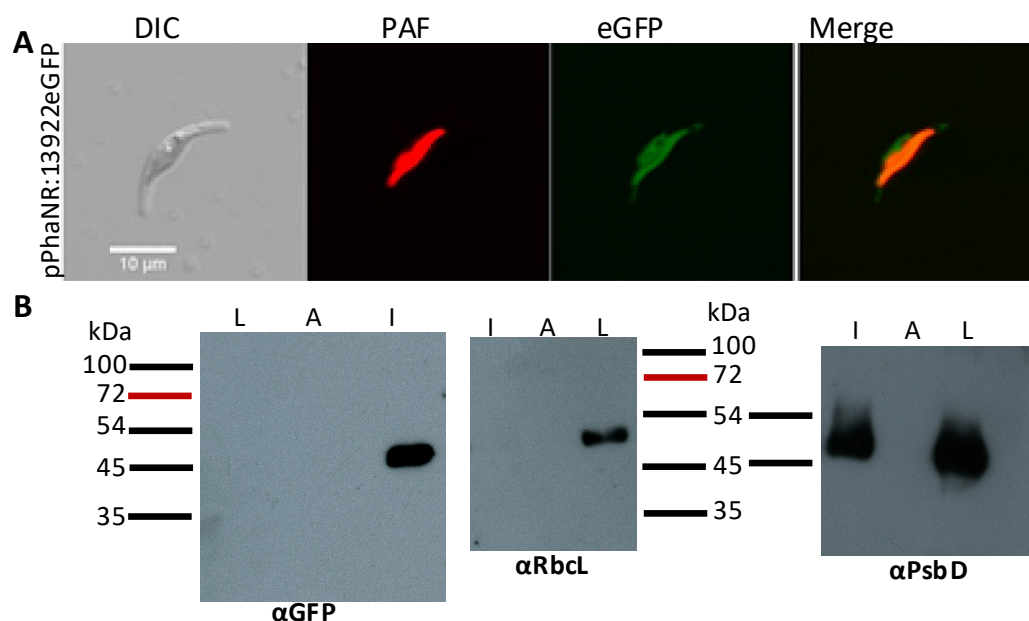


Abbildung 35: Mögliche cER-Lokalisation des Fusionsprotein ID 13922eGFP aus dem BN-PAGE Ansatz. A. Mutmaßliche cER-Lokalisation des potenziellen Vesikelprotein ID 13922. **B.** Karbonatextraktion: Das Fusionsprotein ID 13922eGFP ist ein integrales, mutmaßliches cER-Protein (Molekulargewicht: 45 kDa inkl. eGFP (27 kDa)). Die lösliche Kontrolle (große Untereinheit von Rubisco) entspricht einem Molekulargewicht von ca. 54 kDa, die integrale Kontrolle PsbD (Fotosystem-Protein) einem Molekulargewicht von 36 kDa. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF I: integral A: assoziiert L: löslich

Ein weiteres mutmaßliches cER-Protein [ID 36311](#) (fusioniert C-terminal mit eGFP) zeigt ein die komplexe Plastide umgebendes eGFP-Fluoreszenzmuster. Weiterhin konzentriert sich direkt neben der Plastide eine großflächige eGFP-Fluoreszenz (siehe Abbildung 36, A). Gemäß des NCBI BlastP-Algorithmus besitzt das Protein keine (detektierbare) Domäne und zwei vorhergesagte Transmembrandomänen (TMHMMv.2.0). Entsprechend des Phyre²-Algorithmus handelt es sich um ein mögliches Transportprotein mit zwei Transmembrandomänen. Eine durchgeführte Karbonatextraktion deutet auf ein Membranassoziiertes Protein mit einem Molekulargewicht von ca. 45 kDa (inkl. eGFP) hin (siehe Abbildung 36, B). Deutlich zu erkennen ist die Bande auf dem Röntgenfilm für den GFP-Antikörper in der integralen Fraktion sowie ein signifikant schwächeres Signal in der assoziierten Fraktion. Für die Kontrollen stimmen die Bandengrößen mit den zu erwartenden Molekulargewichten von 54 kDa für die große Untereinheit des Protein Rubisco (löslich) und 36 kDa für PsbD (integral, sehr starkes Signal) überein (siehe Abbildung 36, B).

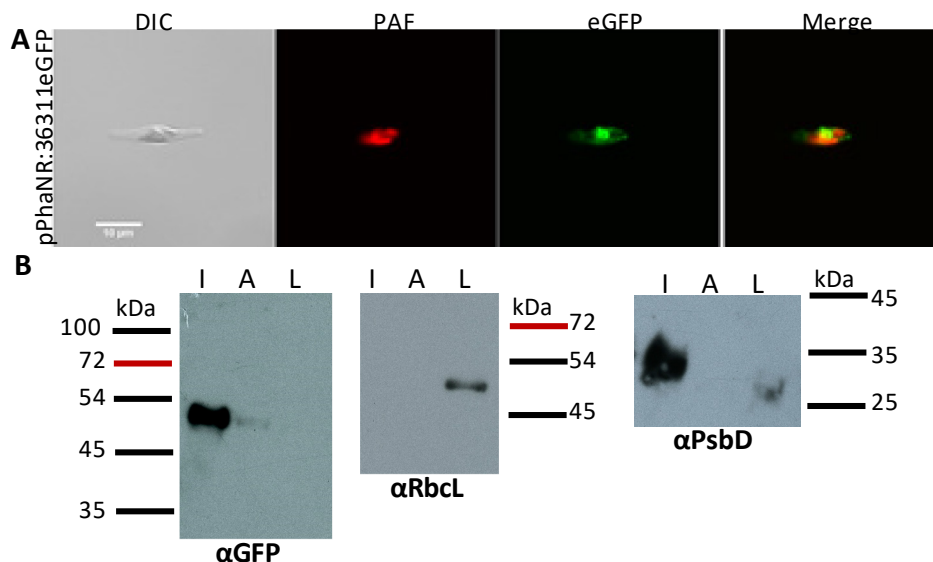


Abbildung 36: *In vivo* Lokalisation und Karbonatextraktion des mutmaßlichen cER-Protein ID 36311eGFP. **A.** Mutmaßliche cER-Lokalisation des Fusionsproteins ID 36311 eGFP. **B.** Karbonatextraktion: Das eGFP-Fusionsprotein 36311 ist ein mutmaßliches in die ER-Membran integriertes Protein (2 Transmembrandomänen, 45 kDa inkl. eGFP-Signal von 26 kDa). Die Kontrollen entsprechen den zu erwartenden Molekulargewichten von 54 kDa für Rubisco (*large chain*, RbcL) und 36 kDa für PsbD. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF. I: integral A: assoziiert L: löslich

Das Protein mit der [ID 37687](#) verfügt über keine konservierte Domäne (NCBI BlastP) und zeigt eine mutmaßliche ER-Lokalisation (netzartiges eGFP-Fluoreszenzmuster) mit partieller cER-Lokalisation (breitflächiges eGFP-Fluoreszenzmuster neben der komplexen Plastide, siehe Abbildung 37, A). Nach Vorhersagen von Phyre² verfügt das Protein über eine mögliche Transferase-Aktivität mit einer Transmembrandomäne. Aufgrund der hauptsächlich ER-Lokalisation bzw. Lokalisation im sekretorischen Weg wurden keine weiteren Interaktionsstudien oder TEM-Aufnahmen vorgenommen.

Das vierte mutmaßlich im cER-lokalisierte Fusionsprotein ([ID 42790eGFP](#)) verfügt über keine durch NCBI BlastP detektierbare konservierte Domäne und besitzt eine potenzielle TMD (TMHMMv.2.0). Das in Abbildung 37 (B) gezeigte eGFP-Fluoreszenzmuster deutet eine cER-Lokalisation an, da das Signal einerseits

mit der Plastidenautofluoreszenz überlagert und andererseits ein eGFP-Signal sich vermutlich neben der Plastide befindet. Eine mögliche Lokalisation des sekretorischen Weges scheint aufgrund von Dr. Thomas Heimerl angefertigte TEM-Aufnahmen als verifiziert. Elektronenmikroskopische Aufnahmen zeigen das Protein hauptsächlich in der komplexen Plastide von *P. tricornutum*. Teilweise wird das Protein auch im Golgi sowie in der Vakuole nachgewiesen (sekretorischer Weg, siehe Abbildung 57 im Anhang 5.4.7).

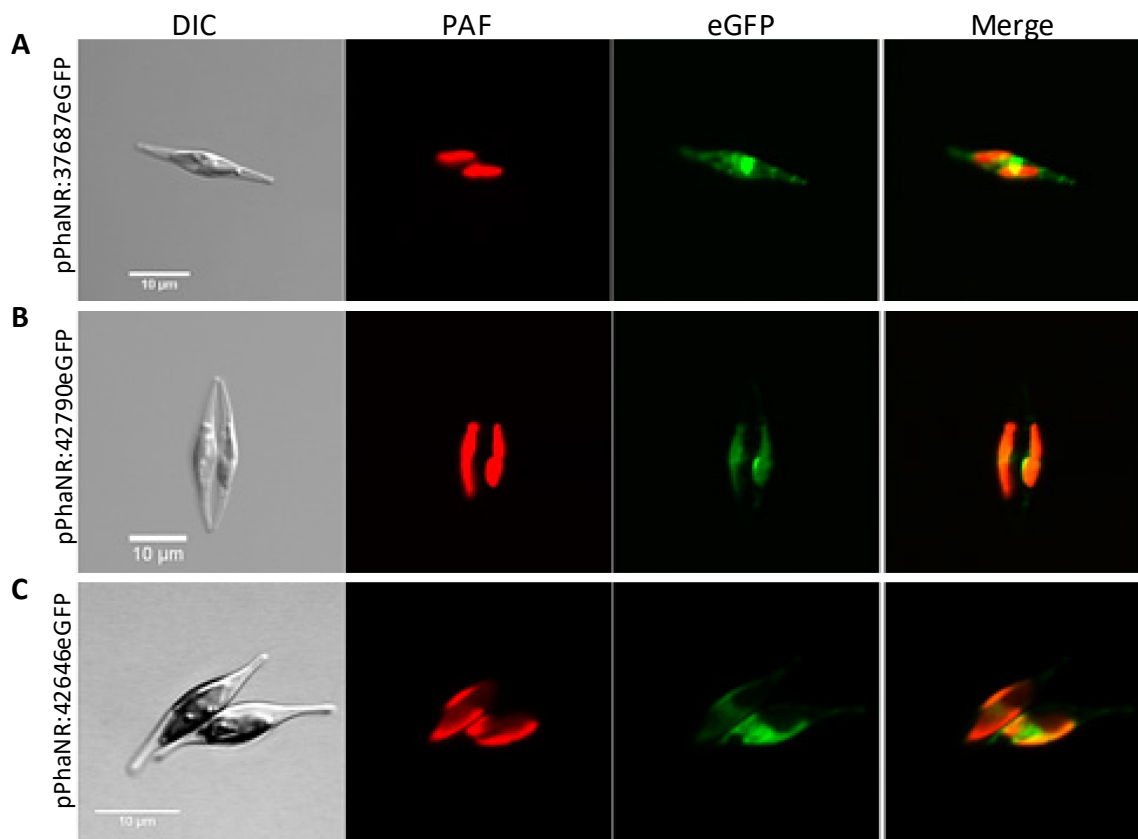


Abbildung 37: In vivo Lokalisation mutmaßlicher cER bzw. ER-Proteine. **A.** Mögliche ER- und partielle cER-Lokalisation des Fusionsprotein ID 37687eGFP. **B.** Das Fusionsprotein 42790eGFP lokalisiert mutmaßlich im cER. **C.** Mutmaßliche cER-Lokalisation des eGFP-Fusionsprotein ID 42646. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF

Ein weiteres Fusionsprotein (ID 42646eGFP) lokalisiert möglicherweise im cER. Das Fusionsprotein zeigt ein die komplexe Plastide umgebendes eGFP-Signal (siehe Abbildung 37, C). Für das Protein wird durch den NCBI BlastP-Algorithmus keine konservierte Domäne detektiert. Phyre²-annotiert ID 42464 als Protein mit α - α -Superhelix und einem konservierten Armadillo *repeat* unbekannter Funktion. Den Vorhersagen (TMHMMv.2.0, Phyre²) entsprechend könnte es sich um ein lösliches Protein handeln. Dieses muss jedoch wie die genaue Lokalisation weitergehend verifiziert werden.

3.4.3.3 Mutmaßliche Lokalisationen des sekretorischen Wegs von Proteinen aus BN PAGE

Bei sechs Proteinen von den 15 lokalisierten Proteinen handelt es sich um mutmaßliche Proteine des endoplasmatischen Retikulums (ER) oder des sekretorischen Wegs.

Ein Protein ohne konservierte Domäne, das Fusionsprotein 54466eGFP, lokalisiert vermutlich in der Plasmamembran unter Berücksichtigung der Transmembrandomäne. Es ist eine Lokalisation im Zytosol (im Falle in einer falsch detektierten Transmembrandomäne) ebenfalls nicht ausgeschlossen (siehe Abbildung 38).

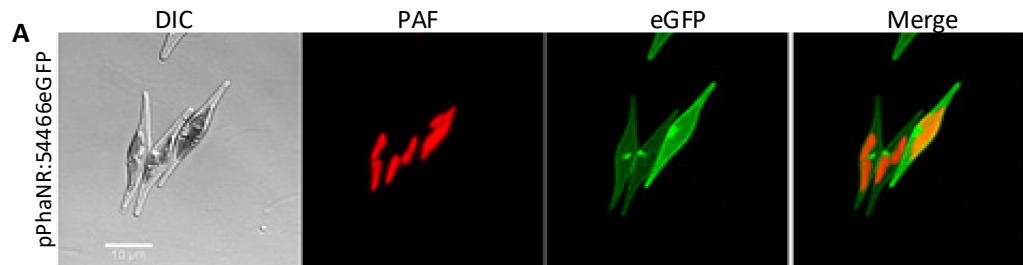


Abbildung 38: Das Fusionsprotein ID 54466eGFP lokalisiert vermutlich in der Plasmamembran. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF

Für zwei weitere lokalisierte Proteine (ID 39827, ID 43127) konnte vom NCBI BlastP-Algorithmus keine konservierte Domäne detektiert werden. Mittels Phyre² werden mögliche Funktionen für ID 39827 als Transportprotein mit sieben Transmembrandomänen und für ID 43127 eine Funktion mit 63 % Übereinstimmung als 26S proteasomale regulatorische Untereinheit von Rpn9 detektiert. Beide Lokalisationen der Fusionsproteine sind in Abbildung 39 (A+B) zu sehen.

Das Protein ID 45408 besitzt gemäß der Vorhersagen von NCBI BlastP eine sogenannte ACT-Domäne, welche Aminosäuren bindet und teilweise assoziierte Enzyme reguliert. Gemäß der Vorhersage von Phyre² handelt es sich um ein Protein mit unbekannter Funktion. Der Phyre² und TMHMMv.2.0-Algorithmus detektiert keine Transmembrandomänen. Alle Klone zeigen ER-typische Fluoreszenzmuster, welche in Abbildung 39 (C) zu sehen sind.

Das mutmaßliche DnaJ-Chaperon (NCBI BlastP, Phyre²) ID 49908 zeigt eine mutmaßliche zytosolische Lokalisation (siehe Abbildung 39, D). Es ist gemäß dem Phyre²-Algorithmus ein Homolog zum DnaJ-Protein 1 aus *Saccharomyces cerevisiae*. TMHMMv.2.0 als auch Phyre² detektierten zwei Transmembrandomänen, sodass es sich vermutlich um ein integrales oder assoziiertes Membranprotein handeln könnte. Auch wenn das Fluoreszenzmuster nahezu komplett mit der Zelle überlagert und somit einer zytosolischen Lokalisation ähnelt, sieht man teilweise Unterbrechungen des eGFP-Fluoreszenzmusters und strichförmige Strukturen (rechte Zellspitze unterhalb der Plastide). Daher kann eine ER-Lokalisation ebenfalls nicht ausgeschlossen werden.

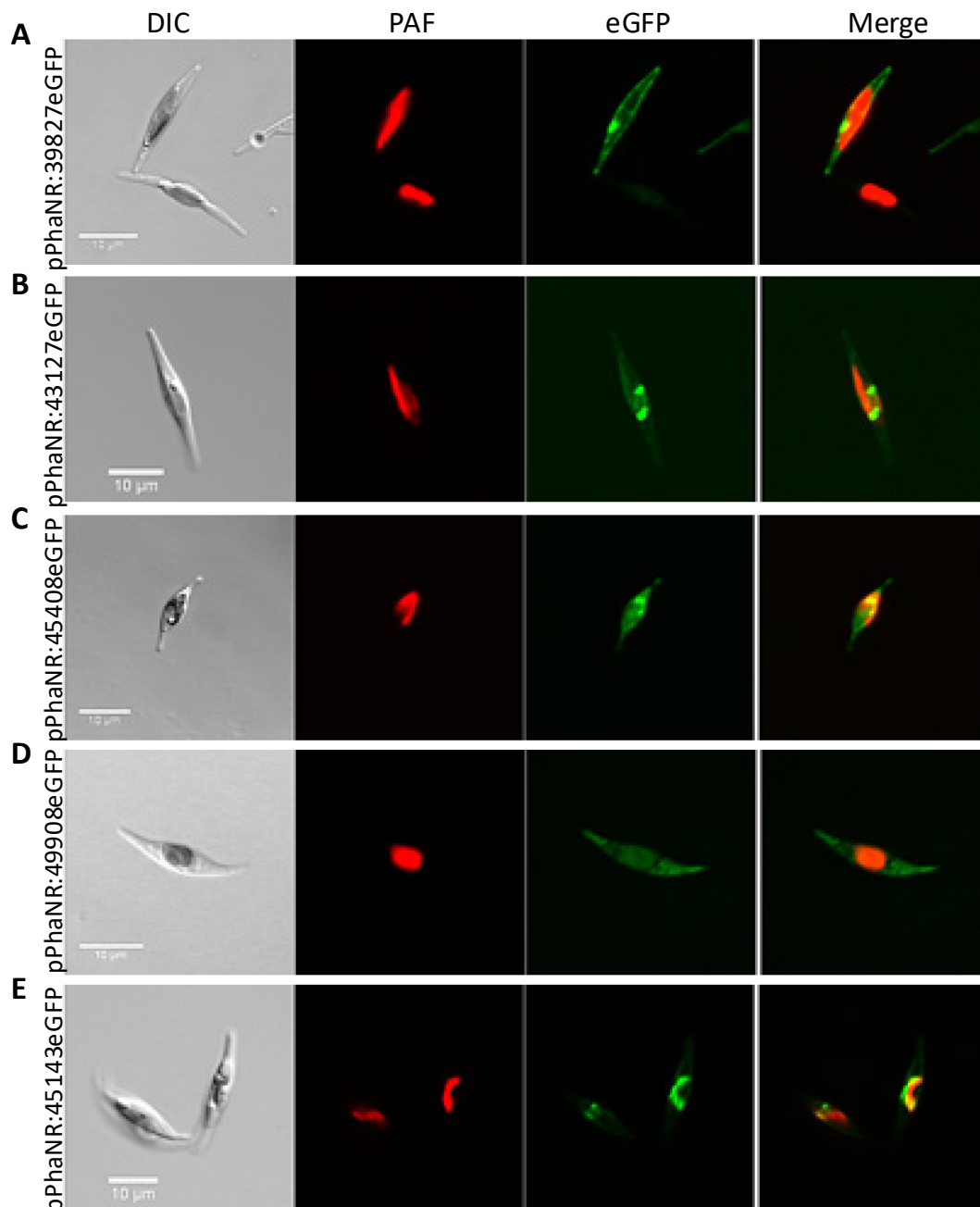


Abbildung 39: Mutmaßliche ER-Lokalisationen der eGFP-Fusionsproteine ID 39827, 43127, 49908, 45143. A. Mögliche Lokalisation im ER oder im sekretorischen Weg des Fusionsprotein 39827 eGFP. B. Mutmaßliche Lokalisation im sekretorischen Weg des eGFP-Fusionsprotein ID 43127. C. Potenzielle ER-Lokalisation von ID 45408eGFP (unbekannte Funktion, ACT-Domäne). D. Wahrscheinliche zytosolische Lokalisation des potenziellen DnaJ-Chaperon ID 49908 (Fusionsprotein 49908eGFP gezeigt). E. Mögliche Lokalisation im sekretorischen Weg der vorhergesagten Phosphorylase ID 45143 (Fusionsprotein 45143eGFP). **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: *Overlay eGFP/PAF*.

Ein weiteres mutmaßlich im sekretorischen Weg lokalisiertes eGFP-Fusionsprotein (ID 45143) besitzt nach dem NCBI BlastP-Algorithmus eine Domäne unbekannter Funktion (DUF 2254). Der Phyre²-Vorhersagen entsprechend handelt es sich vermutlich um eine Phosphorylase. Phyre² detektiert zudem vier Transmembrandomänen (eine TMD mehr als TMHMMv.2.0). Die Lokalisation des Fusionsproteins zeigt Abbildung 39 (E). Da der postulierte SELMA-Importrezeptor eine (c)ER- bzw. PPM-Lokalisation aufweisen sollte, wurden die möglicherweise im sekretorischen Weg lokalisierten Proteine nicht weiter charakterisiert.

3.4.3.4 Mutmaßliche mitochondrielle Lokalisationen von Proteinen aus dem BN PAGE-Ansatz

Zwei eGFP-Fusionsproteine ([ID 45423](#), [ID 44547](#)) zeigen typische mitochondrielle eGFP-Fluoreszenzmuster. Mitochondrielle Lokalisationen zeigen häufig eine „geschlängelte“, S-förmige eGFP-Fluoreszenz direkt neben der Plastide. Das Protein [ID 45423](#) besitzt keine durch NCBI BlastP detektierbare konservierte Domäne und ist ein vorhergesagtes lösliches Protein (O TMD). Das mitochondrielle Transitpeptid (mTP) unterstützt eine mögliche Mitochondrien-Lokalisation. Nach Abspaltung des Signalpeptids wird eine mögliche plastidäre Lokalisation durch ein vorhandenes cTP (*chloroplast transit peptid*) vorhergesagt. Das in Abbildung 40 (A) erkennbare eGFP-Fluoreszenzmuster deutet aufgrund der punktförmigen, akkumulierten Fluoreszenz neben der Plastide eine tatsächliche mitochondrielle Lokalisation an. Phyre² annotiert das Protein [ID 45423](#) als *acid-sensing ion channel*.

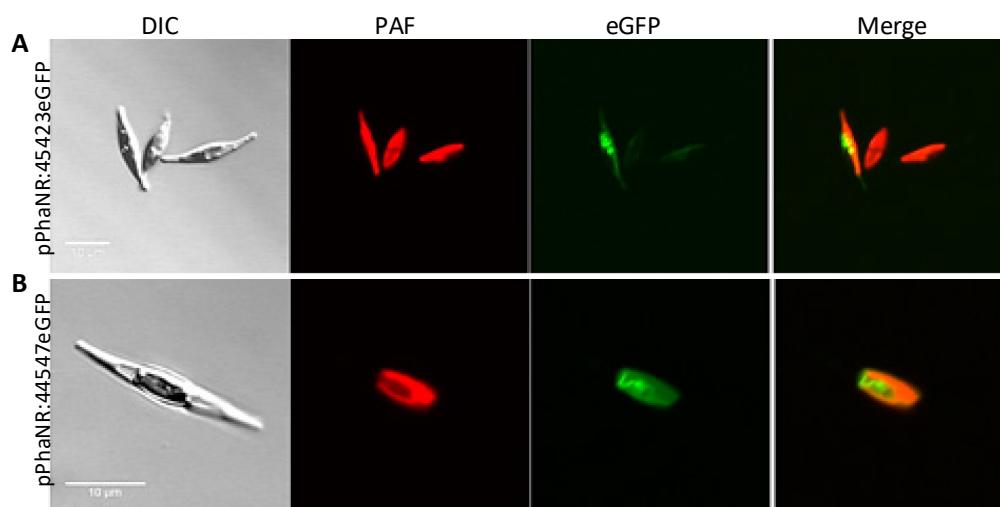


Abbildung 40: Mögliche mitochondrielle Lokalisationen der Fusionsproteine ID 45423eGFP und ID 44547eGFP. A. Mutmaßliche mitochondrielle Lokalisation von ID 45423eGFP. **B.** Mögliches Mitochondrienmembran-Protein ID 44547eGFP mit typischen eGFP-Signal für mitochondrielle Lokalisationen. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: *Overlay eGFP/PAF*.

Bei einem weiteren möglichen mitochondriell lokalisierten eGFP-Fusionsprotein ([ID 44547](#)) handelt es sich vermutlich um ein Membranprotein (TMHMMv.2.0: 2 TMD, Phyre²: 1 TMD). Der Algorithmus von NCBI BlastP detektiert einen Ankyrin *repeat* und annotiert das Protein ID 44547 weiterhin als SRP (*signal recognition particle*) *independent targeting protein 3*. Aufgrund des erkennbaren eGFP-Fluoreszenzmusters scheint eine mitochondrielle Lokalisation als wahrscheinlich (siehe Abbildung 40, B). Analog zu den im sekretorischen Weg lokalisierten Fusionsproteinen wurden die beiden möglichen Mitochondrien-Proteine nicht weitergehend charakterisiert.

3.4.4 *In vivo* Lokalisationen von Ubiquitinligasen und Signalpeptidasen

In den LC-MS Analysen des eGFP-*pull-down* mit ID 46675 eGFP, der Blue Native-PAGE des SELMA-Komplexes und eGFP-*pull-down* mit pPhaNR:BTSShsp70ΔReGFP wurden jeweils die Signalpeptidase-Untereinheit ID 18533 sowie die beiden RING-Finger-Ubiquitinligasen ID 46464 und ID 46465 detektiert. Daher wurden

diese drei Proteine ebenfalls in der Diatomee *P. tricornutum* als Vollängenproteine am C-Terminus mit eGFP fusioniert und lokalisiert.

3.4.4.1 Eine im cER-lokalisierte Signalpeptidase (ID 18533)?

Für das Protein ID 18533 wird eine konservierte Domäne eines *Signal peptidase complex subunit 3* durch NCBI BlastP und durch Phyre² eine allgemeine Lyasefunktion vorhergesagt. Die Signalpeptid-Vorhersagen der diversen Algorithmen unterscheiden sich, sodass trotz möglicher stromaler Zielsteuerungssequenz (SignalPv.3.0 +1 Pos.: Leucin, Phobius +1 Pos.: Signalpeptid Alanin) die mögliche Signalpeptidase ID 18533 lokalisiert wurde. Die transgenen Zellen entsprechen einer mutmaßlichen Lokalisation im cER der komplexen Plastide (Abbildung 41 zeigt zwei transgene Zelllinien).

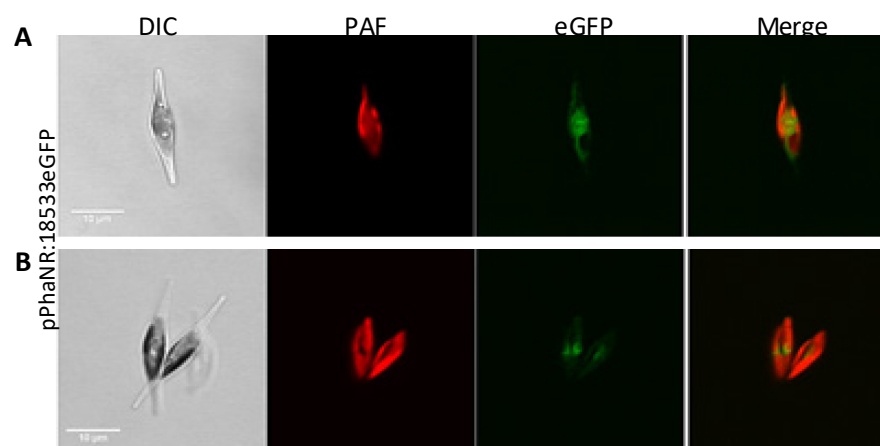


Abbildung 41: Ein als Signalpeptidase vorhergesagtes Protein (ID 18533) lokalisiert möglicherweise im cER. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF.

Die meisten transgenen Zellen der erzielten Klone weisen das in Abbildung 41 (A) gezeigte eGFP-Fluoreszenzmuster auf. Das eGFP-Fluoreszenzmuster akkumuliert „wolkenartig“ neben der Plastide und umgibt diese teilweise. Einige Zellen weisen ebenfalls das in Abbildung 41 (B) gezeigte eGFP-Fluoreszenzmuster auf. Hier begrenzt sich das eGFP-Signal um die Plastidenmitte und umgibt diese „gürtelartig“ und könnten eine PPM-Lokalisation andeuten. Für das Protein wird eine Transmembrandomäne durch Phyre² sowie TMHMMv.2.0 vorhergesagt.

3.4.4.2 Lokalisationen von Ubiquitinligasen in der Diatomee *P. tricornutum*

Die beiden *via* LC-MS detektierten Ubiquitinligasen ID 46464 sowie ID 46465 wurden in der Diatomee *P. tricornutum* als eGFP-Fusionsproteine lokalisiert. Die vorhergesagte Ubiquitinligase ID 46464 (NCBI BlastP: H2 subclass of RING finger and variants mit E3 Ubiquitin-Proteinligase-Aktivität) mit keiner potenziellen stromalen BTS (SP-Abspaltung an Pos. 27: VEA-QG) besitzt nach Phyre² eine mögliche vorhandene Transmembrandomäne. Das Fusionsprotein lokalisiert vermutlich im cER oder in der PPM (siehe Abbildung 42, A).

Das eGFP-Fusionsprotein einer weiteren vorhergesagten Ubiquitinligase [ID 46465](#) (NCBI BlastP: RING *finger*, H2 subclass, HRD ubiquitin ligase complex) lokalisiert vermutlich im cER oder dem Intermembranraum (IMS) zwischen der dritten und vierten Plastidenmembran (siehe Abbildung 42, B). Es werden keine Transmembrandomänen für dieses Protein durch TMHMMv.2.0 oder Phyre² vorhergesagt. Das Fluoreszenzmuster deutet dennoch eine Membranintegrität oder -assoziiierung an, da bei typischen stromalen Lokalisationen sich das eGFP-Fluoreszenzmuster breitflächig ohne Abgrenzung von Strukturen (punktförmige oder netzartige Strukturen) um die komplexe Plastide ausdehnt. Eine Verifizierung der Membranintegrität durch Karbonatextraktion war gegen Ende dieser Arbeit noch ausständig.

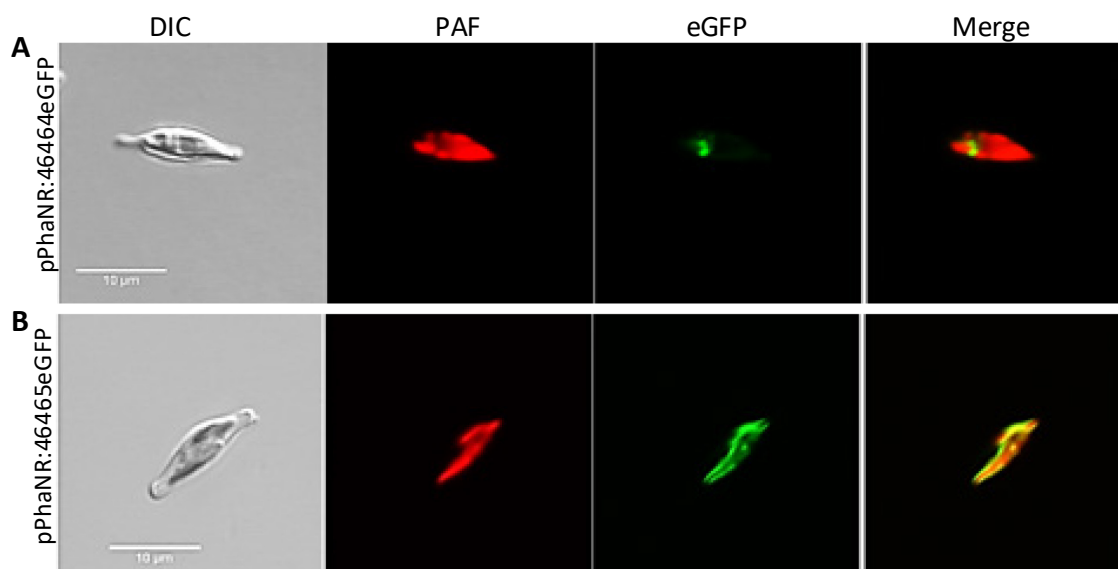


Abbildung 42: Lokalisation von zwei vorhergesagten Ubiquitinligasen in der Diatomee *P. tricornutum*. **A.** Mutmaßliche cER oder PPM-Lokalisation der Ubiquitinligase ID 46464. **B.** Lokalisation in erster oder zweiter Plastidenmembran der potenziellen Ubiquitinligase ID 46465. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF.

SignalPv.3.0 sowie Phobius detektieren eine mögliche Abspaltung eines potenziellen Signalpeptids an Position 21 der Proteinsequenz (VSS-RK), sodass das Protein ID 46465 eine potenzielle nicht stromale, zweigeteilte Zielsteuerungssequenz (BTS) besitzt. Gemäß einer potenziellen nicht stromalen BTS sowie keiner vorhandenen Transmembrandomänen, könnte das Protein im cER lokalisiert sein. Gemäß einer potenziellen stromalen BTS kommt eine Lokalisation im Intermembranraum zwischen oEM und iEM infrage.

4 Diskussion

Diatomeen gehören zu marinen Algen und fixieren rund 20 % des globalen Kohlenstoffs (Ward et al. 2019; Kooistra et al. 2007; Morel und Price 2003). Sie beherbergen eine komplexe Plastide rhodophytischen Ursprungs, welche vermutlich einem polyphyletischen Ereignis aus Endosymbiose höherer Ordnung entstammt (vgl. (Cavalier-Smith 2018; Archibald 2015)). Die Etablierung einer ancestralen Rhodophyte als Endosymbiont zu einem semiautonomen Zellorganell ging mit einer sukzessiven Integration, Reduktion der ancestralen Rhodophyte sowie einer zellulären Adaption des Zellorganells einher (Vries und Gould 2018; Shenglan et al. 2006; Yoon et al. 2004; Stoebe und Maier 2002).

Im Gegensatz zu Crypto- und Chlorarachniophyta wurde ein Großteil der Symbionten-spezifischen Gene in Heterokonto-, Haptophyta, Apicomplexa und Dinoflagellata eliminiert bzw. ins Wirtsgenom integriert, sodass der frühere symbiontische Nukleus eliminiert wurde (Tanifuji et al. 2014; Gould et al. 2006b; Stoebe und Maier 2002). Der Proteinimport der auf dem Wirts-Nukleus kodierten plastidären Präproteine resultierte in der Etablierung neuer Transportmechanismen. Im Falle von löslichen stromalen Proteinen umfasst der Proteinimport in die komplexe Plastide die Passage von vier Hüllmembranen bis ins Stroma.

Nach dem aktuellen Transportmodell werden die ungefalteten, plastidären Präproteine vermutlich *via* Sec61-Translokon ins cER transloziert (Stork et al. 2012; Moog et al. 2011; Agrawal et al. 2009). Basierend auf Sequenzanalysen des Nukleomorph der Cryptophyte *Guillardia theta* konnten ERAD-L-Homologe unter anderem in der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* identifiziert werden (Sommer et al. 2007). Daraufhin wurde anhand von *in vivo* Lokalisations- und Interaktionsstudien für den Transport entlang der zweiten Plastidenmembran (PPM) ein ERAD (ER-assoziierte Degradation)-rezykliertes Transportsystem, die *Symbiont-specific ERAD-like machinery* (SELMA), postuliert (Lau et al. 2015b; Felsner et al. 2011; Moog et al. 2011; Bullmann et al. 2010; Hempel et al. 2009; Sommer et al. 2007). Der Proteinimport an der PPM wird in Heterokonto-, Hapto-, Cryptophyta sowie Apicomplexa vermutlich durch SELMA vermittelt (Felsner et al. 2011; Sommer et al. 2007). Als Schlüsselement des Proteintransports an der PPM konnte ein postulierter Importrezeptor bisher noch nicht identifiziert werden. Er kann entweder als cER, PPM-ständiges oder -assoziiertes Rezeptorprotein plastidäre Präproteine im cER anhand ihrer TPL oder noch unbekannter intrinsischer Zielsteuerungssequenzen erkennen und rekrutiert diese für den weiteren Transport an der PPM.

Im Rahmen dieser Arbeit wurden durch gerichtete *in silico* Ansätze (Suche nach Proteinmotiven/Homologen der verwandten Apicomplexa) und einer LC-MS Analyse des nativ aufgetrennten SELMA-Komplex potenzielle Importrezeptor-Proteine gesucht und lokalisiert. Davon wurden 32 Proteine mit unbekannter Funktion in der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* als eGFP-Fusionsproteine lokalisiert.

4.1 Kriterien der zielgerichteten *in silico* Analysen

Für den Proteinimport der auf dem Wirts-Nukleus kodierten plastidären Präproteine sind spezifische Zielsteuerungssequenzen erforderlich (Shi und Theg 2013; Sommer et al. 2007; Gould et al. 2006a). Im Fall von Organismen mit komplexer Plastide rhodophytischen Ursprungs handelt es sich um eine zweigeteilte Zielsteuerungssequenz, das *bipartite targeting signal* (BTS) (Huesgen et al. 2013; Gould et al. 2006a). Die BTS besteht aus einem dem sekretorischen Weg äquivalenten Signalpeptid (SP) und einer Transitpeptid-ähnlichen Sequenz (TPL) (Moog 2018; Gould et al. 2006a). Die TPL stromaler Proteine ist dem Transitpeptid primärer Plastiden ähnlich (Stork et al. 2012; Gould et al. 2006a). Die TPL von PPC Proteinen hingegen stellt eine Kombination aus dem N-Terminus sekretorischer Proteine und dem Transitpeptid stromaler Proteine aus primären Plastiden dar (Grosche et al. 2014; Mernberger et al. 2014). Eine Diskriminierung zwischen stromalen und PPC-residenten Präproteinen findet vermutlich durch das PPM-Protein sDer1-1 statt (Hempel et al. 2009; Gould et al. 2006a). Handelt es sich an der ersten Position nach dem Signalpeptid (+1 Position TPL) um eine aromatische Aminosäure oder die Aminosäure (Iso-)Leucin, werden im Fall von Phe, Tyr, Trp oder (Iso-)Leu in der Regel die Proteine aus dem PPC weiter zu oEM, iEM oder ins Stroma auf unbekannte Art und Weise transportiert (Stork et al. 2012; Hempel et al. 2009; Gould et al. 2006a). Im Falle anderer Aminosäuren verbleiben die Präproteine im PPC. Gemäß der Hypothese erfolgt nach Abspaltung der TPL im periplastidären Kompartiment (PPC) der Faltungsprozess mithilfe Symbiont-spezifischer Chaperone (z.B. sHsp70) (Lau et al. 2016; Lau et al. 2015b; Stork et al. 2012; Moog et al. 2011). Die Rolle der ersten Aminosäure der TPL (+1 Pos.) verdeutlicht die essenzielle Bedeutung der Reliabilität der Vorhersage des Signalpeptids.

Unabhängig der gewählten und durchgeführten Ansätze basierte die Auswahl der Kandidaten der *in vivo* Protein-Lokalisationen auf den gleichen Kriterien. Aufgrund der postulierten Lokalisation in cER oder PPM muss der postulierte Importrezeptor in jedem Fall über ein Signalpeptid verfügen. Handelt es sich um ein assoziiertes oder integriertes Protein der zweiten Plastidenmembran, verfügt das Rezeptorprotein ebenfalls über eine TPL und somit über eine zweigeteilte Zielsteuerungssequenz. Demnach darf gemäß der Hypothese an erster Position nach dem potenziellen Signalpeptid keine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin befindlich sein.

Für die Signalpeptid-Vorhersagen wurden diverse Algorithmen komparativ genutzt (siehe Tabelle 15: Internetaanwendungen). Für deutlich weniger als 50% der aus allen Ansätzen untersuchten Proteine konnte kein Signalpeptid detektiert werden. Entsprechend der potenziellen Abspaltungsposition der Signalpeptide wurde die erste Position der TPL auf Phe, Tyr, Trp und (Iso-)Leu überprüft. Proteine, welche nach mindestens zwei Algorithmen an +1 Position nach dem vorhergesagten Signalpeptid keine aromatischen Aminosäuren oder ein (Iso-)Leucin aufwiesen, wurden als potenziell nicht stromal gewertet. Proteine ohne Signalpeptid oder potenzieller stromaler BTS wurden aus den weiteren Lokalisationsstudien

exkludiert. Gegensätzlich zu Signalpeptid-Vorhersagen stellt die *in silico* Identifikation der Transitpeptid-ähnlichen Sequenz einen signifikanten Schwachpunkt dar. Die TPL ist nicht hoch konserviert und lässt sich daher nur durch *Alignments* von homologen Proteinsequenzen *via* NCBI BlastP bestimmen (Grosche et al. 2014; Mernberger et al. 2014). Da keine definierten Kriterien für TPLs wie beispielsweise eine definierte Länge oder charakteristische Proteinmotive existieren, kann es zu falsch positiven Auswertungen kommen (Felsner et al. 2011). Die Bestimmung der TPL ist weiterhin stark abhängig von vorhandenen EST-Daten. Aufgrund dessen lassen sich trotz Berücksichtigung der konservierten Domänen und weiterer Zielsteuerungssequenzen falsch positive Lokalisationen nicht komplett ausschließen. In dieser Arbeit wurden sieben Fusionsproteine mutmaßlich im ER, ein mutmaßliches zytosolisches, ein Fusionsprotein in der Plasmamembran sowie drei weitere Fusionsproteine vermutlich in den Mitochondrien als falsch positiv lokalisiert (siehe Übersicht in Abbildung 43).

Vorhersage-Algorithmen für Lokalisationen wie TargetPv.1.1 oder ChloroP unterstützen *in silico* Analysen in Organismen mit komplexer Plastide nur bedingt. Die Algorithmen basieren auf Modellorganismen (z. B. *Escherichia coli*, *Saccharomyces cerevisiae*), welche eine signifikant geringere Komplexität der zellulären Strukturen aufweisen als beispielsweise Diatomeen (Emanuelsson et al. 2007). Diatomeen bzw. deren spezifische BTS sind sekundären endosymbiontischen Ursprungs und unterscheiden sich daher signifikant von den potenziellen Zielsteuerungssequenzen der für die Algorithmen-Berechnung verwendeten Modellorganismen (Emanuelsson et al. 2007). Die Vorhersage mit TargetPv.v1.1 stellt somit eine Ergänzung der *in silico* Analysen dar, war aber in dieser Arbeit kein ausschließendes Kriterium der Auswahl an Importrezeptor-Kandidaten. Als Beispiel dieser „Vorhersagen-Problematik“ kann das verifizierte PPC-Protein TPR ID 46675 dienen. Dieses wurde durch SA-GFP, TEM-Aufnahmen und Interaktionsstudien mit Proteinen der komplexen Plastide als PPC-Protein verifiziert. Entsprechend der vorhergesagten Position der Abspaltung des Signalpeptids durch SignalPv.3.0 (TFA-LS) handelt es sich um ein potenziell stromales Protein. Nach TargetPv.1.1 besitzt TPR-ID 46675 eine mitochondrielle Transitpeptidsequenz. Tatsächlich lokalisiert das Protein jedoch im PPC und demnach widerspricht die Vorhersage einerseits TargetPv.1.1 und bestätigt Phobius mit Asparagin (D) an +1 Position der TPL.

Unter Berücksichtigung konservierter Domänen und weiterer Zielsteuerungssequenzen (z. B. KDEL/XDEL für ER-Proteine) wurden Proteine für Lokalisationsstudien ausgewählt (Emanuelsson et al. 2007). Proteine mit eindeutig annotierten Domänen wie beispielsweise ribosomaler Untereinheit oder z.B. KDEL-Sequenz wurden aus den *in vivo* Studien exkludiert. Für die Vorhersagen der konservierten Domäne wurden Algorithmen von unter anderem NCBI BlastP, InterPro und Phyre² genutzt (siehe Tabelle 15 Internetanwendungen). Durch dieses Spektrum der diversen und unterschiedlichen Algorithmen konnte eine umfassendere Einschätzung der potenziell vorhandenen funktionellen Domänen erfolgen. Auf der Suche nach spezifischen Proteindomänen wie TPRs oder WD40-Domänen wurde sich auf Proteinmodelle fokussiert, welche entweder exklusiv diese Domänen oder Domänen unbekannter Funktion mit den besagten

Proteindomänen aufwiesen. Die Relevanz dieser Proteinmotive wird in Einleitung 1.4 TPR und WD40 Proteindomänen als Proteininteraktionsmodule näher erläutert. Die Annotationen in den Genomdatenbanken von *P. tricornutum* wurden mittels diverser weiterer Algorithmen auf die bereits erwähnten konservierten Domänen überprüft. In jedem Fall wurden Importrezeptor-Kandidaten aus den weiteren Lokalisationsstudien ausgeschlossen, wenn sie keine relevanten Domänen wie zum Beispiel Assoziationen mit der Fotosynthesemaschinerie oder Proteinbiosynthese und/oder enzymatische Funktionen aufwiesen. Da der Importrezeptor ein noch nicht identifiziertes Protein darstellt, wurde weiterhin davon ausgegangen, dass dieser unter Umständen auch eine unbekannte konservierte Domäne besitzt. Proteine, mit den entsprechenden Annotationen (TPR, WD40, DUF u. ä.) wurden nach positiver Wertung der relevanten Domänen als Fusionsproteine in voller Länge mit eGFP am C-Terminus in der Diatomee *P. tricornutum* lokalisiert.

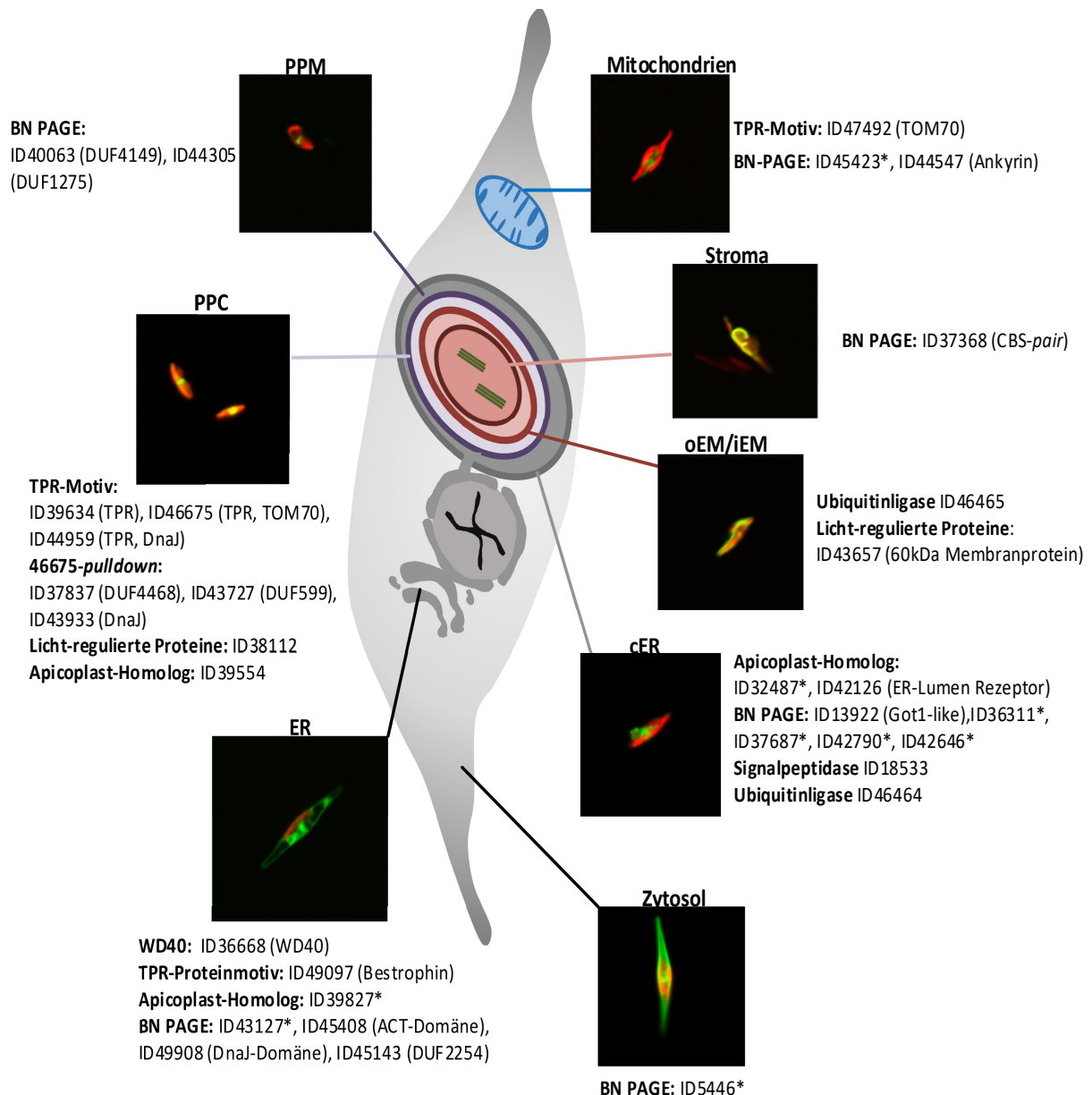
Relevant für die Suche nach dem Rezeptorprotein sind cER und PPM-Lokalisationen. Die Diskriminierung zwischen dem cER und hER stellt auf der Suche nach cER-lokalisierten Proteinen jedoch ein besonderes Hindernis dar. Der Hypothese nach sind Wirts-ER (hER), äußere Kernmembran und *chloroplast* ER (cER) im Kontinuum (Liu et al. 2016; Apt et al. 2002; Gibbs 1979). Wie jedoch das entsprechende *protein targeting* des cER-Subkompartiments im Vergleich zu hER und Kernmembran erfolgt ist unklar. Spezifische Zielsteuerungskriterien des cER sind genauso unbekannt wie die Tatsache, ob überhaupt zwischen hER und cER diskriminiert werden kann. Möglich sind noch nicht identifizierte Interaktionspartner, welche cER-spezifische Proteine anhand potenzieller intrinsischer Zielsteuerungssequenzen im cER-Kompartiment zurückhalten. Die Klärung dieses *protein sorting* Mechanismus bedarf grundlegender Forschung. Weiterhin sind *in vivo* cER-Lokalisationen schwer zu identifizieren. Weder gibt es ein bisher eindeutig identifiziertes cER-Protein, welches als Marker für Topologiebestimmungen dienen könnte. Noch können anhand von elektronenmikroskopischen Aufnahmen die einzelnen Plastidenmembranen mit ihren Kompartimenten signifikant unterschieden werden. TEM-Aufnahmen können Aufschluss über eine grundsätzliche plastidäre Lokalisationen geben. Sie ermöglichen jedoch keine weitere Verifizierung des expliziten Kompartiments bzw. der expliziten Plastidenmembran aufgrund der dichten Kompartimentierung der komplexen Plastide.

Die Basis aller bioinformatikbasierten *in silico* Analysen stellt die Qualität der vorhandenen Proteinsequenzen in den Genomdatenbanken dar. Die Vollständigkeit von Genmodellen bestimmt die Verlässlichkeit der Vorhersagen. Für *Phaeodactylum tricornutum* stehen zwei Genomdatenbanken zur Verfügung: PhatrDBv2.0 (JGI) und PhatrDBv3.0 (EnsemblProtists). Beide wurden zueinander ergänzend für den Abgleich von Nukleotid-/Proteinsequenzen verwendet und zusammen mit (insofern vorhandenen) EST-Daten zur Überprüfung von Genmodellen genutzt. Gegebenenfalls wurden unvollständige Genmodelle entsprechend der EST-Daten am N-Terminus verlängert (z. B. *Got1-like* Protein aus Blue Native-PAGE Ansatz, [ID 13922](#)). Die Vollständigkeit der Genmodelle bzw. Proteinsequenzen ist essenziell für die

Gewährleistung der korrekten Lokalisation der Fusionsproteine, welche anhand der N-terminalen BTS der plastidären Präproteine erfolgt.

Da der postulierte Importrezeptor sowohl ein cER-Rezeptorprotein (löslich) oder ein in der PPM-integriertes bzw. -assoziiertes Protein sein kann, nahm die Vorhersage von Transmembrandomänen eine untergeordnete Rolle der *in silico* Analysen ein. Die Transmembrandomänen-Vorhersagen wurden ergänzend mit TMHMMv.2.0 und teilweise Phyre² durchgeführt. Zur Verifizierung der tatsächlichen Membranintegrität wurden für einige lokalisierte Proteine Karbonatextraktionen (löslich, assoziierte und integrale Proteinfractionierung) durchgeführt.

Trotz gewissenhafter Überprüfung, der hohen Zuverlässigkeit der Signalpeptid-Vorhersagen sowie der Vorhersagen von konservierten Domänen können falsch positive Lokalisationen nicht komplett ausgeschlossen werden. Dieses liegt in den verfügbaren Algorithmen begründet, welche bisher nicht für komplex aufgebaute Organismen wie Diatomeen ausgelegt sind. Weiterhin ist die Vorhersage der TPL-Sequenz nach wie vor unzuverlässig und entspricht einer Abschätzung *via* Sequenzabgleichungen auf Aminosäureebene. Letztlich können nach heutigem Stand der Vorhersage-Algorithmen häufig nur *in vivo* Studien von Fusionsproteinen die tatsächlichen Lokalisationen klären. In diesem Kontext wurden deshalb verschiedene Internetanwendungen für die *in silico* Analysen ausgewählt, miteinander abgeglichen und anhand der vorab definierten Kriterien 61 Kandidaten für *in vivo* Lokalisationen ausgewählt. Abbildung 43 zeigt eine Zusammenfassung der im Zuge dieser Arbeit in *P. tricornutum* 32 lokalisierten eGFP-Fusionsproteine.



* Keine detektierte putativ konservierte Domäne (NCBI BlastP)

Abbildung 43: Übersicht der 32 Proteinlokalisierungen in der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum*. Die Abbildung zeigt eine Übersicht der in dieser Arbeit lokalisierten eGFP-Fusionsproteine in der Diatomee *P. tricornutum*. Die Proteine wurden entsprechend dem Kompartimenten zusammengefasst. **Legende:** PPM: Periplastidäre Membran (*periplastidal membrane*) PPC: Periplastidäres Kompartiment (*periplastidal compartment*) ER: Endoplasmatisches Retikulum cER: Chloroplasten ER oEM: 3. Dritte Plastidenmembran (*outer envelope membrane*) iEM: Vierte Plastidenmembran (*inner envelope membrane*)

Die vermutlich im sekretorischen Weg, in den Mitochondrien und in der oEM/iEM lokalisierten Proteine wurden aufgrund der irrelevanten Lokalisation bezüglich der Identifikation des postulierten Rezeptorproteins nicht weiter charakterisiert. Die ER-lokalisierten Proteine verfügten über keine für den sekretorischen Weg übliche N-terminale KDEL- oder HDEL-Signalsequenzen (Emanuelsson et al. 2007).

Die mutmaßlichen cER-, PPC- sowie PPM-Proteine und deren möglichen Funktionen werden im Folgenden diskutiert.

4.2 Neue Proteine im PPC der komplexen Plastide von *P. tricornutum*

Von den in Abbildung 43 gezeigten Proteinlokalisationen zeigen 20 für die Zielsetzung dieser Arbeit relevante Lokalisationen. Diese wurden durch zwei verschiedene zielgerichtete Ansätze identifiziert. Die erste Studie verfolgt einen in der Zellbiologie häufig angewandten *in silico* Ansatz mittels bioinformatischer Algorithmen gezielt Proteine mit spezifischen funktionellen Domänen zu identifizieren.

In dieser Arbeit wurde gezielt Proteinen mit den hoch konservierten Proteininteraktionsmodulen der TPR- und WD40-Domänen in der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* gesucht. Basierend auf der Tatsache, dass bereits charakterisierte Importrezeptoren der Peroxisomen PTS1R (Pex5) oder der Mitochondrien TOM70 über TPR-Domänen verfügen, wurden Genomdatenbanken von *P. tricornutum* gezielt nach TPR-annotierten Proteinen überprüft. TPR-Domänen ermöglichen durch ihre α -Superhelikale Struktur ubiquitär in allen Organismen die Assemblierung von Proteinkomplexen oder Proteininteraktionen (vgl. Übersichtsartikel von (Bohne et al. 2016; D'Andrea und Regan 2003; Das et al. 1998)). Durch die durchgeführte zielgerichtete *in silico* Identifikation von TPR-Proteinen in der Diatomee *Phaeodactylum tricornutum* wurden drei mutmaßliche PPC-Proteine mit unterschiedlichen funktionellen Domänen identifiziert (siehe Abbildung 43). Für ein TPR-/TOM70-Protein ([ID 46675](#)) konnte die PPC-Lokalisation anhand verschiedener Methoden (SA-GFP, TEM-Aufnahmen) weitestgehend verifiziert werden (vgl. Ergebnisteil 3.1.1.2). Mögliche Interaktionspartner wurden mittels eGFP-*pull-down* mit dem Fusionsprotein und massenspektrometrischer Analyse des Eluats identifiziert. Anhand dessen wurden drei mutmaßliche PPC-residente Proteine identifiziert: [ID 37837](#), [ID 43727](#) und [ID 43933](#) (siehe Diskussionsteil 4.2.1 Proteine mit möglicher Chaperon-Aktivität im PPC). Darüber hinaus konnten spezifische Interaktionen mit zwei mutmaßlichen PPM-ständigen *mitochondrial carrier* Proteinen MCP3/MCP7 sowie dem SELMA-PPM-Protein sDer1-1 gezeigt werden.

Die weitere relevante Proteindomäne WD40 ist ebenfalls ein konserviertes Proteinmotiv, welches analog zu TPR-Domänen Proteininteraktionen ermöglicht. Prominentes Beispiel eines WD40-Proteins ist PEX7 in *S. cerevisiae*, welches spezifisch als Rezeptorprotein die peroxisomale Zielsteuerungssequenz PTS2 am C-Terminus von Substraten erkennt und bindet (vgl. Zusammenfassung von (Kao et al. 2018)). Im Gegensatz zu TPR-Proteinen formieren WD40-Proteine aufgrund spezifischer Interaktionen von Aminosäureresten einen β -Propeller (vgl. (Jain und Pandey 2018; Wang et al. 1994)). Als einziges WD40-Protein wurde [ID 36668](#) als eGFP-Fusionsprotein vermutlich im sekretorischen Weg identifiziert. Aufgrund dessen wurde dieses Protein für weitere Charakterisierungen exkludiert.

4.2.1 Proteine mit möglicher Chaperon-Aktivität im PPC

Chaperone unterstützen durch ihre aktiven Zentren vor allem Proteinfaltungsprozesse und gewährleisten die Integrität des Wirts-ER, indem sie die Akkumulation von naszierenden Polypeptiden verhindern (siehe

5.1 Überblick grundlegender Mechanismen der ER-assoziierten Degradation). Nach dem aktuellen Transportmodell werden plastidäre PPC-Präproteine *via* SELMA ins PPC transloziert (Lau et al. 2016; Stork et al. 2012). Nach der Abspaltung ihrer TPL werden die Proteine im periplastidären Kompartiment wahrscheinlich gefaltet und können ihre native Konformation einnehmen (Lau et al. 2016; Stork et al. 2012). Dieser Faltungsprozess wird vermutlich analog zum ER durch Chaperon-Aktivitäten unterstützt. Ein bekanntes ER-Chaperone wurde als Symbiont-spezifische Version im PPC identifiziert: sHsp70 (*heat shock protein 70*) (Moog et al. 2011; Gould et al. 2006a). Moog et al. identifizierten weitere Chaperone Symbiont-spezifischer Chaperone (sDnaK, sDtc, sDpc) im PPC (Moog et al. 2011).

Im Rahmen dieser Arbeit wurden zwei weitere mögliche PPC-Chaperone, ID 44959 und ID 43933, identifiziert. Das mutmaßliche Chaperon ID 44959 enthält am C-Terminus eine bakterielle DnaJ-Domäne als auch eine vorhergesagte, für Gram-negative Bakterien spezifische PEP-C-Term Domäne (siehe Abbildung 58 im Anhang 5.5 Proteinsequenzen, NCBI BlastP). Das bakterielle PEP-C-Term-System ist nicht genetisch hoch konserviert in Gram-negativen Bakterien und zeichnet sich durch ein C-Terminales PEP-Proteinmotiv (Prolin-Glutaminsäure-Prolin) aus (Haft et al. 2012; Haft et al. 2006). Dem PEP-Proteinmotiv folgt eine Transmembrandomäne, eine Akkumulation an basischen Aminosäuren sowie zusätzliche TPR-Wiederholungseinheiten (auch bei dem hier lokalisierten Fusionsprotein) (Haft et al. 2012). Bisher wurde kein bakterielles PEP-CTERM-Protein näher charakterisiert, sodass mögliche Funktionen auf Spekulationen beruhen (Haft et al. 2012; Haft et al. 2006). Das mögliche Chaperon 44959 wurde neben dem *in silico* Ansatz zu TPR-Proteindomänen, in der Massenspektrometrie des *pulldowns* mit dem Fusionsprotein 46675eGFP detektiert, sodass eine Interaktion mit diesem TPR-Protein möglich scheint. Interaktionsstudien zwischen dem Protein ID 46675 sowie ID 44959 könnten darüber Aufschluss geben. Generell könnten Interaktionsstudien mit den bereits bekannten Chaperonen im periplastidären Kompartiment Aufschluss über eine mögliche Involvierung in den Proteinfaltungsprozess von PPC-Proteinen geben.

Als weiteres Chaperon wurde das sequenzähnliche Apicomplexa-Protein ID 43933 im PPC der komplexen Plastide mittels KLSM und TEM nachgewiesen (siehe Abbildung 23 (D) und Abbildung 25). Es konnte für das eGFP-Fusionsprotein gezeigt werden, dass es sich um ein lösliches Protein mit plastidärer Lokalisation handelt (vgl. TEM-Aufnahmen und Karbonatextraktion in Abbildung 25). Bei dem Apicomplexa-Homolog ID 43933³⁵ handelt es sich um ein DnaJ-Homolog (bakterielle DnaJ-Domäne mit C-terminalen Zink-Finger, NCBI BlastP).

Beide Proteine besitzen eine Hsp70-Interaktionsdomäne (DnaJ), welche zur Hsp40-Co-Chaperonefamilie gehört und die ATPase-Aktivität von Hsp70 reguliert (vgl. Zusammenfassung von (Pulido und Leister 2018; Qiu et al. 2006)). Das Hsp70-Chaperone bindet an Polypeptide und begünstigt dadurch den Faltungsprozess (Pulido und Leister 2018; Qiu et al. 2006). Durch gezielte Interaktionsstudien zwischen PPC-

³⁵ *P. falciparum* 3D7: PF3D7_0201800.1-p1; *P. malariae*: PmUG01_04019200.1-p1

residenten, stromalen Proteinen und den neuen identifizierten PPC-Chaperonen können Erkenntnisse über mögliche Funktionen im PPC überprüft werden.

4.2.2 Proteine mit unbekannter Funktion im PPC – DUFs

Konservierte Domänen bzw. Proteinmotive stellen häufig einen elementaren Startpunkt zellbiologischer Studien dar und können aufgrund ihrer Konservierung auch zum Verständnis der Evolutionsgeschichte beitragen (Nadzirin und Firdaus-Raih 2012). Zahlreiche der hier untersuchten Proteine besitzen entweder keine detektierbare Domäne oder Domänen unbekannter Funktion (DUF). Für diese Proteine kann keine Aussage über die spezifischen Funktionen im jeweiligen Kompartiment (cER, PPM oder PPC) getroffen werden.

Für ein mögliches PPC- oder oEM-integriertes Protein (ID [39634](#)) wird lediglich eine TPR-Proteindomäne detektiert, sodass sich Spekulationen über mögliche Funktionen auf allgemeine TPR-spezifische Charakteristika wie die Vermittlung von Proteininteraktionen oder Assemblierung von Proteinkomplexen beschränken.

Für eine signifikante Anzahl von Proteinen wurden Domänen unbekannter Funktion detektiert. Rund 22 % der etwa 14.000 Proteinfamilien in der Pfam-Datenbank annotierten Domänen entsprechen Domänen unbekannter Funktion, welche nach wie vor wenig charakterisiert sind (El-Gebali et al. 2019). Davon entfallen 43 % prokaryotischer Genome auf DUFs und etwa 19 % finden sich bei Eukaryoten (El-Gebali et al. 2019). DUFs finden sich ubiquitär in allen Taxa, wenn auch mehr oder weniger stark präsent (El-Gebali et al. 2019; Goodacre et al. 2013). In Protisten entsprechen 15 % von insgesamt etwa 5.105 annotierten Proteinfamilien Domänen unbekannter Funktion (Goodacre et al. 2013). Funktionelle Studien von DUFs erweisen sich als schwierig, da die nicht detektierbaren Motive keinen Anhaltspunkt für solche Analysen darstellen können. Durch *Knock-out*-Mutanten für ein Protein mit DUF143 konnte gezeigt werden, dass DUFs unter Umständen essenzielle Funktionen erfüllen³⁶ (Baba et al. 2006).

Die beiden möglicherweise im PPC lokalisierten Proteine wurden mit DUF4468 ([ID 37837](#)) sowie DUF599 ([ID 43727](#)) annotiert. Über eine mögliche Funktion des Proteins mit DUF599 ([ID 43727](#)) kann keine Aussage getroffen werden. Für das Protein mit einer möglichen PPC-Lokalisation konnten vorhandene Transmembrandomänen via Karbonatextraktion verifiziert werden. Somit könnte es sich um ein Protein mit dem C-Terminus im PPC handeln, während der N-Terminus in der PPM oder oEM integriert sein könnte (siehe Abbildung 44). Für die Determinierung der PPM- oder oEM-Integration ist allerdings eine Topologiebestimmung mit entsprechenden Markerproteinen oder die Lokalisation der Zielsteuerungssequenz ohne Transmembrandomänen notwendig. Bei einem PPM-residenten Protein würde das BTS-Fusionsprotein (ohne TMD) im cER, im Falle eines oEM-Proteins im PPC arretieren. Das Protein wurde durch den

³⁶ Ein *Knock-out* von DUF143 resultierte in *E. coli* zu keinem wahrnehmbaren Phänotyp (Baba et al. 2006).

pull-down mit dem Fusionsprotein 46675 eGFP sowie während des BN-PAGE-Ansatzes mit dem SELMA-Komplex detektiert.

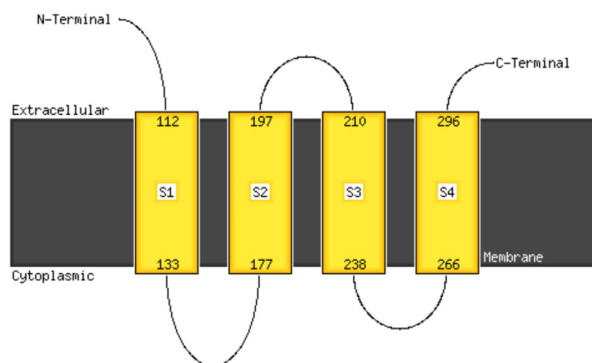


Abbildung 44: Topologie des Membranproteins ID 43727. Modell von Phyre².

Bei dem mit DUF4468 (Phyre²) annotierten, mutmaßlichen PPC-Protein ([ID 37837](#)) handelt es sich um ein unbekanntes konserviertes Protein. Mittels NCBI BlastP wird keine konservierte Domäne detektiert. DUF4468 (Phyre²) des Proteins [ID 37837](#) wird durch Pfam als typische DUF sekretorischer Proteine des menschlichen Darms annotiert. Die Überprüfung nach funktionellen DNA-Bindedomänen der Nukleotidsäuresequenz ergab Treffer bezüglich einer C-Terminalen Remorin-Region als auch einer ToIA-Superfamilie. Remorine sind pflanzenspezifische Proteine, welche mit Funktionen bezüglich der Membranintegrität und/der Pathogenese in Verbindung gebracht werden (vgl. Übersichtsartikel von (Yu 2020)). Weiterhin wird die Nukleotidsequenz [ID 37837](#) als mögliches ToIA-Protein detektiert, eine Proteingruppe, welche in den Transport von Colicin und der Pathogenese involviert sein könnte (Petiti et al. 2019; Housden und Kleanthous 2012). Für die Aufklärung der möglichen Funktion des Proteins muss zunächst dessen plastidäre Lokalisation verifiziert werden. Potenzielle Interaktionspartner der DUF-Proteine können darüber hinaus vermutlich nur durch „*trial and error*“ ermittelt und daraus mögliche Schlussfolgerungen bezüglich mutmaßlicher Funktionen getroffen werden.

4.2.3 Ein mögliches lichtreguliertes Protein lokalisiert vermutlich im PPC

Die Zielsteuerung ins cER ist nach wie vor unbekannt (Liu et al. 2016). Es ist unklar, ob es sich um Interaktionspartner handelt, welche cER-Proteine zurückhalten oder ob intrinsische Zielsteuerungssignale ähnlich zu mitochondrialen Proteinen existieren. Es sind detaillierte Analysen notwendig, um eine Unterscheidung zwischen dem Wirts- und dem Chloroplasten ER (hER/cER) treffen zu können. Nach dem aktuellen Transportmodell erfolgt während des Lichtzyklus eine hypothetische Erhöhung der Proteinlast im cER, aufgrund der gesteigerten Metabolismus-/Fotosyntheserate in (komplexen) Plastiden phototropher Organismen (Stork et al. 2012). Gemäß dieser Hypothese, passieren für den Proteinimport in die Plastide mehr noch ungefaltete, plastidäre Präproteine das cER. Der unbekannte postulierte Importrezeptor wird demnach während des Lichtzyklus hochreguliert, um die akkumulierten plastidären Präproteine anhand ihrer TPL oder anderer unbekannter Zielsteuerungssequenzen zu erkennen und für den weiteren Import

an der zweiten Plastidenmembran rekrutieren zu können. Das Rezeptorprotein könnte hypothetisch ein lichtreguliertes Protein darstellen.

Aufgrund dieser Hypothese wurden gezielt lichtregulierte und als solche annotierte Proteine identifiziert, welche die definierten Kriterien erfüllen (siehe 4.1 Kriterien der zielgerichteten *in silico* Analysen). Von diesen drei, den Kriterien entsprechenden Kandidaten, lokalisiert ein eGFP-Fusionsprotein mutmaßlich im PPC (ID 38112). Die anderen beiden Proteine lokalisieren stromal und im sekretorischen Weg (siehe Abbildung 28, B-C). Die NCBI BlastX sowie BlastP-Analyse konnte für das Protein ID 38112 keine konservierten Domänen detektieren. Unter Berücksichtigung des Phyre²-Algorithmus handelt es sich um ein lösliches Protein mit möglicher Oxidoreduktase-Aktivität. Ein Beispiel einer Oxidoreduktase in Organismen mit komplexer Plastide ist Mia40. Dieses Enzym hilft bei der Ausbildung von Disulfidbrücken-Bindungen von mitochondrialen Präproteinen (Mallo et al. 2018). Diese können dadurch ihre native Konformation einnehmen und verbleiben im Intermembranraum zwischen äußerer und innerer Mitochondrienmembran von *T. gondii* (Mallo et al. 2018).

4.2.4 Ein sequenzähnliches Apicoplast-Protein unbekannter Funktion lokalisiert mutmaßlich im PPC

Ein Apicoplast-Homolog aus *Plasmodium falciparum* 3D7 mit keiner detektierbaren konservierten Domäne (Nukleotidsäure-/Aminosäuresequenz) lokalisiert möglicherweise im PPC. Das Protein (ID 39554)³⁷ besitzt ein zu ASA-FAP ähnliches Motiv (ATA-VD) und wurde durch Karbonatextraktion als integrales Protein identifiziert (siehe Abbildung 23, B und E). Eine Validierung der tatsächlichen Lokalisation könnte anhand der Lokalisation eines Fusionsproteins aus zweigeteilter Zielsteuerungssequenz (BTS) und C-terminalen eGFP erfolgen. Sollte es sich um ein PPM-integriertes Protein mit dem C-Terminus im PPC handeln, müsste theoretisch eine Lokalisation im cER resultieren. Im Falle einer N-terminalen oEM-Lokalisation des Proteins mit einem im PPC lokalisierten C-Terminus, sollte die Lokalisation des BTSeGFP-Proteins eine PPC-typische *blob-like structure* zeigen. Da durch die Lokalisation der BTS die vorhergesagten Transmembrandomänen fehlen (sollten), kann das Protein nicht in die jeweilige Membran (PPM/oEM) integriert werden und die TPL (mit eGFP am C-Terminus) müsste im entsprechenden löslichen Kompartiment (cER/PPC) arretieren. Es bedarf weiterer Topologiebestimmungen, um mögliche Funktions- und Interaktionshypothesen aufstellen zu können.

4.3 Rekrutiert ein PPC-TPR-Protein *mitochondrial carrier* Proteine an die PPM?

Das TPR-Fusionsprotein ID 46675eGFP konnte durch verschiedene Methoden als PPC-Protein verifiziert werden. Weiterhin wurden durch die proteinbiochemische Methode eines eGFP-pulldown mit dem

³⁷ *P. falciparum* 3D7: PF3D7_0106000.1-p1 (*conserved unknown protein*); kein Homolog zu *P. malariae*

Fusionsprotein 46675 eGFP mögliche Interaktionspartner identifiziert und lokalisiert. Von Dr. Simone Stork wurden *mitochondrial carrier* Proteine durch gerichtete *in silico* Analysen in der komplexen Plastide von *P. tricornutum* lokalisiert (vgl. Dissertation von (Stork 2013a)). Ein von ihr in der PPM lokalisiertes MCP-Protein, MCP7 (ID 35625), wurde *via* LC-MS durch den im Zuge dieser Arbeit durchgeführten eGFP-*pull-down* detektiert. Für dieses und zwei weitere Proteine (MCP3, ID 40221 und sDer1-1, ID 31697) wurden Interaktionen positiv getestet (siehe Abbildung 19). Beide MCPs (MCP3 und MCP7) sind annotierte Transporter für die Substrate Zitrat und Oxoglutarat, welche mutmaßlich in der zweiten Plastidenmembran lokalisieren. MCP7 entspricht dem Hefe-Homolog YHmp2, für das die Substratspezifität bezüglich Zitrat und Oxoglutarat in Mitochondrien von *S. cerevisiae* gezeigt wurde (Castegna et al. 2010).

Die ebenfalls für die Interaktionstests erstellten Konstrukte zwischen 46675 und MCP2 (ID 41519) verzeichneten keine Klone nach dem Partikelbombardment. Dadurch konnte nicht auf eine mögliche stattfindende Interaktion zwischen dem mutmaßlichen SAM³⁸-Transporter MCP2 und dem verifizierten PPC-Protein 46675 überprüft werden.

Entsprechend des postulierten Modells von Dr. Simone Stork werden die plastidären MCPs anhand ihrer zweigeteilten Zielsteuerungssequenz und mutmaßlich vorhandenen intrinsischen Zielsteuerungssequenzen in das periplastidäre Kompartiment der komplexen Plastide importiert (vgl. Dissertation von (Stork 2013a)). Dort nehmen sie im PPC ihre native Konformation ein. Da es sich bei MCP3 und MCP7 um Membranproteine handelt, müssen diese aus dem löslichen Kompartiment PPC zur PPM (MCP7, MCP3) rekrutiert und dort in die jeweilige Membran inseriert werden (vgl. Dissertation von (Stork 2013a)). Dass zusätzlich zur BTS mutmaßlich vorhandene intrinsische Zielsteuerungssequenzen für den korrekten Import in die Plastide notwendig sind, deuten die während dieser Arbeit durchgeführten Lokalisationen von Fusionsproteinen aus BTS der MCPs und C-terminal fusioniertem eGFP an (siehe 5.4.2 im Anhang). Abweichend von den Lokalisationen eGFP-Fusionsproteinen in voller Länge, zeigen die BTS-eGFP-Fusionsproteine eine für den sekretorischen Weg-typische Lokalisation (siehe Abbildung 50 im Anhang).

Der TOM70-Proteinkomplex³⁹ der äußeren Mitochondrienmembran ist für das Erkennen, Entfalten und die anschließende Translokation von Präproteinen in die innere Mitochondrienmembran mitverantwortlich (vgl. Übersichtsartikel von (Kunze und Berger 2015; Brix et al. 1997)). Der Faltungsprozess mitochondrialer Präproteine wird durch Chaperon-Aktivitäten unter anderem der Hsp70-Proteinfamilie (mtHsp70) verhindert und somit der Transport entlang der Mitochondrienmembranen in die Matrix gewährleistet (Fan et al. 2010; Brix et al. 1997). Weiterhin wird in der Literatur für TOM70 eine Substratpräferenz gegenüber mitochondrialen Präproteinen beschrieben, welche vor allem im Transport von Metaboliten in Mitochondrien involviert sind (Fan et al. 2010; Brix et al. 1997). TOM70 erkennt diese Präproteine an ihren

³⁸ S-Adenosylmethionin

³⁹ Zusammen mit den Proteinen TOM20, TOM22, TOM40, TOM5/6/7

spezifischen hydrophoben intrinsischen Zielsteuerungssequenzen und bindet diese (Tsaousis et al. 2011; Brix et al. 1997). In Mitochondrien werden die durch TOM70 gebundenen Präproteine durch eine allgemeine Importpore (GIP, *general import pore*) in die Membranen inseriert und dort entsprechend in die Subkompartimente weitertransportiert (Tsaousis et al. 2011; Fan et al. 2010). Für den menschlichen TOM70-Komplex wurde postuliert, dass der Transport zur Mitochondrienmembran vermutlich einen ATP-abhängigen Transport darstellt, Interaktionspartner oder die GIP-Formierung bleiben bisher unklar (Fan et al. 2010). Unter Berücksichtigung der Interaktionsergebnisse zwischen dem in dieser Arbeit identifizierten TPR-Protein und den beiden MCPs MCP3 und MCP7 sowie sDer1-1 kann folgendes Transportmodell postuliert werden:

Das PPC-Protein ID 46675 verfügt über vier TPR-Wiederholungseinheiten, welche möglicherweise eine TPR-typische α -Superhelikale Struktur ausbilden. Durch die zusätzliche TOM70-Domäne am N-Terminus kann das TPR-Protein die plastidären MCPs, MCP3 und MCP7, nach ihrer Translokation ins PPC erkennen und binden. Nach dem die *mitochondrial carrier* Proteine MCP3 und MCP7 vermutlich via SELMA ins PPC transloziert wurden, bindet das Protein ID 46675 anhand seiner TOM70-Domäne an die Zitrats- bzw. Oxoglutarat-spezifischen MCPs und möglicherweise zusätzlich an spezifische Chaperone (z. B. sHsp70). Das hier als TOM70-annotierte Protein verfügt anders als für TOM70 aus Pilzen oder Tieren beschrieben über vier vorhergesagte TPR-Wiederholungseinheiten (Pilze und Tiere: 11 TPRs, NCBI BlastP). Die durch die TPR-Motive ausgebildete α -Superhelix könnte mutmaßlich eine zusätzliche Bindestelle, die an das Protein und den MCPs bindenden Chaperonen darstellen. Durch unbekannte Art und Weise wird der Proteinkomplex aus ID 46675:MCP3 bzw. ID 46675:MCP7 vermutlich wie für den menschlichen TOM70-Komplex beschrieben, ATP-abhängig an die PPM transportiert. Dort erfolgt dann die weitere Prozessierung der noch ungefalteten MCPs.

In dieser Arbeit konnte weiterhin eine spezifische Interaktion zwischen dem PPM-Protein sDer1-1 gezeigt werden (siehe Abbildung 19). Dieses impliziert, dass das TPR-Protein ID 46675 *via* SELMA ins PPC transloziert wird. sDer1-1 wurde im Zuge der massenspektrometrischen Analyse nicht detektiert. Dieses könnte für einen ineffizienten Trypsinverdau des sDer1-1-Proteins sprechen, wie er bereits durch den Ansatz der Blue Native PAGE beobachtet wurde. Durch einen theoretischen Trypsin-Verdau mittels des *tools* PeptideMass von ExPASy wird gezeigt, dass das Protein sDer1-1 theoretisch in 16 Peptide durch die Protease Trypsin gespalten werden kann. Tatsächlich konnte durch den Blue Native PAGE-Ansatz sDer1-1 detektiert werden. Allerdings wurden statt der hypothetischen 16 resultierenden Peptide jeweils nur zwei identische Peptidfragmente detektiert. Auch durch einen Protease-Cocktail aus Trypsin, Chymotrypsin und Pepsin konnte keine Effizienzsteigerung erzielt werden. Dieses spricht für eine ineffiziente Proteasen-Prozessierung, dass sDer1-1 durch massenspektrometrischen Analysen nur schwer nachweisbar ist.

Für die ebenfalls getesteten Interaktionen zwischen ID 46675 und sCdc48-1, sHsp70 und sAtpC konnte keine Fluoreszenz für die Split-GFP-Konstrukte detektiert werden. Dieses kann als keine stattfindende

oder keine detektierbare Interaktion interpretiert werden. Beim Split-GFP werden ein N- und C-Terminales GFP-Fragment jeweils an einen Interaktionspartner fusioniert, in diesem Fall an den N-Terminus um die BTS der plastidären Präproteine nicht zu maskieren.

Das fehlende Fluoreszenzsignal kann durch eine dem Aufbau der Split-GFP-Konstrukte geschuldete Inhibition der Interaktion verursacht werden. Demnach sollte zukünftig für die Interaktionspartner 46675:sAtpC, 46675:sHsp70 und 46675:sCdc48-1 das N- respektive C-Terminale GFP-Fragment am C-Terminus zwischen potenzieller BTS und dem maturen Protein fusioniert werden. Weitere Störfaktoren sind weiterhin die Position der GFP-Fragmente sowie die Faltung des kompletten Fusionproteins. Die Faltung kann durch die am C-Terminus fusionierten, relativ großen GFP-Fragmente inhibiert und weiterhin potenzielle Interaktionsstellen maskiert werden könnten (Cabantous et al. 2005). Eine solche Inhibition kann für die negativ getesteten Interaktionen von sCdc48-1 und ID 46675 postuliert werden, da das PPC-residente, SELMA-involvierte Protein sCdc48-1 in der LC-MS nachgewiesen wird (aber kein Split-GFP-Signal). Um abschließend spezifische Interaktionen signifikant validieren zu können, bieten sich Ko-Immunopräzipitationen für die zu testenden Interaktionspartner an.

4.4 Ein sequenzähnlicher Apicomplexa- ER-Lumen *Retaining* Proteinrezeptor als möglicher Rezeptor im cER?

Aufgrund der postulierten zellulären Subkompartimentierung zwischen hER und cER müssen plastidäre Präproteine aus dem Zytosol in die komplexe Plastide importiert werden. Dieses geschieht vermutlich *via* dem ER-Translokon Sec61 anhand der Erkennung der zweigeteilten Zielsteuerungssequenz (BTS) (Stork et al. 2012). Gemäß der Hypothese liegt die TPL-Sequenz nach Abspaltung des Signalpeptids frei vor und kann im cER oder an der PPM von dem unbekanntem postulierten Importrezeptor erkannt werden (vgl. Übersichtsartikel von (Stork et al. 2013b)).

Durch die *in silico* Identifikation von sequenzähnlichen Apicoplast-Proteinen aus *P. falciparum* 3D7 und *P. malariae* als auch durch LC-MS-Analysen des nativ aufgetrennten SELMA-Komplexes (Blue Native-PAGE) wurde der ER-Lumen *retaining receptor* [ID 42126](#) für Lokalisationsstudien in *P. tricornutum* ausgewählt. Unter Berücksichtigung der *in vivo* Lokalisation des eGFP-Fusionsprotein, Ko-Lokalisation mit BTSShsp70mRuby3 und der elektronenmikroskopischen Aufnahmen kann eine partielle plastidäre Lokalisation, im (c)ER oder in der PPM, vermutet werden. Weiterhin wird das Protein im Golgi-Apparat in einer TEM-Aufnahme nachgewiesen. Dieses könnte durch die Proteinsynthese des Fusionsprotein erklärt werden oder die für KDEL-Rezeptoren postulierte Zirkulation der Rezeptoren zwischen ER und Golgi-Apparat (Jia et al. 2020; Tirla und Rivera-Fuentes 2019).

Lösliche, sekretorische Proteine verfügen über eine in Mammalia hoch konservierte C-Terminale Erkennungssequenz, das KDEL, KKXX bzw. XDEL⁴⁰-Motiv (Emanuelsson et al. 2007; Stornaiuolo et al. 2003). Dieses Tetrapeptid wird durch KDEL-Rezeptoren erkannt, welche sich als Golgi-Membranprotein am *cis*-Golgi befinden (Jia et al. 2020). Der erste dieser hoch konservierten Rezeptoren wurde in *S. cerevisiae* identifiziert (ERD2, auch in Pflanzen) und wird in Säugetieren KDEL1-3 (drei Isoformen) genannt (Jia et al. 2020; Tirla und Rivera-Fuentes 2019). In Pflanzen sind Variationen des KDEL-ER-Retentionssignals (KDEL/HDEL/RDEK/KEEL) identifiziert worden (Denecke et al. 1992 und Übersichtsartikel von Stornaiuolo et al. 2003)).

Für den retrograden Transport werden ER-residente Proteine vesikelmediert von der Golgi-*cis*-Seite zurück ins ER transportiert (Jia et al. 2020; Becker et al. 2016). Durch Montesinos et al. wurde in *Arabidopsis thaliana* gezeigt, dass ERD2 vor allem im Golgi-Apparat und teilweise im ER lokalisiert (Montesinos et al. 2014). Dies könnte analog zu Pflanzen ebenfalls der Fall in der Diatomee *P. tricornutum* der Fall sein. Untersuchungen des vesikelmedierten Transports in der Diatomee deuten diese Vermutung an (Schreiber et al. 2017).

Die von dem lokalisierten eGFP-Fusionsprotein erstellten TEM-Aufnahmen zeigen hauptsächlich Lokalisationen des Golgi-Apparates mit partiellen plastidären Lokalisationen (mutmaßliche (c)ER-Membran) (siehe Abbildung 24). Ko-Lokalisationen mit dem PPC-Fusionsprotein sHsp70mRuby3 überlagern partiell, wobei das eGFP-Signal sich breitflächiger als das mRuby3-Signal darstellt. In den Genomdatenbanken von *P. tricornutum* finden sich zwei Proteine mit der Annotation ER-Lumen *retaining protein receptor*: ID 5104⁴¹ und ID 42126⁴², wobei erstes Protein nur ein unvollständiges Genmodell aufweist. Durch Verlängerung am N-Terminus und Vergleich der beiden Proteinsequenzen zeigt sich, dass es sich um sequenzähnliche, aber nicht identische Proteine handelt.

Charakteristisch für KDEL-Rezeptoren sind sieben hydrophobe Transmembranregionen, von denen für sechs TMDs postuliert wird, eine laterale Diffusion in Membranen zu ermöglichen (Jia et al. 2020). Gemäß dieser Hypothese befinden sich N- als auch C-Terminus auf der zytoplasmatischen Seite der Golgi-/ER-Membran (Tirla und Rivera-Fuentes 2019; Jia et al. 2020). Der Golgi-Apparat ist ein zellulärer Wegweiser nach der Proteinbiosynthese: Dort werden die unterschiedlichen Destinationen sekretorischer Proteine erkannt und entsprechend sortiert (Tirla und Rivera-Fuentes 2019). Da hER und cER mutmaßlich im Kontinuum zueinanderstehen und der mögliche TPL-Rezeptor ID 42126 ebenfalls möglicherweise im Golgi als Membranprotein mit sieben TMDs (siehe Abbildung 45) lokalisiert, kann folgendes Modell postuliert werden.

⁴⁰ X = variable Aminosäure

⁴¹ *P. falciparum* 3D7: PF3D7_1330400 (protein coding); *P. malariae*: PmUG01_12034100

⁴² *P. falciparum* 3D7: PF3D7_1353600 (ERD2); *P. malariae*: PmUG01_11032200 (ERD2)

Apicoplast-Protein von *P. malariae* (ID 32487⁴³). Für die Proteine ID 32487, ID 42790⁴⁴, ID 36311 und ID 42646⁴⁵ können über mögliche Funktionen keine Aussagen getroffen werden. Sowohl NCBI BlastP als auch Phyre² konnten keine konservierten Domänen (Nukleotid-/Aminosäuresequenz) detektieren.

Für das unbekanntete Protein ID 42790 konnte im Gegensatz zu den anderen beiden Proteinen durch TEM-Aufnahmen die Plastidenlokalisierung verifiziert werden (siehe Abbildung 37, B). Die restlichen zwei Proteine werden als mögliche Transportproteine durch Phyre² annotiert und könnten somit eine Rolle im Transport oder dem Erkennen von plastidären Präproteinen an der (c)ER-Membran spielen. Das Protein ID 42646 ist ein Homolog 1 zu dem Retikulozyten-bindenden Protein PfRh1 in *P. falciparum* 3D7. Retikulozyten sind unreife Erythrozyten, welche während der Invasion des Humanpathogenen Apicomplexa-Parasiten *Plasmodium falciparum* unter anderem durch das *reticulocyte-binding protein homologue 1* (PfRh1) befallen werden und somit den ersten Schritt einer Infektion darstellen (Triglia et al. 2005). Die Rolle und Lokalisation des Sequenzähnlichen PfRH1-Proteins in *P. tricornutum* muss noch abschließend verifiziert werden. Es handelt sich wahrscheinlich entsprechend der Vorhersagen um ein lösliches Protein. Das mögliche Transporterprotein ID 36311 ist ein Membranassoziertes oder ein Membranständiges Protein (verifiziert durch Karbonatextraktion) und mutmaßlich in der (c)ER-Membran lokalisiert.

4.5.1 Ein Vesikelprotein im cER?

Abbildung 43 zeigt ein mutmaßlich im cER-lokalisiertes Got1/SFT2-like Protein (ID 13922). Diese konservierte Proteinfamilie ist in den Proteintransport im Golgi-Apparat sowie Vesikelfusionen involviert (vgl. Zusammenfassung von (Conchon et al. 1999)). Typischerweise besitzen diese Vesikelproteine vier Transmembrandomänen (Liu et al. 2005). Für dieses Protein konnten ebenfalls Transmembrandomänen durch eine durchgeführte Karbonatextraktion bestätigt werden (Vorhersage: 4 TMDs). Sowohl N-Terminus als auch C-Terminus könnten sich im cER befinden und dort am Transport plastidärer Präproteine beteiligt sein. Im Zuge dieser Arbeit wurde ein Got1-like Vesikel-Transporterprotein möglicherweise im cER lokalisiert. Elektronenmikroskopische Aufnahmen müssten für eine weitere Verifizierung wiederholt werden. Es wurde parallel zum SELMA-Transportmechanismus durch einige Autoren ein Vesikelmediierter Transport in der komplexen Plastide *P. tricornutum*s postuliert (siehe Zusammenfassung von ; Gibbs 1979). Es konnten in den durchgeführten massenspektrometrischen Analysen zahlreiche Vesikeltransport-assoziierte Proteine wie beispielsweise COPII oder SNAREs identifiziert werden. Ausführliche *in silico* Analysen

⁴³ *P. falciparum* 3D7: kein Homolog; *P. malariae*: PmUG01_08048300 (unbekannte Funktion)

⁴⁴ Keine Homologe für Plasmodien

⁴⁵ *P. falciparum* 3D7: PF3D7_0402300 (Retikulozyten-bindendes Protein Homolog 1);

P. malariae: PmUG01_11022100 (unbekannte Funktion)

von Moog et al. zeigten jedoch, dass zumindest für das PPC keine typischen Vesikel-Elemente detektiert werden können (Moog et al. 2011).

Da das Genmodell für ID 13922 N-terminal anhand von EST-Daten verlängert wurde, kann es sich auch um eine falsch positive Lokalisation aufgrund einer unvollständigen Zielsteuerungssequenzen wegen eines nach wie vor inkorrekten Genmodells handeln. Im Falle einer unvollständigen, zweigeteilten Zielsteuerungssequenz würde das Protein ohne ausreichende Zielsteuerungssequenz möglicherweise im Zytosol arretieren. Für einen eindeutigen Hinweis, ob dieses Protein in einem möglichen Vesikel-medierten Transport im cER involviert sein könnte, bedarf es weiterer Analysen (Topologiebestimmungen u. ä.). Weiterhin könnten die vorhandenen MS-Daten zu einem erneuten *Screening* für mutmaßliche Vesikelproteine in cER oder PPC dienen.

4.5.2 Eine neue Signalpeptidase im cER?

Signalpeptidasen stellen teilweise als Komplex organisierte Proteasen an der ER-Membran dar und sind essenzieller Bestandteil der *protein sorting* Mechanismen (siehe Zusammenfassung von (Dalbey et al. 2017)). Durch ihre proteolytische Aktivitäten werden Signalpeptide abgespalten, können dadurch die ER-Membran verlassen und werden zu ihren Zielkompartimenten weitertransportiert (vgl. (Dalbey et al. 2017; Zalucki und Jennings 2017)). Bullmann et al. identifizierte in der Diatomee *P. tricornutum* eine im mutmaßlichen Intermembranraum oder im PPC-residente Signalpeptidase (Bullmann et al. 2010). Im Falle einer PPC-residenten Signalpeptidase könnte diese die Proteolyse der TPL-Sequenz von stromalen und/o der PPC-residenten Proteinen durchführen (Bullmann et al. 2010). Das Protein ID 18533 wurde in allen massenspektrometrischen Analysen der vorliegenden Arbeit detektiert und aufgrund dessen als eGFP-Fusionsprotein in voller Länge lokalisiert.

Nach dem aktuellen Transportmodell wird das Signalpeptids in der komplexen Plastide von *P. tricornutum* im cER vor der Translokation durch die periplastidäre Membran abgespalten (vgl. Übersichtsartikel von (Stork et al. 2013b)). An dieser Abspaltung könnte das in dieser Arbeit mutmaßlich in der cER-Membran lokalisierte Protein (ID 18533) als durch NCBI BlastP annotierte Untereinheit 3 eines Signalpeptidase-Komplexes beteiligt sein. Für die Überprüfung der Hypothese sind u. a. eine weitere Aufklärung der Lokalisation (zum Beispiel elektronenmikroskopische Aufnahmen) notwendig.

4.5.3 Eine Ubiquitinligase in der dritten Plastidenmembran und im cER?

Ebenfalls in allen massenspektrometrischen Analysen wurden zwei Ubiquitinligasen nachgewiesen, welche entsprechend als Fusionsproteine lokalisiert wurden (siehe Abbildung 42). Ubiquitinligasen nehmen in ihrer Rolle als Ubiquitin transferierende Enzyme eine essenzielle Rolle vieler zellulärer Prozesse ein (siehe Übersichtsartikel von (Zheng und Shabek 2017; Lan und Sun 2019)). Sie erhalten beispielsweise die

Funktion der genuinen ER-assoziierten Degradation durch gezielte Ubiquitinmarkierung der Substrate (Lan und Sun 2019).

Die Ubiquitinligase [ID 46465](#) zeigt eine für die dritte Plastidenmembran typische Lokalisation, obwohl für das Protein keine Transmembrandomänen vorhergesagt werden. Hempel et al. lokalisierte ebenfalls diese Ubiquitinligase. Trotz des gleichen verwendeten Genmodells zeigte hier das Protein eine ER-typische Lokalisation (Hempel et al. 2010). Die unterschiedlichen Lokalisationen könnten durch ein *mistargeting* aufgrund starker Überexpressionen verursacht werden, welche durch den nicht endogenen Nitratreduktase-Promotor beruhen. Weiterhin kann auch das fusionierte eGFP selbst ein Grund für die Misslokalisierung eines Proteins sein. GFP kann zu einer Konformationsänderung des nativen Proteins führen, sodass falsch positive Zielsteuerungen abgelesen und somit das Protein fehlgeleitet oder als Degradationssubstrat angesehen wird (Tanz et al. 2013). Da die von Hempel et al. genutzte Induktionszeit nicht angegeben wurde, ist eine Vergleichbarkeit der Expressionslevel bzw. Induktionszeiten nicht möglich. Für die KLSM-Untersuchungen dieser Arbeit wurden die Klone der *in vivo* Lokalisationsstudien für 1d induziert. Sollte es sich also um eine Ubiquitinligase in der dritten Plastidenmembran handeln, kann postuliert werden, dass diese in eine mögliche Regulation des möglichen TOC-Komplexes an der oEM involviert sein könnte.

Dieses wurde durch Ling et al. für *Arabidopsis thaliana* gezeigt (Ling et al. 2012; Ling und Jarvis 2013). Eine in der oEM des Chloroplasten von *A. thaliana* befindliche E3-Ubiquitinligase reguliert zusammen mit dem Ubiquitin-Proteasomsystem (UPS) den TOC-Komplex (Ling et al. 2012). Ein Zusammenspiel mit dem UPS kann gemäß dieser Hypothese jedoch für das PPC ausgeschlossen werden, da kein komplettes Proteasom im periplastidären Kompartiment bisher identifiziert werden konnte (Moog et al. 2011; Stork et al. 2012;). Weiterhin kann aufgrund der Adaptierung des früheren endosymbiontischen Zytoplasmas an die neuen Aufgaben des Proteintransports eine potenzielle Degradationsfähigkeit im PPC ausgeschlossen werden (Stork et al. 2012). Neben der oEM-Lokalisation ist auch eine mögliche Lokalisation im cER möglich. Das als löslich vorhergesagte Enzym könnte in unbekannter Art und Weise an der Ubiquitinierung von plastidären Präproteinen für den weiteren Transport beteiligt sein. Um zwischen erster und dritter Plastidenmembran-Lokalisation diskriminieren zu können, bedarf es weiterer Topologiebestimmungen zum Beispiel durch BTS-eGFP-Fusionsproteine. Handelt es sich um eine Ubiquitinligase der ersten Plastidenmembran bzw. des cER, müsste ein BTSeGFP-Fusionsprotein im Zytoplasma arretieren. Im Falle eines oEM-Membranproteins sollte das BTSeGFP-Fusionsprotein im PPC verbleiben, da es nicht in die oEM aufgrund der fehlenden Transmembrandomänen integriert werden kann. Das in dieser Arbeit durchgeführte Partikelbombardement des pPhaNR:BTS46465eGFP-Konstrukt blieb ohne Erfolg und sollte für die weitere Verifizierung wiederholt werden.

Die Ubiquitinligase [ID 46464](#)⁴⁶ lokalisiert möglicherweise in der PPM und hat womöglich eine Transmembrandomäne. Die typische *blob-like structure* ist in Abbildung 42 (A) gezeigt. Mittels NCBI BlastP-Überprüfung wird ID 46464 allgemein als RING-Finger E3 Ubiquitinligase mit einer C-terminalen Zink-Finger-Domäne detektiert. Ein Abgleich mit der Apicomplexa-Genomdatenbank PlasmoDB annotiert beide lokalisierten Ubiquitinligasen als ERAD-assoziierte E3 Ubiquitin-Proteinligase HRD1⁵⁴. In der Diatomee *P. tricornutum* wurde bereits eine Symbionten-spezifische Version von HRD1 (PtE3P, ID 48034) in der zweiten Plastidenmembran identifiziert (Hempel et al. 2010). Ein *Alignment* der PPM-residenten PtE3P sowie der mutmaßlichen PPM-ständigen Ubiquitinligase ID 46464 zeigt, dass es sich nicht um die gleichen Ubiquitinligasen handelt. Sollte es sich tatsächlich um eine weitere mögliche Symbiont-spezifische Version der Ubiquitinligase HRD1 in der periplastidären Membran handeln, könnte eine zusätzliche Ubiquitinierungsfunktion unter Umständen für zu translozierende stromale Präproteine postuliert werden. Hempel et al. zeigten, dass die SELMA-Proteine sDer1-1/-2 zwischen PPC-residenten und stromalen diskriminieren können und postulierten einen alternativen Transportweg stromaler Präproteine (Hempel et al. 2009; Gould et al. 2006a). Demnach könnte hypothetisch dieses mutmaßliche neue in der PPM lokalisierte HRD1-Protein möglicherweise unabhängig vom SELMA-Komplex an der Translokation plastidärer, nicht PPC-residenter Präproteine an der PPM beteiligt sein. Für diese Hypothese bedarf es weiterer Validierung der Lokalisation des mutmaßlichen HRD1-Proteins sowie Interaktionsstudien mit beispielsweise den SELMA-Proteinen sDer1-1 oder sDer1-2.

4.6 Zwei Proteine mit Domänen unbekannter Funktion in der PPM?

In der periplastidären Membran der komplexen Plastide von *P. tricornutum* konnten möglicherweise zwei neue Proteine mit Domänen unbekannter Funktion identifiziert werden (siehe Abbildung 33 und Abbildung 34). Für das eGFP-Fusionsprotein [ID 44305](#)⁵⁵ (DUF1275) konnte der C-Terminus durch Topologiebestimmungen mit einem PPC-Markerprotein im periplastidären Kompartiment verifiziert werden (siehe Abbildung 34). Die Kontrolle mit einem ER-Markerprotein verlief negativ. Durch Karbonatextraktion des Proteinlysats einer transgenen Kultur konnte die vorhergesagte Membranintegrität (vorhandene Transmembrandomänen) bestätigt werden. Es kann postuliert werden, dass der N-Terminus des Proteins mit DUF1275 entweder in der zweiten oder dritten Plastidenmembran integriert ist und sich der C-Terminus im PPC befindet. Durch eine Lokalisation der zweigeteilten Zielsteuerungssequenz mit am C-Terminus fusioniertem eGFP (ohne Transmembrandomänen) könnte zukünftig die Integrität des N-Terminus in PPM oder oEM identifiziert werden. Sollte es sich um ein oEM-Protein handeln, müsste hypothetisch das BTSeGFP-Fusionsprotein im PPC arretieren. Im Falle einer PPM-Lokalisation müsste das Fusionsprotein entsprechend im (c)ER verbleiben. Entsprechend des Pfam-Eintrags wird die DUF1275-Proteinfamilie als

⁴⁶ *P. falciparum* 3D7: PF3D7_1422500; *P. malariae*: PmUG01_13036500

mögliche Permeasen mit sechs Transmembrandomänen annotiert (ID 44305: sieben, siehe Abbildung 46). Es ist also möglich, dass die vorhergesagte Permease am passiven Transport von Molekülen (z. B. Metaboliten) oder Ionen an PPM oder respektive oEM beteiligt sein könnte.

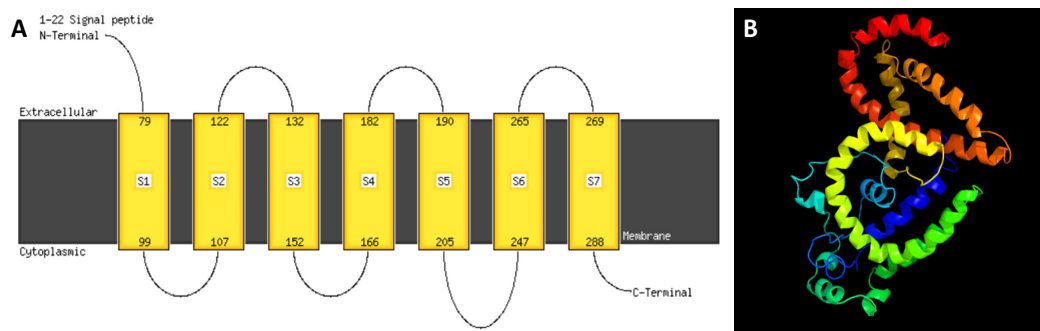


Abbildung 46: Topologie der vorhergesagten Permease ID 44305 (DUF1275). A. Das Protein ist anders als für Proteine der DUF1275 charakteristischen sechs Transmembrandomänen mit mutmaßlich sieben TMDs in der zweiten oder dritten Plastidenmembran integriert. B. Drei-Dimensionale Struktur der möglichen PPM- oder oEM-lokalisierten Permease. Modelle von Phyre².

Das eGFP-Fusionsprotein [ID 40063](#)⁴⁷ wird von NCBI BlastP mit DUF4149 annotiert. Aufgrund der geringen Übereinstimmung (*confidence*) der von Phyre² verwendeten Algorithmen ist auch mittels dieses *tools* keine Aussage über mögliche Funktionen möglich. Mit vier vorhergesagten Transmembrandomänen ist ID 40063 mutmaßlich in der zweiten Plastidenmembran integriert. Aufgrund der möglichen PPM-Lokalisation und dem Tyrosin-basierten *sorting signal* [YKRL], welches spezifisch für die Interaktion mit der μ -Untereinheit von Adaptorproteinkomplexen ist, könnte es sich bei dem Protein um ein mögliches Rezeptorprotein eines Vesikel-medierten Transports im cER handeln. Die Überprüfung dieser Hypothese bedarf weitergehender Verifikationen der Lokalisation (z. B. TEM-Aufnahmen) und gezielter Interaktionstest.

⁴⁷ Keine Homologe in Plasmodien

5 Anhang

5.1 Überblick grundlegender Mechanismen der ER-assoziierten Degradation

Als essenzielles Zellorganell der Proteinfaltung und -maturation weist das ER eine hohe Konzentration an Polypeptiden verschiedener Synthesestufen auf (vgl. Zusammenfassung von (Needham und Brodsky 2013)). Komplexe Prozesse wie Proteinfaltung und -reifung können in Misfaltungen oder Misassemblierungen der naszierenden Proteine resultieren (Fleig et al. 2012). Da Aggregation und Akkumulation aberranter Polypeptide gravierende Konsequenzen (z. B. Zytotoxizität) haben können, gewährleisten Kontrollmechanismen im ER die Proteostase (siehe Zusammenfassung (Kaneko et al. 2017)). In Eukaryoten unterliegen Proteinbiosynthese und -maturation daher hoch konservierten Wartungssystemen: der Proteinqualitätskontrolle (**ERQC**, *ER protein quality control*) und der ER assoziierten Degradation (**ERAD**) (vgl. (Sun und Brodsky 2019; Sicari et al. 2019)).

5.1.1.1 Proteinqualitätskontrolle ERQC

De novo synthetisierte Proteine werden kotranslational *via* Sec61 (Translokationskanal) anhand ihrer Signalsequenz vom Syntheseort ins raue ER (rER) transloziert (Pfeffer et al. 2015). SRPs (*signal recognition particles*) erkennen diese Signalsequenz und binden anhand ihrer spezifischen Rezeptoren an dem noch unreifen Protein (Ziska et al. 2019). Am rER werden die meisten Proteine kovalent durch intermolekulare Disulfidbrückenbindungen und/oder Oligosaccharidketten (O-/N-Glykosylierung) modifiziert (Cherepanova et al. 2016). Ausschließlich korrekt maturierte Proteine können an ihren Bestimmungsort gelangen und ihre spezifischen Funktionen ausüben. Die Identifikation abnormaler naszierender Proteine wird im endoplasmatischen Retikulum als *ER protein quality control* (**ERQC**) bezeichnet (Sun und Brodsky 2019; Sicari et al. 2019)). Ungefaltete Polypeptide sind durch frei vorliegende intramolekulare hydrophobe Bereiche relativ instabil, da erst durch Sekundär- und Tertiärstrukturen diese maskiert werden (Cherepanova et al. 2016). Die freien hydrophoben Regionen der Präproteine können unspezifisch miteinander binden, was als Polypeptid-Aggregation im ER-Lumen resultieren kann (Kaneko et al. 2017). Solche Aggregationen werden durch Chaperon-Bindungen an den naszierenden Proteinen im ER-Lumen inhibiert und eine Stabilisierung der Präproteine während ihrer Faltung erzielt (Cherepanova et al. 2016). Die naszierenden Proteine arretieren durch die Chaperonaktivitäten zunächst im ER-Lumen, wo sie auf aberrante Faltungen und Misassemblierungen überprüft werden (Cherepanova et al. 2016). Die Eliminierung der aberranten Proteine wird einerseits durch die ER-assoziierte Degradation (**ERAD**), teilweiser Autophagie des ER und der *unfolded protein response* (**UPR**) gewährleistet (siehe Zusammenfassung (Karagöz et al. 2019)). Außerhalb des ER gewährleisten weitere Prozesse wie die Golgi Qualitätskontrolle (**GQC**) und die Plasmamembranqualitätskontrolle (**PMQC**) die Proteostase (Preissler und Ron 2018; Karagöz et al. 2019).

5.1.1.2 ER-assoziierte Degradation -ERAD

Im Folgenden werden die drei wesentlichen Schritte der ER assoziierten Degradation für ER-lumenale Substrate (ERAD-L Substrate) erläutert: Substraterkennung, Retrotranslokation und Ubiquitin-abhängige proteasomale Degradation (Sicari et al. 2019).

I) Substraterkennung von Glykoproteinen:

Rund 90 % der sekretorischen Proteine sind N-glykolisiert, d. h. sie tragen Oligosaccharidstrukturen an spezifischen Aminogruppen⁴⁸. Die daraus resultierenden erhöhten hydrophilen Eigenschaften verstärken letztlich den Schutz vor proteolytischem Abbau, verbessern Bindungsaffinitäten gegenüber ihren Liganden und unterstützen den Faltungsprozess der Präproteine (Brodsky et al. 1999). Chaperone wie BiP, Kar2 Lhs1 oder Sil1 sind im ER-Lumen lokalisiert und binden direkt naszierende Proteinen nach deren Eintritt ins ER (vgl. Übersichtsartikel (Doyle und Wickner 2009; Hwang und Qi 2018)). Die Chaperone dienen hierbei dem Schutz der Präproteine vor Degradation und Akkumulation im ER-Lumen (Zietkiewicz et al. 2006; Cherepanova et al. 2016). Das ERAD-L System in der Bäckerhefe ist am besten untersucht.

Am rER werden naszierende Proteine an Asparaginresten mit der Konsensus-Sequenz Asn-X-Ser/Thr (X = alle Aminosäuren außer Prolin) durch einen Komplex aus Oligosaccharyltransferasen (OST) mit einem Glykan der Struktur $\text{Glc}_3\text{Mn}_9\text{GlcNAc}_2$ (G_3M_9) glykosyliert (Cherepanova et al. 2016). Da der OST mit dem Sec61 Translokon assoziiert ist, wird davon ausgegangen, dass diese Glykosylierung den Faltungsprozess der Präproteine initialisiert (Pfeffer et al. 2015; Cherepanova et al. 2016; Bai et al. 2018). Sukzessive wird ein Glukosemolekül durch das Enzym Glukosidase I am nicht-reduzierten Ende abgespalten. Das resultierende Glykan $\text{Glc}_3\text{Mn}_9\text{GlcNAc}_2$ (G_2M_9) wird durch Malektin (lokalisiert in der ER-Membran) erkannt und inhibiert die weitere Sekretion defekter Glykoproteine (Schallus et al. 2008). Durch die Hydrolyse eines weiteren Glukosemoleküls durch die Glukosidase II (GlcMn_9) wird dem ER-Membranprotein Calnexin (CNX, Lektin) und dem lumenalen ER-Protein Calretikulिन (CRN, Lektin) signalisiert am Substrat zu binden (CNX/CRT-Zyklus) (Cherepanova et al. 2016). Während des CNX/CRT-Zyklus folgen ein wiederholtes Binden von CNX/CRT und Enzymaktivitäten von Glukosidase II und UGGT1 (UDP-Glukose:Glykoprotein Glucosyltransferase 1) (Caramelo und Parodi 2015). Wenn das letzte Glukosemolekül durch die Glukosidase II abgespalten wurde ($\text{Mn}_9\text{GlcNAc}_2$), dissoziiert Calnexin vom Substrat und ermöglicht UGGT1 ein Glukosemolekül zu addieren. Dadurch wird erneut CNX/CRT signalisiert am Substrat zu binden. UGGT1 fungiert daher auch als Sensormolekül der Proteinkonformation, da es hydrophobe Bereiche der naszierenden Proteine erkennt (vgl. (Bodnar und Rapoport 2017)). Kann eine Faltung nicht erfolgen, können freie hydrophobe Bereiche durch UGGT1 erkannt und ein Glukosemolekül erneut mit dem Substrat konjugiert werden (Caramelo und Parodi 2015).

⁴⁸ Im Falle von O-glykosylierten Proteinen wird die Oligosaccharidstruktur auf den Sauerstoff der Hydroxyltragenden Seitenkette übertragen.

Im Falle eines korrekt gefalteten Proteins liegen kaum bis keine hydrophoben Oberflächen mehr vor und UGGT1 verliert daher die Bindungsaffinität (Caramelo und Parodi 2015; Cherepanova et al. 2016). Dieses dient als Signal für die Rekrutierung der Oxidoreduktase Erp57 und der Chaperone VIPL, VIP36 oder ERGIC53 (in Mammalia). Die gefalteten Proteine können für die finale Prozessierung im Golgi-Apparat ausgeschleust werden.

In *Saccharomyces cerevisiae* hingegen existiert kein CNX/CRT-Zyklus. Stattdessen erfolgt durch eine sukzessive Demannosylierung der Mannosidase Htm1p (Mannosidase I, MsnI in Mammalia) eine Diskriminierung zwischen korrekten und aberranten Proteinen. Im Falle der Mammalia erfolgt die Identifikation von aberranten Proteinen durch die Bindungsdauer von CNX und CRT am Substrat: Eine Überschreitung einer bestimmten Bindungsdauer signalisiert der ER-spezifischen Mannosidase I (ERManI, Msn1) mit der Demannosylierung am ERAD-Substrat zu beginnen (Cherepanova et al. 2016). Die Trimmung des Oligosaccharids (GlcMn₉ zu GlcMn₆ oder GlcMn₅) der im ER-residenten Substrate werden anhand des α -1,6 Mannosylrest durch EDEM1 (*ERAD-Enhancing mannosidase-like protein 1*) erkannt und weitere Mannosemoleküle sukzessive vom Oligosaccharid der Polypeptidkette abgespalten (Cherepanova et al. 2016). Das erzeugte GlcMn₅Nac₂-Oligosaccharid signalisiert dem Chaperon-ähnlichem Lektin OS-9 (Yos9p in Hefe) durch eine Bindung am Substrat dieses zu der lumenalen Domäne des ER-Membranständigen Proteins Hrd3p (SEL1L in Mammalia) des ERAD-Komplexes (ERAD-L, -M) zu dirigieren (Sugimoto et al. 2017). Stanley et al. haben gezeigt, dass auch unabhängig von diesem Mannosesignal durch Hrd3p (E3 Ubiquitinligase) spezifische Interaktionen zwischen Substrat und dem E3 Enzym stattfinden (Stanley et al. 2011). Dieses impliziert eine mögliche Rolle von Hrd3p während der Substraterkennung unabhängig der Glykosylierung. Das Lektin Yos9p scheint exklusiv die Glykanstruktur des Substrats zu erkennen und zu binden (Stanley et al. 2011). Im Anschluss folgt die Retrotranslokation (siehe Schritt A).

II) Substraterkennung nicht-glykosylierter Proteine:

Durch Brodsky et al. und Plemper et al. wurde gezeigt, dass für die Erkennung nicht-glykosylierter Substrate u. a. das ER-residente Hsp70-Chaperon BiP (*binding immunoglobulin protein*) erforderlich ist (Plemper et al. 1997; Brodsky et al. 1999). BiP erkennt die freien hydrophoben Bereiche der ERAD-Substrate und übergibt diese in ungeklärter Weise dem ER-Membranständigen, Protein Herp, welches eine Ubiquitin-ähnliche Domäne (*ubiquitin-like domain*, UBL) besitzt (Skowronek et al. 1998; Okuda-Shimizu und Hendershot 2007). Dieses wiederum interagiert mit Der1p, einer Komponente des Membrankomplexes des ERAD-L Weges (Okuda-Shimizu und Hendershot 2007). Im Anschluss erfolgt die Retrotranslokation aus dem ER ins Zytosol. Hierzu bedarf es allerdings noch weiterer Studien.

III) Retrotranslokation des ERAD-Substrats:

Nachdem ein aberrantes Protein erkannt wurde, muss dieses aus dem ER-Lumen ins Zytoplasma zur proteasomalen Degradation transloziert werden. Abhängig des Substrates wird die Dislokation in

Saccharomyces cerevisiae in drei Wege unterteilt: ERAD-L (Substrat im ER-Lumen), ERAD-M (Substrat in ER-Membran) und ERAD-C (Substrat an zytoplasmatischer ER-Seite) (vgl. (Ruggiano et al. 2014)). Da ERAD-L anhand des Modellorganismus *S. cerevisiae* am besten untersucht wurde, wird sich nachfolgend hauptsächlich auf ERAD-L bezogen. Für ERAD-M und ERAD-C sei auf Übersichtsartikel von Thozée und Ruggiano et al. verwiesen (Pety de Thozée und Ghislain 2006; Ruggiano et al. 2014).

Die Hauptkomponente aller drei Retrotranslokationswege stellt ein in der ER-Membran lokalisierter Komplex dar, welcher für die Retrotranslokation aus dem ER-Lumen ins Zytosol (Ort der proteasomalen Degradation) essenziell ist. Der Komplex setzt sich für ERAD-L aus der E3 RING-finger Ubiquitinligasen Hrd1p und Hrd3p, der Rhomboidprotease Der1p (auch Dfm1, Derlin 1 in Mammalia) und Usa1p (U1 SNP1-associating protein 1)⁴⁹ zusammen (Bodnar und Rapoport 2017). Nachdem das Lektin Yos9p (OS-9 in Mammalia) das GlcMn₅-Oligosaccharid eines lumenalen Substrats erkannt hat, bindet es an diesem (Stanley et al. 2011). Die lumenale Domäne von Hrd3p erkennt mutmaßlich den α -1,6 Mannoserest und rekrutiert möglicherweise dadurch das ERAD-L Substrat mit Yos9p oder Der1p an den Membrankomplex (Carvalho et al. 2010). Das Enzym Hrd3p kann auch unabhängig Yos9p Substrate erkennen und lumenale Substrate an den ERAD-Komplex zur Translokation dirigieren (Stanley et al. 2011; Cherepanova et al. 2016). Der genaue Transport zur ER-Membran ist jedoch nicht identifiziert (vgl. (Wu und Rapoport 2018)). Nach der Translokation des lumenalen ERAD-Substrats, womöglich unterstützt durch membranumspannende Domänen von Der1p und dem mit Der1p interagierenden Protein Usa1p, folgt eine Polyubiquitinierung (Stanley et al. 2011; Pfeffer et al. 2015; Cherepanova et al. 2016). Während in der Bäckerhefe die Polyubiquitinierung für die Retrotranslokation eine essenzielle Markierung der Substrate repräsentiert, kann die Dislokation in Mammalia wahrscheinlich sowohl Ubiquitin-abhängig als auch unabhängig stattfinden (Neal et al. 2017). Die genauen Mechanismen in Wirbeltieren sind allerdings ungeklärt. Die Ubiquitin-Markierung der löslichen Substrate finden an der zytoplasmatischen Seite des ER durch die Ubiquitinligase Hrd1p mithilfe von Kofaktoren (z. B. Uba1, Ubc6, Ubc7) statt (Catic et al. 2004). Der Translokationskanal als zentraler Bestandteil des Membrankomplexes konnte bis heute nicht eindeutig identifiziert werden. Zahlreiche Studienergebnisse wiesen zunächst darauf hin, dass der ER-Translokator Sec61 (Proteinimport ins ER nach der Proteinsynthese) auch *vice versa* fungieren könnte (vgl. (Römisch 2017)). Ergebnisse von Carvalho et al. und Baldrige & Rapoport rücken Hrd1p hingegen als möglichen Translokator in den Fokus (Carvalho et al. 2010; Baldrige und Rapoport 2016). Überexpressions-Versuche von Hrd1p in der Hefe *S. cerevisiae* zeigten, dass für eine effiziente ERAD-Maschinerie von ERAD-M und ERAD-L ERAD-Komponenten der zytoplasmatischen Seite des ER ausreichend waren (Carvalho et al. 2010). Carvalho et al. postulieren daher, dass Hrd3p, Der1p und Usa1p als Regulatoren der Ubiquitinligase Hrd1p fungieren könnten (Carvalho et al. 2010). Weiterhin besitzt Hrd1p die Fähigkeit zur Autoubiquitinierung (Baldrige und Rapoport 2016).

⁴⁹ ERAD-M: Hrd1, Hrd3, in manchen Fällen Usa1, ERAD-C: Doa10, Der1p (E3 Ubiquitinligase), Ubc6 und Ubc7 als ubiquitinierende Enzyme

Strukturelle Analysen mittels cryo-EM durch Schoebel et al. zeigen tatsächlich eine durch Baldrige & Rapoport postulierte porenähnliche Struktur des ERAD-M Membrankomplexes (Hrd1 und Hrd3) (Schoebel et al. 2017, siehe Abbildung 47). Diesen Ergebnissen zufolge postulieren Wu & Rapoport, dass die Autoubiquitinierung des Enzyms Hrd1p den Translokationskanal öffnet und somit das an Hrd3-gebundene Substrat an die ER-Membran rekrutiert wird (vgl. (Wu und Rapoport 2018)).

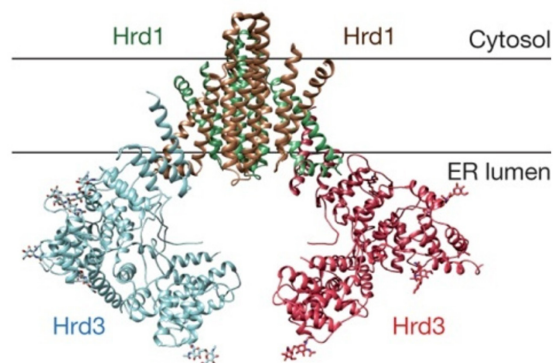


Abbildung 47: Cryo-EM Struktur des ERAD-M-Komplexes. Jeweils zwei Hrd1 und Hrd3 Moleküle sind symmetrisch in der ER-Membran angeordnet. Dabei streckt sich Hrd1 nahezu bis ins ER-Lumen, sodass sich eine Tunnel-ähnliche Struktur ausbildet. Durch diese werden mutmaßlich ERAD-M Substrate ins Zytosol transloziert. Hrd3 rekrutiert hierfür womöglich mithilfe der ER-luminalen Domäne das Substrat zur ER-Membran [Abbildung von (Schoebel et al. 2017)].

Nach dem Modell von Wu & Rapoport ermöglicht der wässrige Innenraum der Hrd1p/Hrd3p-Membranpore ein energetisch begünstigtes Gleiten der Substrate vom ER zum Zytoplasma (Wu und Rapoport 2018). Neal et al. legen nahe, dass in Hefen Dfm1 (homolog zu Der1 in Mammalia) für den ERAD-M-Weg den zentralen Translokator des Membrankomplexes darstellt (Neal et al. 2018). Für ERAD-L bleibt weiterhin strittig, ob Hrd1p, Der1p oder Sec61 als zentraler Translokationskanal fungieren (vgl. Zusammenfassungen von (Lang et al. 2017; Römisch 2017; Rapoport et al. 2017)).

Die Translokation des ERAD-C Weges bleibt weitgehend ungeklärt. Als gesichert gilt, dass die Ubiquitinligase Doa10p spezifisch Substrate des ERAD-C Weges erkennt. Weder die genauen Diskriminierungsfaktoren oder Interaktionsmotive sind bisher bekannt (Zattas et al. 2016). Es wird vermutet, dass die spezifischen Interaktionen zwischen Doa10 und den Substraten durch Chaperone mediiert sein könnten (Shiber et al. 2013).

Die Substrate von ERAD-L, ERAD-C und ERAD-M müssen für die weitere Prozessierung aus der ER-Membran extrahiert werden. Mithilfe eines spezifischen Komplexes, bestehend aus der AAA⁺ ATPase Cdc48 (CDC48p in Hefe, p97 in Mammalia) und den Ubiquitin-abhängigen Kofaktoren Ufd1 und Npl4, werden ERAD-Substrate aktiv aus der ER-Membran gezogen (Neal et al. 2017; Bodnar und Rapoport 2017). Hierfür rekrutiert vermutlich Ubx2 den Cdc48-Komplex zur ER-Membran, sodass Ufd1 sowie Npl4 (UN-Komplex) am Polyubiquitin des Substrates binden können (Bodnar und Rapoport 2017). Cdc48 besitzt eine ringförmige Struktur aus sechs identischen Untereinheiten (Bodnar und Rapoport 2017). Es wird angenommen,

dass durch kontinuierlich stattfindende ATP-Hydrolyse der ATPase Cdc48 chemische in mechanische Energie konvertiert wird, sodass das Enzym mechanisch rotieren kann (Bodnar und Rapoport 2017; Neal et al. 2017). Durch diese Rotationsbewegungen wird sukzessive das Substrat aus der Membran gezogen (Bodnar und Rapoport 2017). Nach der Extraktion dissoziiert Ubx2 (Neal et al. 2017). Da die meisten Proteine im ER mit komplexen Oligosacchariden glykosyliert wurden, bindet am C-Terminus des Cdc48-Komplexes die N-Glykanase Png1 (*peptide N-glycanase 1*) (Kim et al. 2006). Diese deglykosyliert möglicherweise zeitgleich das aberrante Protein, welches ebenfalls durch eine Deubiquitinase deubiquitiniert wird (Suzuki et al. 2000; Kim et al. 2006).

IV) Proteasomale Degradation

Das Proteasom repräsentiert eine proteolytisch aktive Degradationsmaschinerie im Zytoplasma und Nukleus (siehe Übersichtsartikel von (Tanaka 2009; Bard et al. 2018)). Die meisten Proteine werden für die proteasomale Degradation durch eine spezifische Enzymkaskade polyubiquiniert⁵⁰. Die Bindung, Entfaltung und Degradation der aberranten Proteine findet ATP-abhängig im 26S Proteasom statt. Dieses besteht aus einem proteolytisch aktiven, Zylinderförmigen 20S Kern (*core*) und zwei adhärenen 19S Kappen (*proteasome cap*, PA700) (Smith et al. 2007; Glickman et al. 1998). Ungeklärt ist die Translokation der Substrate zum Proteasom (vgl. Zusammenfassung (Budenholzer et al. 2017)). Möglich wäre, dass die Proteine Dsk2 und Rad23 mittels ihrer N-terminalen Ubiquitin-bindenden Domäne (UBA-Domäne) das Substrat zum 26S Proteasom dirigieren (Neal et al. 2017). Weiterhin zeigen Ergebnisse von Tsuchiya et al., dass die AAA⁺ ATPase Cdc48 19S Partikel substituieren und mit dem 20S Kern einen Komplex formieren kann (Tsuchiya et al. 2017). Dieses könnte ein Indiz einer möglichen Translokationsfähigkeit von Cdc48 sein (Tsuchiya et al. 2017; Bodnar und Rapoport 2017). Nach der Translokation zum Proteasom wird durch an den 19S Kappen vorhandene Ubiquitinrezeptoren das polyubiquitinierte Substrat gebunden und durch die Metalloprotease Rpn11 (*regulatory particle non-ATPase*) deubiquitiniert (Worden et al. 2017). Im Anschluss daran wird innerhalb der 19S Kappen das Substrat in den 20S Kern transloziert und dort proteolytisch gespalten (Worden et al. 2017; Bodnar und Rapoport 2017). Die notwendige Energie der Translokationsprozesse wird vermutlich durch die am C-Terminus befindlichen AAA ATPasen der 19S Partikel bereitgestellt (Tsuchiya et al. 2017).

⁵⁰ Ubiquitin aktivierendes Enzym E1: Aktivierung von Ubiquitin durch Ausbildung von Thioesterbindungen am C-Terminus, Ubiquitin konjugierendes Enzym E2: Transfer aktiviertes Ubiquitin an katalytisch aktives Cystein durch erneute Ausbildung von Thioesterbindungen, E3 Ubiquitinligase: Kovalente Verknüpfung Ubiquitin und Substrat an Aminogruppe eines Lysinrestes

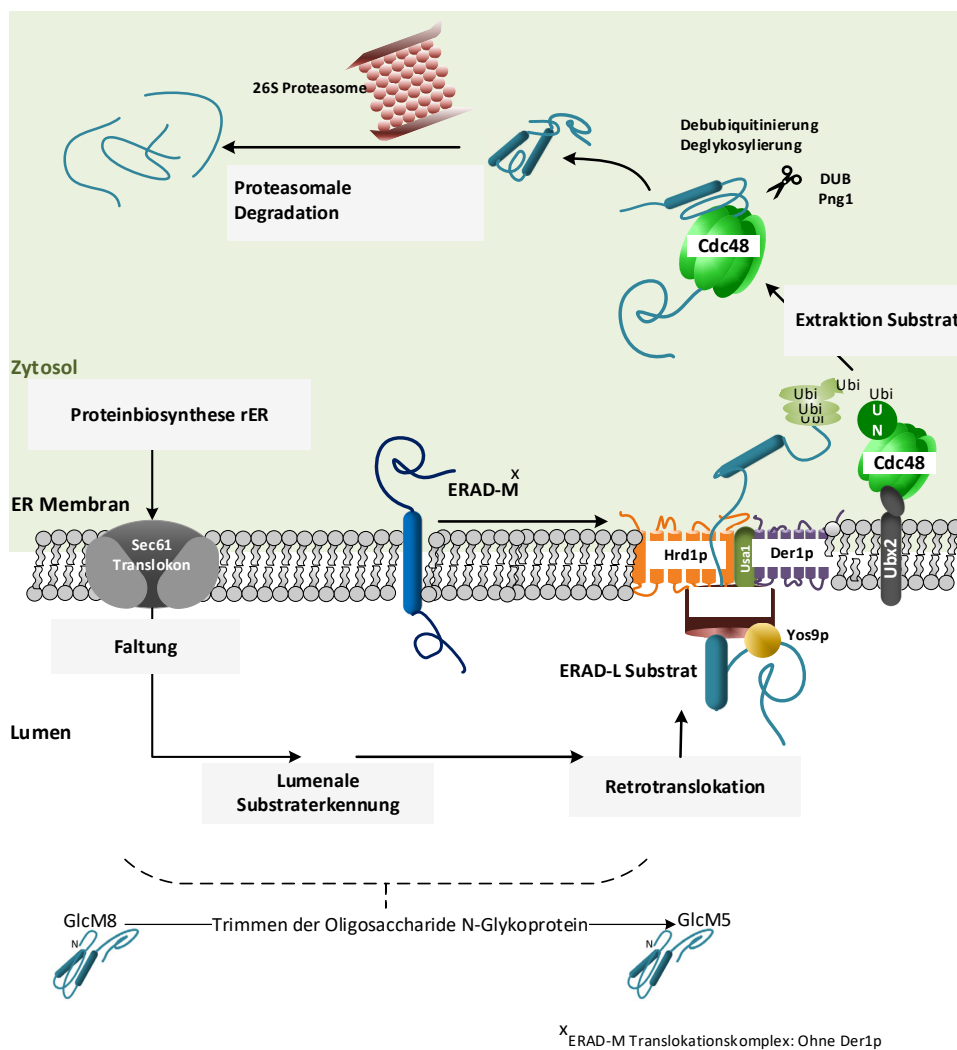


Abbildung 48: Schema ERAD-L mit Hrd1 als Retrotranslokationskanal. Nach Synthese eines Polypeptids erfolgt *via* dem Sec61-Kanal die Translokation vom Zytosol ins ER-Lumen. Im ER-Lumen wird das naszierende Protein post-translational modifiziert (u. a. Glykosylierung durch einen Oligosaccharyltransferase-Komplex) und gefaltet (u.a. durch Chaperonaktivitäten). Nach der **Substraterkennung** (ein lumenales miss-/ungefaltetes oder missassembliertes Protein) wird das aberrante Substrat sukzessive durch Glukosidasen prozessiert und demannolysiert (Mannosidase Msn1/Htm1p, GlcM₈ → GlcM₅). Das Lektin Yos9p erkennt das GlcM₅-Molekül am aberranten Substrat und wird an Hrd3p gebunden (**Retrotranslokation**). Die ER-Membran-Durchquerung erfolgt mithilfe von Hrd3p, Usa1p und Der1p mit der anschließenden Translokation durch (mutmaßlich) Hrd1p (ERAD-M: Hrd3p, Hrd1p). An der zytosolischen ER-Membranseite wird das Substrat durch Hrd1p polyubiquitiniert. Um das Substrat aus der ER-Membran zu extrahieren, rekrutiert Ubx2 die AAA⁺ ATPase Cdc48 (bindet an Ubx2) an die Membran. Die an Cdc48 assoziierten Proteine Ufd1/Npl4 (UN) binden am Polyubiquitin des Substrats. Nach der Extraktion erfolgen eine Deubiquitinierung (**DUB**) und eine Deglykosylierung (N-Glykanase **Png1**) des Substrats. Nach der Dissoziation des Substrats von Cdc48 wird das Substrat zum 26S Proteasom für die **Degradation** dirigiert [Abbildung frei nach (Carvalho et al. 2010; Wu und Rapoport 2018) erstellt].

5.2 Oligonukleotide

Nachfolgend sind alle verwendeten Oligonukleotide in 5'-3'-Richtung aufgelistet. Die jeweiligen Erkennungssequenzen der Restriktionsendonukleasen sind unterstrichen und in der *primer*-Bezeichnung angegeben.

Tabelle 37: Oligonukleotide: Sequenzähnliche Apicoplast-, TPR-/WD40-Proteine in *P. tricornutum*.

ID	Primer
32487	SacI <u>GAGCTCAT</u> GCGTTTGGGCTTTGCGATTGC XbaI <u>TCTAGACACACGAGCGTTGTCGTGG</u>
39554	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GAACACCATCGCTTTCGTTGCC XbaI <u>TCTAGATGCATCCACAGAAGCG</u>
42126	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GAGTATGAATATTTTTCG XbaI <u>TCTAGAATTTGTGGACTTGTTGG</u>
43933	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GCGACCGCAGAGTGGTGG SpeI <u>ACTAGTGAACAAGTCGAAAAGACGG</u>

Tabelle 38: Oligonukleotide: Licht-regulierte Proteine.

ID	Primer
38112	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GAATCTCTCTCTCGCC XbaI <u>TCTAGAAATGAAGTCAGCAATGGAGATGAGTGCTGC</u>
43657	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GAGATTGACTTTCGCC XbaI <u>TCTAGAGTTCTTTTCGTTTTTCTTGCC</u>
49097	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GACGATCACGTATACCG XbaI <u>TCTAGAGAAGTCGGACAAGTCTCTCCG</u>

Tabelle 39: Oligonukleotide: Identifikation von Proteinen mit TPR-Domäne.

ID	Primer
46675 (36696)	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GTCTCTGTTTAACCCC XbaI <u>TCTAGACTTGGGCGATCCATCTCC</u>
39634	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GAGAATCCGTACCCG SpeI <u>ACTAGT</u> TTTGCTGATCTTACGGTTTCGTCCG
44959	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GAGGACAATTCCTTTTCAGTTCTGG XbaI <u>TCTAGAGTTGAAGCGGTAGTGC</u>
47492	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GGCGCTCGGTACACG HindIII <u>AAGCTTTTGCATGTTGAAGG</u>
49015	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GAGATTCCTATCTTGTTCCTTCG XbaI <u>TCTAGATTTTAGCGTTTCC</u>

Tabelle 40: Oligonukleotide: Identifikation von Proteinen mit WD40-Domäne.

ID	Primer
36668	EcoRI <u>GAATTCAT</u> GGTCGACGCCAAACGG XbaI <u>TCTAGACTACCGCACAATCGTGAC</u>

Tabelle 41: Oligonukleotide: Blue Native PAGE mit dem SELMA-Komplex - Kandidaten (Membranfraktion).

ID	Primer
13922	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGCTGGCTCTAGGGGATATA SpeI <u>ACTAGT</u> CACAGGTGCTCTTCTACTATCACG
36311	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAAGCTGAAACATGTGATGC XbaI <u>TCTAGAT</u> CACTTCCCATTCTCC
37368	SacI <u>GAGCTC</u> ATGGCAAGAACCGTGATCCG XbaI <u>TCTAGAG</u> GGATTCTGAATGTTGGGG
37687	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGACTTTGGTAACGAGTCATCC XbaI <u>TCTAGAA</u> AGTTCACGTACGAGCTTAGC
39827	SacI <u>GAGCTC</u> ATGCCTTCGGTTCAGGTCCG XbaI <u>TCTAGAA</u> ATTTGATCATCATCCGG
40063	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGACATCGGCCCGCTTCC
42790	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAAGTTCTTGGTCCTGTTTTATGCC XbaI <u>TCTAGAG</u> AACCATTTTTTCTTCTCGGGG
43127	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGTCCACGATCAACTCTGAGACC XbaI <u>TCTAGAG</u> ATGCGCTCGTCCGAGCTTCTTACC
43727	KpnI <u>GGTACC</u> ATGATGAGGGCAACCGCTGC XbaI <u>TCTAGAA</u> ATGATCACATGCACTGTATC
44305	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGACAACATCCCCTGCTCG XbaI <u>TCTAGA</u> AAGAACCCAATAAGATTAACCC
44547	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGGTGCAATTTAACAAGATGTTCCG XbaI <u>TCTAGAT</u> TTACTTTTTCTTATTCTCGCCC
45081	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAAAGTGACGACAAGACTGATAGTCG KpnI_rev CGTCAACGAAAAATAGGTACCTAAAACAATAGCCACACC ApaI CGCGCAGTACCCCGGGGCCCGCGGTGAGCACTATTCTCC XbaI <u>TCTAGAAA</u> ATCCGCCGCAACGTCACG
45143	SacI <u>GAGCTC</u> ATGCACACCTTACTTCAGC XbaI <u>TCTAGAT</u> TCTGTTGCTTCTCGCG
45408	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGTTGGCGGCTTCCCGTATCTTGACC XbaI <u>TCTAGA</u> AACCCGCATAGAACGAAGCTTCG
45423	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGGTGGAACCTGGTCTTAAGACAG XbaI <u>TCTAGAG</u> CGTCCTCTCCATCGTGAGGG
45835	KpnI <u>GGTACC</u> ATGAACGAGAAAGATCTTACAGCCGAGAACCG BamHI CCCTGTAACCTCCGGATCCTACTTGGTCTGC XbaI CCTGCCGAT <u>TCTAGAG</u> GACATGGGAATTCTCG SpeI <u>ACTAGT</u> CAGGGATCTTCTCCGAGG
45870	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAGAAAGGTACCACTCTGG XbaI <u>TCTAGAG</u> GTAACATTGGTAGCTTCTTTCC
46395	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGTGTTCTTTTGGCG XbaI <u>TCTAGAG</u> CGCGTCAGCTTGCCCAAGATGG
47811	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAAGTTGTCTTTCCGAGGGTG XbaI <u>TCTAGAC</u> TGCATATACAGCATATCG
49908	KpnI <u>GGTACC</u> ATGTCTCTGAGTACGCTCC XbaI <u>TCTAGAG</u> TCTAAATCGTTCATATTTTCGTTAGAAGC
54466	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGTTTCTCAGCTTCAAATCCTTTGTTTTTGC XbaI <u>TCTAGAG</u> ATAGGAGTGCTGCCAGTGCTTAAATTCC

Tabelle 42: Oligonukleotide: eGFP-pulldown mit dem Fusionsprotein-ID46675eGFP.

ID	Primer
37837	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGGCTCGATTTTATC SpeI <u>ACTAGT</u> ACTGATGGCTTGCTTCGCG
43494	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAAAGTTGCTTTTGCCTTCC XbaI <u>TCTAGAG</u> AGGTGCGCGCCGACCATCTCGATATCTCCG
43598	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAATTTTACACAATTCTTTCCG SpeI <u>ACTAGT</u> ATTAAAGCGATTTCATGTCTG
46917	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAAGACTACCGCCATCATCGC XbaI <u>TCTAGAG</u> TAGAAGTACTTGGGCTTCTTGG
47363	MunI <u>CAATTG</u> ATGAAACAACCTTACCTCTATTTTAAATCCCG XbaI <u>TCTAGAC</u> GCAAAGCCCTTGTAGTCGCGC

Tabelle 43: Oligonukleotide: Signalpeptidase.

ID	Primer
18533	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGCATACCGTTTGGG XbaI <u>TCTAGAT</u> TGATATTCGGCAGGTAGCCG

Tabelle 44: Oligonukleotide: Ubiquitinligasen.

ID	Primer
46464	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGTCGGGCTTGAAGCACAG XbaI <u>TCTAGAT</u> GCTTCGTCGCATCCCCTG
46465	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGATTCATCTGTGGATGG SpeI <u>ACTAGT</u> CAATAACGTCCTGACTGTGAGTAGC

Tabelle 45: Oligonukleotide: Lokalisation BTSeGFP-Fusionsproteine von *mitochondrial carrier* Proteinen (MCP).

MCP	Primer
BTS MCP2 (ID 41519)	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGGCTGATCCTCTGGTC XbaI <u>TCTAGAG</u> ACGATTGTGAACAATCC
BTS MCP3 (ID 35625)	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGCCGTTTCATGGTATCT BglII <u>GATCTT</u> CTAGATGCCACTACATTTGGTTGC

Tabelle 46: Oligonukleotide: eGFP

ID	Primer
eGFP	XbaI <u>TCTAGA</u> ATGGTGAGCAAGGGCG HindIII <u>AAGCTT</u> AACCTGTACAGCTCGTCCA
	BamHI GGATCCATGGTGAGCAAGGGCG HindIII <u>AAGCTT</u> AACCTGTACAGCTCGTCCA

Tabelle 47: Oligonukleotide: SA GFP

ID	Primer
433933S11	BglIII <u>AGATCT</u> TTATGTAATCCCAGCAGCATTTACGTA
44305S11	HindIII AAGCTTTTATGTAATCCCAGCAGCATTTACGTA
46675S11	HindIII <u>AAGCTT</u> TTATGTAATCCCAGCAGCATTTACGTA

Anmerkung: Mithilfe der in der Tabelle 47 angegeben *reverse primer* wurde das S11-GFP-Fragment C-Terminal an die Gensequenz angefügt. Die 5'-*upstream* Richtung wurde mithilfe des bereits aus den Lokalisationsstudien vorhandenen 5'-*Primers* amplifiziert. Der verwendete rekombinante Vektor mit dem jeweils ligierten ER- und PPC-Marker wurde von Franziska Hempel zur Verfügung gestellt.

Tabelle 48: Oligonukleotide: Split-GFP Interaktionsstudien

ID	Primer
sAtpC (ID 50958)	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGAGATCCTTTTGC BamHI <u>GGATCC</u> ATCCATGACAATCG
sHsp70 (ID 55890)	EcoRI <u>GAATTC</u> ATGGTGCATCTTCC BamHI <u>GGATCC</u> TTTGTGTCTGCATTACTGGC
MCP2 FL (ID 41519)	XbaI <u>TCTAGA</u> ATGGCTGATCCTCTGG BamHI <u>GGATCC</u> AGCGGAAATCATCCATAGTG
MCP3 FL (ID 40221)	SpeI <u>ACTAGT</u> ATGCCGTTTATGGTATCTCC BglIII <u>AGATCT</u> TACAACCAACGAAGCAATTG
MCP7 FL (ID 35625)	SpeI <u>ACTAGT</u> ATGAAGGGATCAGCTATATTACC BamHI <u>GGATCC</u> GATTCCCATCATGTTGGGG

Anmerkung: Für die Interaktionsstudien wurde das Gen von 48-1 (volle Länge), am C-Terminus mit N-GFP fusioniert, aus einem rekombinanten Vektor von Franziska Hempel mittels NotI/SacII restringiert und in den Dualvektor pPha_2xNR ligiert.

Tabelle 49: Oligonukleotide: Sequenzierung

Plasmid	Primer
eGFP 5' raus	GGCAGCTTGCCGGTGGTGCAGATG
pJet1.2_fw	GCACAAGTGTTAAAGCAGTT
pJet1.2_rev	CTCTCAAGATTTTCAGGCTGTAT
pPha [Dual] 2xNR_fw	GCTTAACTATGCGGCATCAG
MCSI	CTAACGCAGCTTAGACATAAAC
MCSII	
pPhaNR fw	GGTCGGGTTTCGGATCCTTCC
pPhaNR rev	GATGAACATAAAACGACGATGAG

5.3 Nährmedien, Puffer und Lösungen

5.3.1 Nährmedien

Tabelle 50: Rezeptur f/2-Medium

Bestandteil	Konzentration
f/2 Spurenelemente	1:1.000
f/2 Vitaminlösung	1:1.000
NaH ₂ PO ₄ xH ₂ O	360 µM
NaNO ₃ (Induktion)	0,89 mM
NH ₄ Cl (Kultivierung)	1,50 mM
TRIS/HCl, pH 8,0	2 M
Tropic Marin Meersalz	1,66 % (w/v)

Vor dem Autoklavieren wurde der pH-Wert auf 8,0 mit 1 M HCl justiert und das Medium mit Spurenelementen, Vitaminlösung sowie NH₄Cl oder NaNO₃ steril supplementiert. Zur Kulturhaltung auf Festmedium wurden der Nährlösung 1,3 % (w/v) Agar-Agar Kobe 1 vor dem Autoklavieren zugegeben. Danach musste analog zum Flüssigmedium die Nährlösung entsprechend zu Spurenelementen, Vitaminlösung und Stickstoffquelle mit TRIS/HCl, pH 8,0 supplementiert werden.

Tabelle 51: Rezeptur f/2-Spurenelementelösung

Bestandteil	Konzentration [µM]
CoCl ₂	42 µM
CuSO ₄	36 µM
FeCl ₃	1165 M
MnCl ₂	910 µM
Na ₂ EDTA	1171 µM
Na ₂ MoO ₄	26 µM
ZnSO ₄	77 µM

Tabelle 52: Rezeptur f/2-Vitaminlösung

Bestandteil	Konzentration [µM]
Biotin	2
Cyanocobalamin	0,37
Thiamin-HCl	297

Tabelle 53: Rezeptur *lysogeny broth* (LB-) Medium

Bestandteil	Konzentration [w/v]
Hefeextrakt	0,5 %
NaCl	1,0 %
Trypton/Pepton aus Casein	1,0 %

Die Kultivierung auf Festmedium erfolgte durch Zugabe von 1,5 % (w/v) Agar-Agar Kobe I.

5.3.2 Lösungen

Tabelle 54: Isolierung gDNA *P. tricornutum* – CTAB-Puffer

Bestandteil	Konzentration
CTAB	1%
Na ₂ EDTA, pH 8,6	0,02 M
NaCl	1,4 M
TRIS/HCl, pH 8,0	0,1 M

Der Puffer wurde steril filtriert verwendet.

Tabelle 55: Isolierung Gesamt-RNA *P. tricornutum* – NAES-Puffer

Bestandteil	Konzentration
EDTA	10 mM
NaCH ₃ OOH, pH 5.1	30 mM
SDS	1 % (w/v)

Tabelle 56: Agarosegelelektrophorese – 10xTBE-Puffer

Bestandteil	Konzentration
Borsäure	830 µM
Na ₂ EDTA	10 µM
TRIS	1 M

dH₂O ad. 1 L

Als Laufpuffer wurde 1 x TBE-Puffer verwendet.

Tabelle 57: Agarosegelelektrophorese – 6 x Proben-Ladepuffer

Bestandteil	Konzentration
Bromphenolblau	0,1 % (w/v)
EDTA	50 mM
Saccharose	50 % (w/v)
Urea	4 M
Xylencyanol	0,1 % (w/v)

Tabelle 58: Analytische Restriktion – 10 x Sperm Dilution Buffer (SDB)

Bestandteil	Konzentration [mM]
DTT	50
KOAc	500
MgOAc	100
Spermidin	49
TRIS/Acetat, pH 7,0	300

Tabelle 59: Herstellung chemisch-kompetenter *E. coli* – Zellen -Transformation Buffer I (TFB I)

Bestandteil	Konzentration
CaCl ₂	10 mM
Glycerin	10 % /w/v)
KOAc	30 mM
MnCl ₂	50 mM
RbCl ₂	100 mM

Der pH-Wert wurde auf 5,8 mit 0,2 M Acetat eingestellt und danach steril filtriert.

Tabelle 60: Herstellung chemisch-kompetenter *E. coli* – Zellen – Transformation Buffer II (TFB II)

Bestandteil	Konzentration
CaCl ₂	75 mM
Glycerol	15 % /w/v)
MOPS	10 mM
RbCl ₂	10 mM

Der pH-Wert wurde auf 5,8 mit 1 M NaOH eingestellt und danach steril filtriert.

Tabelle 61: Minipräparation mittels alkalischer Lyse – Resuspensionspuffer P1

Bestandteil	Konzentration
EDTA	10 mM
RNase A	100 µg/mL
TRIS/HCl, pH 8,0	50 mM

Die Zugabe der RNase A erfolgte nach dem Autoklavieren. Der Puffer wurde bei 4° C gelagert.

Tabelle 62: Minipräparation mittels alkalischer Lyse – Lysepuffer P2

Bestandteil	Konzentration
NaOH	200 mM
SDS	1 % (v/v)

SDS wurde nach dem Autoklavieren dem Puffer hinzugegeben. Die Lagerung erfolgte bei 37° C (Vermeidung Präzipitation SDS).

Tabelle 63: Minipräparation mittels alkalischer Lyse – Neutralisationspuffer P3

Bestandteil	Konzentration
KOAc, pH 5,1	3 M

Der Puffer wurde autoklaviert und danach bei 4° C gelagert.

Tabelle 64: Karbonatextraktion – Solubilisierungspuffer (SolA)

Bestandteil	Konzentration
6-Aminocaprinsäure	2 mM
EDTA	1 mM
Imidazol/HCl, pH 7,0	50 mM
NaCl	50 mM
Sucrose	8,5 % (w/v)

Tabelle 65: Karbonatextraktion – Karbonatpuffer

Bestandteil	Konzentration
NaHCO ₃ , pH 11,5	100 mM

Tabelle 66: Protease-Inhibitor-Cocktail (PIC)

Enzym	Konzentration [mg/ml]
Antipain	200
Aprotinin	200
Chymostatin	200
Elastatinal	200
Leupeptin	200
Na ₂ EDTA	200
Pepstatin-A	200
Trypsin-Inhibitor	200

Die Inhibitoren wurden mit 280 mM HEPES/KOH (pH7,5 – 7,9) auf 1 mL aufgefüllt und aliquotiert (Lagerung: -20° C).

Tabelle 67: 10 x Phosphate-Buffered Saline (PBS)

Bestandteil	Konzentration
KCl	2,7 mM
KH ₂ PO ₄	2 mM
Na ₂ HPO ₄	8 mM
NaCl	137 mM

Tabelle 68: SDS-PAGE – 10 x SDS-Urea-Puffer

Bestandteil	Konzentration
Bromphenolblau	0,03 % (w/v)
EDTA	0,1 mM
SDS	5 % (w/v)
TRIS/HCl, pH 6,8	200 mM
Urea	8 M
β-Mercaptoethanol	1 % (v/v)

β-Mercaptoethanol wurde dem Puffer frisch hinzugegeben. Lagerung des Puffers bei Raumtemperatur.

Der Puffer wurde entweder in 4 x oder 5 x Konzentration je nach Anwendung verwendet.

Tabelle 69: Proteinkonzentrationsbestimmung – Amidoschwarz-Färbelösung

Bestandteil	Konzentration
Acetat	10 % (v/v)
Amidoschwarz 10B	0,01 % (w/v)
Methanol	90 % (v/v)

Die Färbelösung wurde bei 4° C gelagert.

Tabelle 70: Proteinkonzentrationsbestimmung – Amidoschwarz-Waschlösung

Bestandteil	Konzentration [v/v]
Acetat	10 %
Methanol	90 %

Tabelle 71: SDS-PAGE – 4 x Sammelgelpuffer

Bestandteil	Konzentration
SDS	0,4 % (w/v)
TRIS/HCl, pH 6,8	500 mM

Vor Zugabe von SDS wurde der Puffer autoklaviert und im Anschluss bei 4° C gelagert.

Tabelle 72: SDS-PAGE – 4 x Trenngelpuffer

Bestandteil	Konzentration
SDS	0,4 % (w/v)
TRIS/HCl, pH 8,8	1,5 mM

Tabelle 73: SDS-PAGE – 10 x SDS-Laufpuffer

Bestandteil	Konzentration
Glycin	2 M
SDS	1 % (w/v)
TRIS	250 mM

Tabelle 74: Semidry Westernblot – SDS-PAGE Transferpuffer

Bestandteil	Konzentration
Glycin	192 mM
Isopropanol	10 % (v/v)
TRIS	25 mM

Tabelle 75: Protein-Immunodetektion – 10 x TBS-Puffer (TRIS buffered Saline)

Bestandteil	Konzentration [M]
NaCl	1,5
TRIS/HCl, pH 8,0	1

Für 1 x TBS-T wurden 1 x TBS 0,1 % (v/v) Tween® 80 dotiert.

Tabelle 76: Protein-Immunodetektion – ECL-Lösung

Bestandteil	Konzentration
Cumarinsäure in DMSO	90 mM
H ₂ O ₂ (30 %)	1:1.000
Luminol in DMSO	250 mM
TRIS/HCl, pH 8,5	200 mM

dH₂O ad. 20 mL

Die ECL-Lösung wurde kurz vor Benutzung hergestellt und war im Kühlschrank eine Woche haltbar.

Tabelle 77: Blue Native PAGE – 1x Native PAGE Sample Buffer

Bestandteil	Konzentration
Bis TRIS	50 mM
Glycerol	10 % (v/v)
NaCl	50 mM
Ponceau S	0,001 % (w/v)

Der Probenpuffer wurde auf einen pH-Wert von 7,2 eingestellt und bei 4° C gelagert.

Tabelle 78: Blue Native PAGE – 20 x BN PAGE Ladepuffer

Bestandteil	Konzentration [M]
Bis-TRIS	1
Tricin	1

Der pH-Wert des Puffers wurde auf 6,8 eingestellt. Nach dem Autoklavieren wurde dieser bei Raumtemperatur gelagert und in 1 x Konzentration als Laufpuffer verwendet.

Tabelle 79: Blue Native PAGE – 20 x Native PAGE cathode additive

Bestandteil	Konzentration
Coomassie G-250	0,4 % (w/v)

Tabelle 80: Blue Native PAGE – dark blue Puffer

Bestandteil	Volumen [mL]
20x Native PAGE cathode additive	10
20x Native PAGE running buffer	10
dH ₂ O	180

Der Puffer wurde kurz Benutzung hergestellt und bei 4° C aufbewahrt.

Tabelle 81: Blue Native PAGE – light blue Puffer

Bestandteil	Volumen [mL]
20x Native PAGE cathode additive	1
20x Native PAGE running buffer	10
dH ₂ O	189

Der Puffer wurde kurz Benutzung hergestellt und bei 4° C aufbewahrt.

Tabelle 82: Nativer Westernblot-Transferpuffer (nach Schaegger)

Bestandteil	Konzentration [mM]
Imidazol	7,5
Tricin	50

Nach dem Autoklavieren wurde der Puffer bei Raumtemperatur gelagert.

Tabelle 83: eGFP-pulldown – Immunopräzipitationspuffer (IP-Puffer)

Bestandteil	Konzentration
EDTA	1 mM
Glycerin	10 % (v/v)
KoAc	200 mM
TRIS/HCl, pH 7,5	50 mM

Nach dem Autoklavieren wurde der Puffer bei Raumtemperatur aufbewahrt. Vor der Benutzung wurden Aliquots in Falcon-Röhren vorgekühlt.

Tabelle 84: eGFP-pulldown – 10 x Laemmli-Puffer

Bestandteil	Konzentration
Bromphenolblau	0,004 % (w/v)
Glycerol	20 % (v/v)
SDS	4 % (w/v)
TRIS/HCl, pH 6,8-7,0	125 mM

dH₂O ad. 100 mL

Vor der Benutzung wurden dem Puffer 10 % β -Mercaptoethanol dotiert.

5.4 Ergebnisse

5.4.1 Identifizierte ERAD-/SELMA-Komponente durch eGFP-*pulldown* mit dem PPC-TPR-Protein ID 46675

Tabelle 85: Identifizierte ERAD-/SELMA-Komponenten, Proteine aus *in silico* Ansätzen – *pulldown* ID 46675

Protein mit JGI-ID und UniProt-Zugangsnummer	
18533 (B5Y4T0_PHATC)	Signalpeptidase (in Blue Native PAGE, <i>pulldown</i> SELMA-Komplex)
19004 (B7FU90_PHATC)	α 7 20S Proteasomale Untereinheit, Wirtszelle
28202 (B5Y3Q6_PHATC)	α 5 20S Proteasomale Untereinheit, Wirtszelle
44959 (B7FV17_PHATC)	TPR-Homolog aus Apicomplexa-Ansatz
45465 (B7FXS8_PHATC)	Ubiquitinligase, detektiert in Blue Native PAGE/ <i>pulldown</i> mit SELMA-Komplex
47657 (B7G4F8_PHATC)	PDZ1 von Dr. Simone Stork lokalisiert
48879 (B7G8P6_PHATC)	Von Dr. Daniel Moog im PPC lokalisiert
51691 (B7FUL2_PHATC)	Proteasomale β -Untereinheit
53939 (B7FRJ8_PHATC)	α 6 20S Proteasomale Untereinheit von Wirt
AtpC (ID 50958, B7G0M9)	ATP synthase <i>epsilon chain</i>
Bd611 (B7S4L0_PHATC)	β 1 20S Proteasomale Untereinheit, Wirtszelle
BiP (ID 54246, B7FUB7_PHATC)	ER-Protein Wirtszelle
hCdc48 (ID 21083, B5Y3R0_PHATC)	Wirts-spezifisches Cdc48
hHsp70 (ID 54019, B7FQ84_PHATC)	Wirts-spezifisches <i>heat shock protein 70</i>
ID 6151 (B7GAK2_PHATC)	<i>Proteasome Core Complex</i>
MCP 7 (ID 35625, B7FYT2_PHATC)	von Dr. Simone Stork in PPM lokalisiert (unveröffentlicht)
Phos1 (ID 47612, B7G4A0)	Phos1 von Dr. Franziska Hempel identifiziert
sCdc48-1 ((ID 50978, B7G1T3_PHATC)	Symbionten-spezifische Version
Sec61 α (ID 52764, B7GD39_PHATC)	Untereinheit des Translokators Sec61
sHsp70 (ID 55890, B7G3Y2_PHATC)	Symbiont-spezifisches <i>heat shock protein 70</i>

sNpl4 (45135, äquivalent mit ID 34750, B7FWK3_PHATC)	Kofaktor von sCdc48
sOrf532a (ID 45935, B7FZ76)	von Dr. Daniel Moog in PPC/PPM lokalisiert
sUbi (ID 54323, B7FW51_PHATC)	Symbionten-spezifisches Ubiquitin
sUbx (ID 44122, B5Y5E9_PHATC)	Kofaktor von sCdc48
sUfd1 (ID 49319, B7GA75_PHATC)	Kofaktor sCdc48
Tic22 (ID54590, B7G1F1_PHATC)	Tic22-like
Ubi3 (ID 27118, B7FY02_PHATC)	Ubiquitin <i>extension protein</i>

5.4.2 Lokalisationen *mitochondrial carrier* Proteine MCP2, MCP3, MCP7 sowie sDer1-1

Die volle Länge-eGFP-Fusionsproteine der *mitochondrial carrier* Proteine MCP2, MCP3 und MCP7 wurden von Dr. Simone Stork identifiziert (unveröffentlichte Daten). Die Fotos wurden aus ihrer Dissertation entnommen (Stork 2013a).

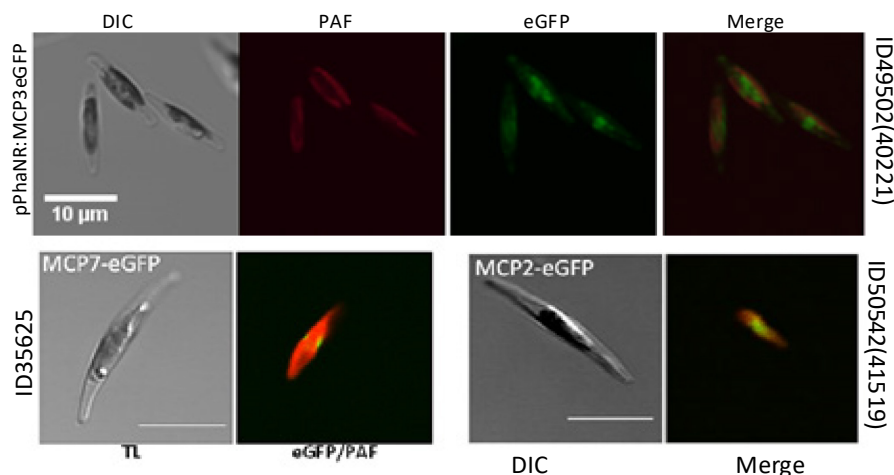


Abbildung 49: Lokalisationen von MCP2, MCP3 und MCP7 von Dr. Simone Stork. Legende: DIC: Differenzieller Interferenzkontrast eGFP: *enhanced green fluorescent protein* PAF: Plastidenautofluoreszenz.

Die Lokalisation der zweigeteilten Zielsteuerungssequenzen für MCP2 und MCP3 wurden im Rahmen dieser Arbeit durchgeführt. Die BTS wurde jeweils durch Dr. Stefan Zauner durch *Alignments* mittels NCBI BlastP bestimmt.

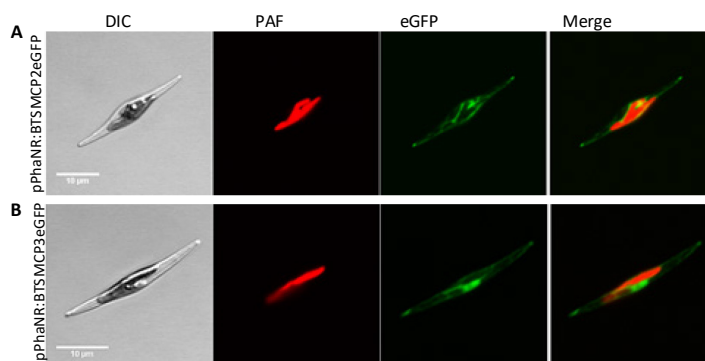


Abbildung 50: Lokalisation von BTS MCP2eGFP und BTS MCP3eGFP. A. Mögliche ER-Lokalisation der Zielsteuerungssequenz von MCP2. B. Mutmaßliche ER-Lokalisation der Zielsteuerungssequenz von MCP3. Legende: DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: *Overlay* eGFP/PAF.

Das volle Länge-eGFP-Fusionsprotein der symbiontischen Version des Derlinprotein sDer1-1 (ID 31697) wurde von Dr. Franziska Hempel lokalisiert (Hempel et al. 2009).

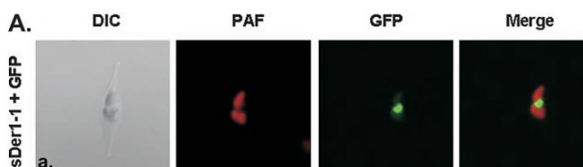


Abbildung 51: Lokalisation volle Länge-Protein sDer1-1 von Dr. Franziska Hempel. Bild entnommen von (Hempel et al. 2009). Legende: DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz GFP: *green fluorescent protein* Merge: *Overlay* eGFP/PAF.

5.4.3 Split-GFP von ID 46675 und sCdc48-1, sAtpC und sHsp70

Die Proteinsequenz von 46675 wurde in voller Länge am C-Terminus mit dem C-terminalen GFP-Fragment (C-GFP), der jeweilige zweite Interaktionspartner in voller Länge am C-Terminus mit dem N-terminalen GFP-Fragment (N-GFP) fusioniert. Alle drei Interaktionsduos zeigen keine Fluoreszenz. sCdc48-1 wird allerdings in der LC-MS-Analyse im Zuge des *pulldowns* mit dem Fusionsprotein 46675eGFP detektiert.

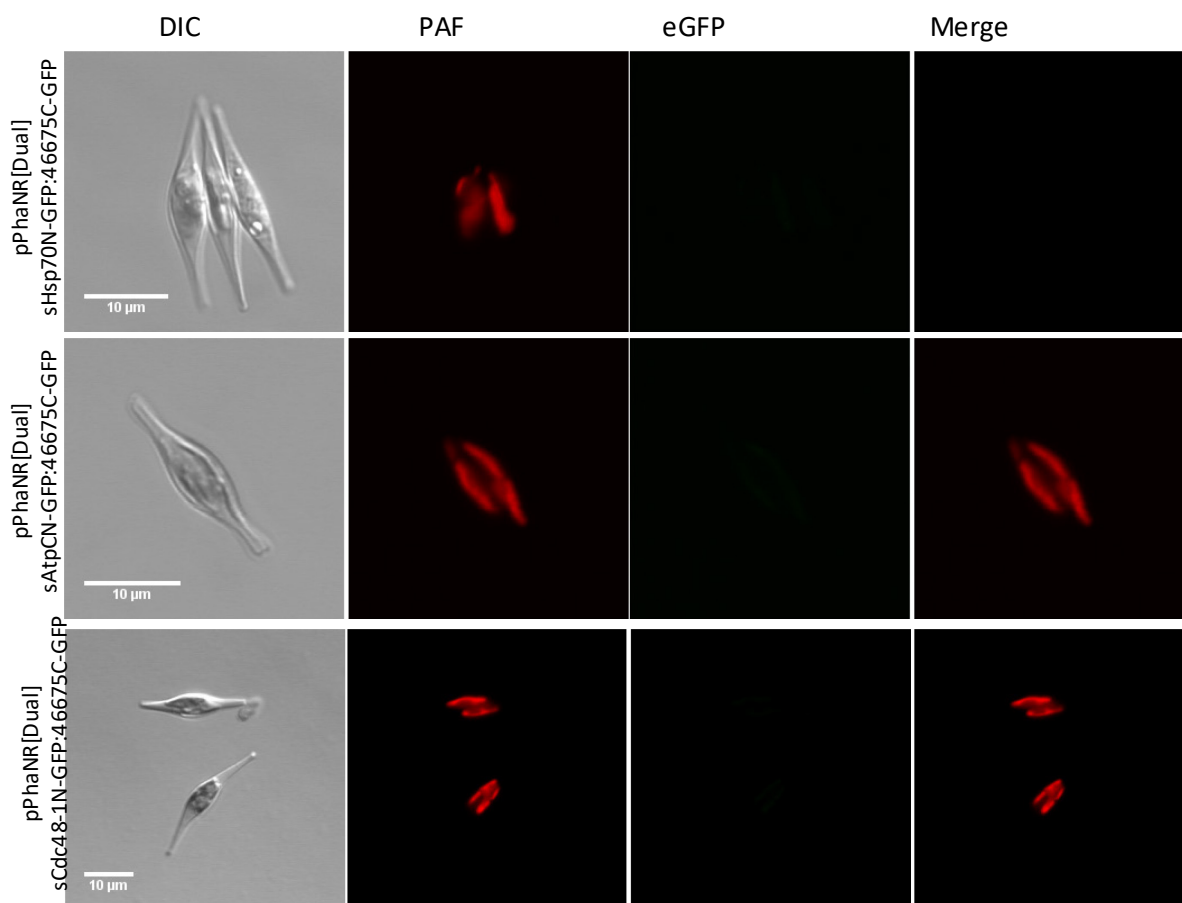


Abbildung 52: Getestete Split GFP-Interaktionen von 46675, sCdc48-1, sHsp70 und sAtpC. Für alle drei getesteten Partner konnte kein eGFP-Signal detektiert werden. **Legende:** DIC: Differenzieller Interferenzkontrast PAF: Plastidenautofluoreszenz eGFP: *enhanced green fluorescent protein* Merge: Overlay eGFP/PAF.

5.4.4 ERAD-/SELMA-Komponenten: Blue Native PAGE SELMA-Komplex und *pulldown* SELMA-Komplex

Tabelle 86: Bereits bekannte und charakterisierte Proteine BN PAGE und *pulldown*. LC-MS Analyse ausgeschnittener SELMA-Komponenten sowie eGFP-*pulldown*, durchgeführt mit dem Fusionsprotein BTSShsp70ΔReGFP).

Protein mit JGI-ID und UniProt-Zugangsnummer	
18533 (B5Y4T0_PHATC)	Signalpeptidase (auch in BN PAGE und pulldown SELMA-Komplex)
19004 (B7FU90_PHATC)	α7 20S Proteasomale Untereinheit, Wirtszelle
45465 (B7FXS8_PHATC)	Ubiquitinligase (BN PAGE/ <i>pulldown</i> mit SELMA-Komplex)
51691 (B7FUL2_PHATC)	Proteasomale β-Untereinheit
BiP (ID 54246, B7FUB7_PHATC)	ER-Protein Wirtszelle
hCdc48 (ID 21083, B5Y3R0_PHATC)	Wirts-spezifisches Cdc48
hDer1-2 (ID 37614, B7G397_PHATC)	Wirts-spezifisches Derlin-Protein 1-2 (ERAD)
hHsp70 (ID 54019, B7FQ84_PHATC)	Wirts-spezifisches <i>heat shock protein 70</i>
hUba1 (ID 54754, B7G3Z1_PHATC)	Ubiquitin <i>activating enzyme</i> E1
hUbi (ID 56440, B7FZS1_PHATC)	Ubiquitin
MCP 7 (ID 35625, B7FYT2_PHATC)	von Dr. Simone Stork in PPM lokalisiert (unveröffentlicht)
PDZ1, (ID 47657, B7G4F8_PHATC)	von Dr. Simone Stork identifiziert und lokalisiert
Phos1 (ID 47612, B7G4A0)	Phos1 von Dr. Franziska Hempel identifiziert
sCdc48-1 ((ID 50978, B7G1T3_PHATC)	Symbionten-spezifische Version
sDer1-1 (ID 31697, B7FP36_PHATC)	Symbiont-spezifisches Derlin-Protein 1-1 (SELMA)
sDer1-2 (ID 35965, B7G004_PHATC)	Symbiont-spezifisches Derlin-Protein 1-2 (SELMA)
Sec13 (ID 24996, B7FQT0_PHATC)	COPII-coated vesicle budding protein
Sec61α (ID 52764, B7GD39_PHATC)	Untereinheit des Translokators Sec61
sHsp70 (ID 55890, B7G3Y2_PHATC)	Symbiont-spezifisches <i>heat shock protein 70</i>
sOrf532a (ID 45935, B7FZ76)	von Dr. Daniel Moog in PPC/PPM lokalisiert
Tic22 (ID54590, B7G1F1_PHATC)	Tic22-like
Tic55 (ID 50613, B7GEP3_PHATC)	Translokationskomplex/-maschinerie oEM
Ubi1/2 (ID 22043, B7GSH7_PHATC)	Ubiquitin <i>extension protein 1/2</i>

5.4.5 *In silico* Identifikation konservierte Domänen Blue Native PAGE

Verteilung der detektierten konservierten Domänen der bereits annotierten Peptide aus dem Blue Native PAGE-Ansatz – Membranfraktion (LC-MS Analyse).

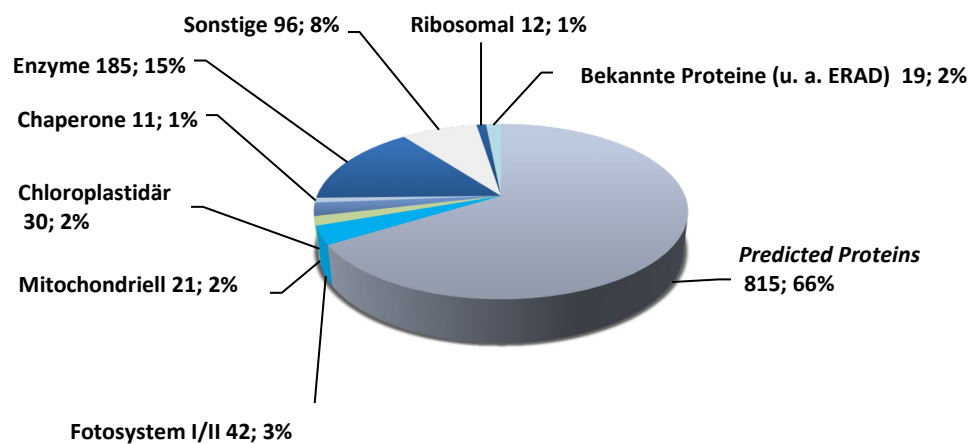


Abbildung 53: In silico Analyse Blue Native PAGE – Verteilung konservierter Domänen annotierter Peptide. Verteilung von Proteinen mit und ohne Signalpeptid. **Potenziell stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid ist eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin **Potenziell nicht stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid jede andere Aminosäure.

Von 815 noch nicht annotierten Proteinen (*predicted proteins*) sind 28 u. a. bereits als ERAD- oder SELMA-Komponente identifizierte Proteine (siehe Tabelle 86).

5.4.6 Identifikation von Importrezeptor-Kandidaten – *in silico* Analysen *pulldown*

Ein eGFP-*pulldown* mit der transienten Linie von Lau et al. (pPhaNR:BTSΔReGFP) wurde mit einem an Sepharosepartikel konjugiertem GFP-Antikörper inkubiert und anschließend die Eluate massenspektrometrisch (LC-MS) analysiert. Im Vergleich mit einer zytosolischen eGFP-Kontrolle wurden die detektierten Proteine miteinander abgeglichen. Peptide mit mindestens zwei Treffern sowie diejenigen nur im Eluat des *bait*-Proteins detektierten Peptide wurden als signifikante Treffer gewertet. Insgesamt wurden 1326 Peptide detektiert, wovon 584 Peptide bereits mit ribosomalen, mitochondriell-aktiven Domänen annotiert sind oder bereits identifizierte ERAD-/SELMA-Komponenten darstellen (siehe Abbildung 54). Die restlichen 756 Proteine wurden auf Vorhandensein eines Signalpeptids gescreent (siehe Abbildung 55).

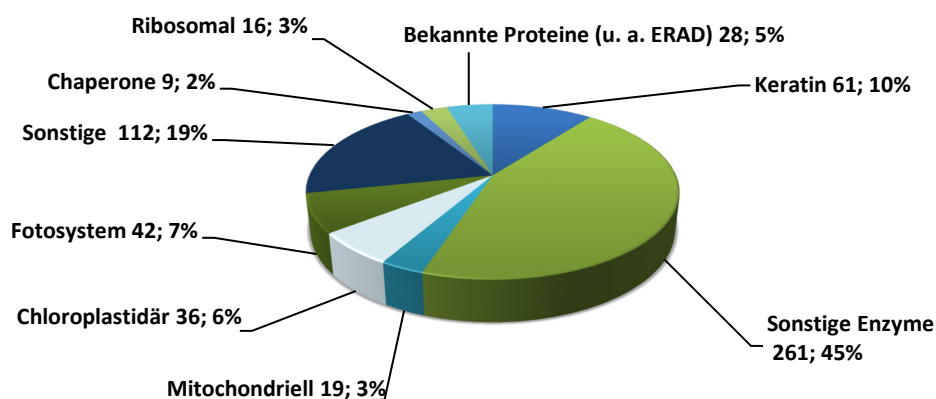


Abbildung 54: Verteilung konservierter Domänen von annotierten im *pull-down* detektierten Proteine. Proteine mit und ohne Signalpeptid.

Für über die Hälfte der nicht annotierten Proteine (*predicted proteins*) wird kein Signalpeptid und für 36 % der Proteine ein potenzielles Signalpeptid vorhergesagt. Von den 273 mit detektiertem Signalpeptid vorhergesagten Proteinen werden 15 % als potenziell nicht stromal gewertet, d. h. die erste Position nach dem potenziellen Signalpeptid ist keine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin, und die restlichen 21 % Proteine werden mit potenziell stromaler Zielsteuerungssequenz gewertet (siehe Abbildung 55).

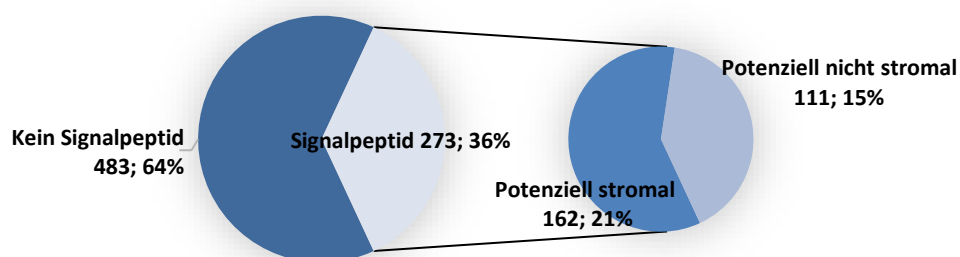


Abbildung 55: *In silico* Analyse Vorhandensein Signalpeptid des *pull-down* mit nativem Proteineextrakt der transgenen Linie pPhaNRBTS70ΔReGFP. **Potenziell stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid ist eine aromatische Aminosäure oder (Iso-)Leucin **Potenziell nicht stromal:** +1 Position nach dem detektierten Signalpeptid jede andere Aminosäure.

Von den 756 vorhergesagten Proteinen ohne Annotationen (*predicted proteins*) entfallen laut NCBI BlastP-Analyse 34 % auf Proteine mit möglicher enzymatischer Funktion (Hydrolasen, Isomerasen, Oxidoreduktasen) sowie 29 % auf sonstige Domänen (Zusammenfassung von ABC Transporter, 26S proteasomale Untereinheiten, *major intrinsic* Proteinfamilie, *major facility* Proteinfamilie, mitochondrial carrier Proteine⁵¹) (siehe Abbildung 56).

⁵¹ ID 22873, 46612, 47964, 47843, 22279

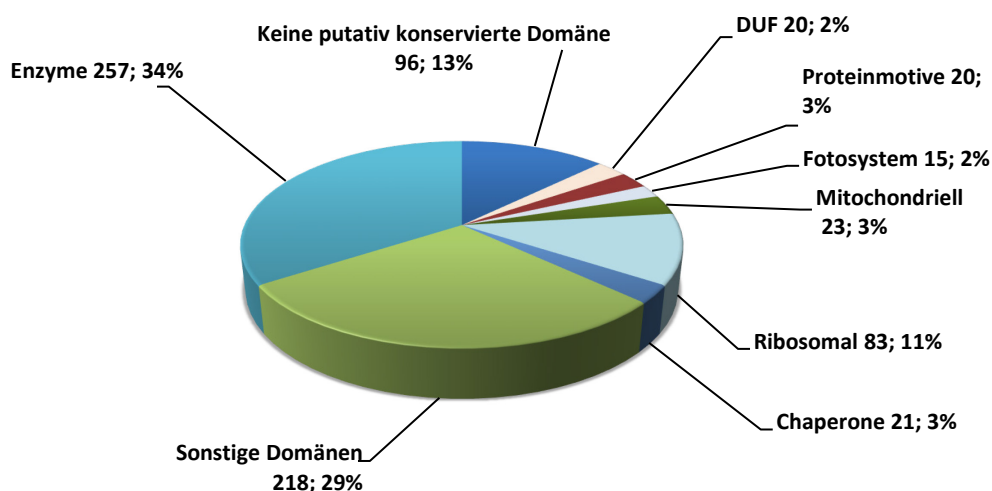


Abbildung 56: *In silico* Analyse konservierter Domäne der *predicted proteins* mit nativem Proteinextrakt mit BTS70ΔReGFP. 13 % der detektierten Proteine weisen keine konservierte Domäne und 2 % eine Domäne unbekannter Funktion auf. Weiterhin werden zu je gleichen Anteilen (3 %) Proteinmotive wie TPRs, PPRs, Ankyrin *repeats* sowie mitochondrielle spezifische Domänen (Cytochrom, MCPs) detektiert. 15 Proteine gehören entsprechend der Annotation dem Fotosystem an (Tic22, Tic20, PbsP) sowie 21 Proteine sind potenzielle Chaperone (Hsp83, Cdc37, Hsp90, DnaJ Domäne). Die restlichen 11 % der detektierten Proteine werden als ribosomale Untereinheiten oder Proteine (30S, 40S, 60S) annotiert. Entsprechend der Kriterien (vorhandenes Signalpeptid, keine potenziell stromale Zielsteuerungssequenz, keine ribosomale, enzymatisch-aktive Domäne oder ähnliches) wurden 20 Proteine für die weitere Analyse in Betracht gezogen (siehe Tabelle 87). Die Proteine ID 45835, ID 44879, ID 47811 sowie ID 42790 wurden ebenfalls mittels massenspektrometrischer Analyse des Blue Native-PAGE-Ansatzes detektiert. Da die massenspektrometrischen Analysen am Ende dieser Arbeit vorlagen, konnten die *in silico* identifizierten Kandidaten nicht mehr lokalisiert werden.

Tabelle 87: Lokalisationskandidaten aus dem *pulldown* mit dem Fusionsprotein BTS70ΔReGFP. Legende: DUF = Domäne unbekannter Funktion FL = volle Länge o. SP = ohne Signalpeptid mTP = mitochondrial transit peptide cTP = chloroplast transit peptide Transmembrandomäne: TMHMMv.20, Lokalisationen: TargetPv.1.1

Protein-ID	Domäne NCBI BlastP	Signalpeptid	Transmembrandomäne	Vorhergesagte Lokalisation
16334	DUF 4079	ASA-AG ⁵²	4	Other (FL), SP (o. SP)
43495	Keine	TAA-NL ⁵³ , VTA-AN ⁵⁴	0	SP (FL), Other (o. SP)
43044	Keine	DQS-RS ⁵²	0	mTP (FL, o. SP)
43348	Keine	ALA-SV ⁵²	1	Other (FL, o. SP)
49202	Keine	ATA-SS ⁵²	0	SP (FL), Other (o. SP)
46084	Keine	AFT-RP ⁵²	1	SP (FL), mTP (o. SP)
49648	Keine	AIA-SI ⁵³ , AFA-IA ⁵⁴	1	SP (FL), Other (o. SP)
38175	Keine	LSA-VP ⁵²	0	Other (FL, o. SP)
48426	Keine	SLA-VV ⁵²	0	mTP (FL), cTP (o. SP)
36770	Keine	GKA-VH ⁵³ , KAV-HV ⁵⁴	0	mTP (FL), cTP (o. SP)
45403	Keine	VEA-QQ ⁵²	1	SP (FL), cTP (o. SP)
43323	Keine	LGC-HF ⁵³ , TLG-CH ⁵⁴	4	SP (FL), Other (o. SP)

⁵² Vorhersage mit SignalPv3.0

⁵³ Vorhersage mit Phobius

⁵⁴ Vorhersage mit Phobius und SignalPv3.0

5.4.7 Zweite TEM-Aufnahme des mutmaßlichen cER-Proteins ID 42790

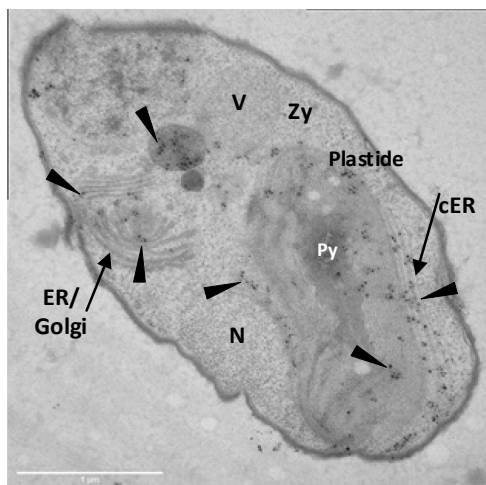


Abbildung 57: TEM-Aufnahme des mutmaßlichen cER-Proteins ID 42790. Das Protein findet sich hauptsächlich im mutmaßlichen cER (zwischen Nucleus (N) und Plastide und dem äußeren Plastidenrand (siehe Pfeile)). Weiterhin wird das Fusionsprotein im Golgi-Apparat sowie in der Vakuole (V) nachgewiesen. **Legende:** V: Vakuole Zy: Zytosol N: Nucleus Py: Pyrenoid

5.5 Anmerkungen zu Proteinmodellen und konservierte Domänen

5.5.1 TPR-Proteine:

Proteinsequenz 46675: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 39634: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 44959: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

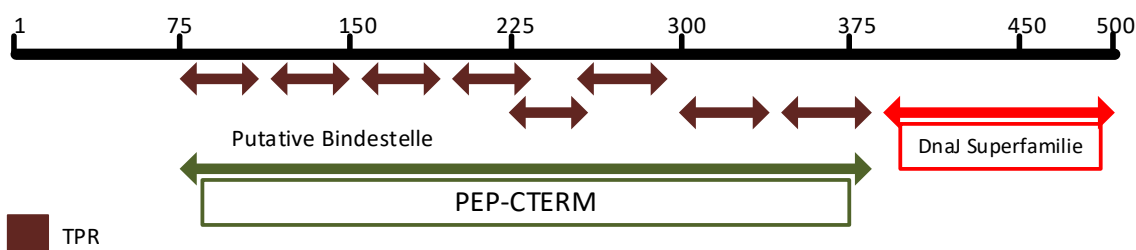


Abbildung 58: Proteindomänen Chaperone ID 44959.

Proteinsequenz 47492: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 48967: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 49015: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

5.5.2 Proteine aus 46675 eGFP pull-down

Proteinsequenz 37837: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Nein

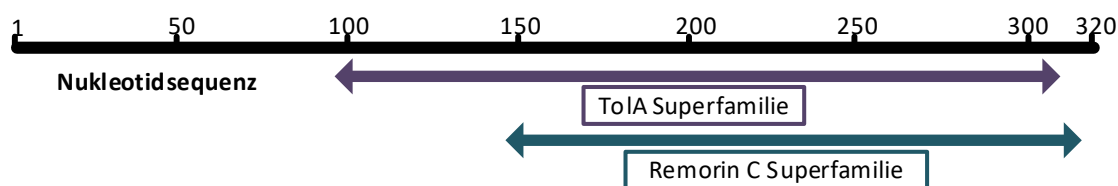


Abbildung 59: Nukleotidbindende Domänen ID 37837 (Proteindomäne DUF4468).

Proteinsequenz 43494: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 43598: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 43727: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 44821: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 46917: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 47363: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

5.5.3 WD40-Motiv Proteine

Proteinsequenz 36668: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

5.5.4 Licht-regulierte Proteine

Proteinsequenz 38112: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Nein

Proteinsequenz 43657: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 49097: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

5.5.5 Sequenzähnliche Apicomplexa-Proteine

Proteinsequenz 32487: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Nein, *P. malariae*-ID: PmUG01_08048300.1-p1, *P. falciparum* 3D7-ID: PF3D7_1128300.1-p1

Proteinsequenz 39554: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Nein, *P. falciparum* 3D7-ID: PF3D7_0106000.1-p1, kein sequenzähnliches Protein von *P. malariae*

Proteinsequenz 42126: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Nein, *P. falciparum* 3D7-ID: PF3D7_1353600.1-p1, *P. malariae*-ID: PmUG01_11032200.1-p1

Proteinsequenz 43933: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja, *P. falciparum* 3D7-ID: PF3D7_0201800.1-p1, *P. malariae*-ID: PmUG01_04019200.1-p1

5.5.6 BN PAGE – Membranfraktion: lokalisierte Proteine

Proteinsequenz 13922: Korrektur am N-Terminus, EST-Daten: Nein

anhand NCBI BlastP am N-Terminus verlängert:

MISDNTKIGTALLFLGCVFLFLGCMISDNTKIGTALLFLGCVFLFLGC = N-terminale Verlängerung

LFLFDSAMLALGDILFLTGLTLTIGFSRTLRFSSRPDRMRGIISFFGGILLVM-

FRWPIFGMILQFYGLIYLFQGFPIAAQSMKDTPVVGEVFRIPAVERFLESFGGARDSRRAPV

Proteinsequenz 36311: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 37368: Keine Korrektur vorgenommen, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 37687: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Nein
Proteinsequenz 39827: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 40063: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 42646: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 42790: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 43127: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 44305: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 44547: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 45081: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 45143: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 45408: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 45423: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 45835: *Korrektur am N-Terminus notwendig (nicht kloniert)*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 45870: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 46395: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 47811: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 48661: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 49908: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja
Proteinsequenz 54466: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja

5.5.7 Signalpeptidase

Proteinsequenz 18533: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja

5.5.8 Ubiquitinligasen

Proteinsequenz 46464: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja

Proteinsequenz 46465: *Keine Korrektur vorgenommen*, EST-Daten: Ja

5.6 Digitaler Anhang

D1. LC-MS Daten eGFP-*pulldown* mit dem Fusionsprotein ID 46675eGFP

D2. LC-MS Daten Blue Native PAGE mit Fusionsprotein BTSsHsp70 Δ ReGFP

D3. LC-MS Daten eGFP-*pulldown* mit dem Fusionsprotein BTSsHsp70 Δ ReGFP

6 Literaturverzeichnis

- Adl, Sina M.; Simpson, Alastair G. B.; Lane, Christopher E.; Lukeš, Julius; Bass, David; Bowser, Samuel S. et al. (2012): The revised classification of eukaryotes. In: *The Journal of eukaryotic microbiology* 59 (5), S. 429–493. DOI: 10.1111/j.1550-7408.2012.00644.x.
- Agrawal, Swati; van Dooren, Giel G.; Beatty, Wandy L.; Striepen, Boris (2009): Genetic evidence that an endosymbiont-derived endoplasmic reticulum-associated protein degradation (ERAD) system functions in import of apicoplast proteins. In: *The Journal of biological chemistry* 284 (48), S. 33683–33691. DOI: 10.1074/jbc.M109.044024.
- Andrade, M. A.; Perez-Iratxeta, C.; Ponting, C. P. (2001a): Protein repeats: structures, functions, and evolution. In: *Journal of structural biology* 134 (2-3), S. 117–131. DOI: 10.1006/jsbi.2001.4392.
- Andrade, M. A.; Petosa, C.; O'Donoghue, S. I.; Müller, C. W.; Bork, P. (2001b): Comparison of ARM and HEAT protein repeats. In: *Journal of Molecular Biology* 309 (1), S. 1–18. DOI: 10.1006/jmbi.2001.4624.
- Apt, K. E.; Grossman, A. R.; Kroth-Pancic, P. G. (1996): Stable nuclear transformation of the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. In: *Molecular and General Genetics MGG* (252), S. 572–579.
- Apt, Kirk E.; Zaslavkaia, Lioudmila; Lippmeier, J. Casey; Lang, Markus; Kilian, Oliver; Wetherbee, Rick et al. (2002): In vivo characterization of diatom multipartite plastid targeting signals. In: *Journal of cell science* 115 (Pt 21), S. 4061–4069. DOI: 10.1242/jcs.00092.
- Archibald, John M. (2015): Endosymbiosis and Eukaryotic Cell Evolution. In: *Current biology : CB* 25 (19), R911-21. DOI: 10.1016/j.cub.2015.07.055.
- Armbrust, Virginia E. (2009): The life of datoms in the world's oceans. In: *Nature Biotechnology* 459, S. 185–192.
- Baba, Tomoya; Ara, Takeshi; Hasegawa, Miki; Takai, Yuki; Okumura, Yoshiko; Baba, Miki et al. (2006): Construction of *Escherichia coli* K-12 in-frame, single-gene knockout mutants: the Keio collection. In: *Molecular systems biology* 2, 2006.0008. DOI: 10.1038/msb4100050.
- Bai, Lin; Wang, Tong; Zhao, Gongpu; Kovach, Amanda; Li, Huilin (2018): The atomic structure of a eukaryotic oligosaccharyltransferase complex. In: *Nature* 555 (7696), S. 328–333. DOI: 10.1038/nature25755.
- Baldrige, Ryan D.; Rapoport, Tom A. (2016): Autoubiquitination of the Hrd1 Ligase Triggers Protein Retrotranslocation in ERAD. In: *Cell* 166 (2), S. 394–407. DOI: 10.1016/j.cell.2016.05.048.
- Bard, Jared A. M.; Goodall, Ellen A.; Greene, Eric R.; Jonsson, Erik; Dong, Ken C.; Martin, Andreas (2018): Structure and Function of the 26S Proteasome. In: *Annual review of biochemistry* 87, S. 697–724. DOI: 10.1146/annurev-biochem-062917-011931.
- Becker, Björn; Shaebani, M. Reza; Rammo, Domenik; Bubel, Tobias; Santen, Ludger; Schmitt, Manfred J. (2016): Cargo binding promotes KDEL receptor clustering at the mammalian cell surface. In: *Scientific Reports* 6, S. 28940. DOI: 10.1038/srep28940.

- Becker, Burkhard; Hoef-Emden, Kerstin; Melkonian, Michael (2008): Chlamydial genes shed light on the evolution of photoautotrophic eukaryotes. In: *BMC evolutionary biology* 8, S. 203. DOI: 10.1186/1471-2148-8-203.
- Bína, David; Herbstová, Miroslava; Gardian, Zdenko; Vácha, František; Litvín, Radek (2016): Novel structural aspect of the diatom thylakoid membrane: lateral segregation of photosystem I under red-enhanced illumination. In: *Scientific Reports* 6, S. 25583. DOI: 10.1038/srep25583.
- Birnboim, H. C.; Doly, J. (1979): A rapid alkaline extraction procedure for screening recombinant plasmid DNA. In: *Nucleic acids research* 7 (6), S. 1513–1523. DOI: 10.1093/nar/7.6.1513.
- Bodnar, Nicholas O.; Rapoport, Tom A. (2017): Molecular Mechanism of Substrate Processing by the Cdc48 ATPase Complex. In: *Cell* 169 (4), 722-735.e9. DOI: 10.1016/j.cell.2017.04.020.
- Bodył, Andrzej (2018): Did some red alga-derived plastids evolve via kleptoplastidy? A hypothesis. In: *Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society* 93 (1), S. 201–222. DOI: 10.1111/brv.12340.
- Bodył, Andrzej; Stiller, John W.; Mackiewicz, Paweł (2009): Chromalveolate plastids: direct descent or multiple endosymbioses? In: *Trends in ecology & evolution* 24 (3), 119-21; author reply 121-2. DOI: 10.1016/j.tree.2008.11.003.
- Bohne, A-V; Schwenkert, S.; Grimm, B.; Nickelsen, J. (2016): Roles of Tetratricopeptide Repeat Proteins in Biogenesis of the Photosynthetic Apparatus. In: *International review of cell and molecular biology* 324, S. 187–227. DOI: 10.1016/bs.ircmb.2016.01.005.
- Bouchut, Anne; Geiger, Jennifer A.; DeRocher, Amy E.; Parsons, Marilyn (2014): Vesicles bearing *Toxoplasma* apicoplast membrane proteins persist following loss of the relict plastid or Golgi body disruption. In: *PloS one* 9 (11), e112096. DOI: 10.1371/journal.pone.0112096.
- Bowler, Chris; Allen, Andrew E.; Badger, Jonathan H.; Grimwood, Jane; Jabbari, Kamel; Kuo, Alan et al. (2008): The *Phaeodactylum* genome reveals the evolutionary history of diatom genomes. In: *Nature* 456 (7219), S. 239–244. DOI: 10.1038/nature07410.
- Braxton, Courtney N.; Quartner, Evan; Pawloski, Westley; Fushman, David; Cropp, T. Ashton (2019): Ubiquitin Chains Bearing Genetically Encoded Photo-Cross-Linkers Enable Efficient Covalent Capture of (Poly)ubiquitin-Binding Domains. In: *Biochemistry* 58 (7), S. 883–886. DOI: 10.1021/acs.biochem.8b01089.
- Brix, J.; Dietmeier, K.; Pfanner, N. (1997): Differential recognition of preproteins by the purified cytosolic domains of the mitochondrial import receptors Tom20, Tom22, and Tom70. In: *The Journal of biological chemistry* 272 (33), S. 20730–20735. DOI: 10.1074/jbc.272.33.20730.
- Brodsky, J. L.; Werner, E. D.; Dubas, M. E.; Goekeler, J. L.; Kruse, K. B.; McCracken, A. A. (1999): The requirement for molecular chaperones during endoplasmic reticulum-associated protein degradation demonstrates that protein export and import are mechanistically distinct. In: *The Journal of biological chemistry* 274 (6), S. 3453–3460. DOI: 10.1074/jbc.274.6.3453.
- Budenholzer, L.; Cheng, L. C.; Li, Y.; Hochstrasser, Mark (2017): Proteasome Structure and Assembly. In: *Journal of Molecular Biology* 429 (22), S. 3500–3524.

- Bullmann, Lars; Haarmann, Raimund; Mirus, Oliver; Bredemeier, Rolf; Hempel, Franziska; Maier, Uwe G.; Schleiff, Enrico (2010): Filling the gap, evolutionarily conserved Omp85 in plastids of chromalveolates. In: *The Journal of biological chemistry* 285 (9), S. 6848–6856. DOI: 10.1074/jbc.M109.074807.
- Cabantous, S.; Terwilliger, T. C.; Waldo, G. S. (2005): Protein tagging and detection with engineered self-assembling fragments of green fluorescent protein. In: *Nature Biotechnology* 23, S. 102–107.
- Caramelo, Julio J.; Parodi, Armando J. (2015): A sweet code for glycoprotein folding. In: *FEBS letters* 589 (22), S. 3379–3387. DOI: 10.1016/j.febslet.2015.07.021.
- Carvalho, Pedro; Stanley, Ann Marie; Rapoport, Tom A. (2010): Retrotranslocation of a misfolded luminal ER protein by the ubiquitin-ligase Hrd1p. In: *Cell* 143 (4), S. 579–591. DOI: 10.1016/j.cell.2010.10.028.
- Castegna, Alessandra; Scarcia, Pasquale; Agrimi, Gennaro; Palmieri, Luigi; Rottensteiner, Hanspeter; Spera, Iolanda et al. (2010): Identification and functional characterization of a novel mitochondrial carrier for citrate and oxoglutarate in *Saccharomyces cerevisiae*. In: *The Journal of biological chemistry* 285 (23), S. 17359–17370. DOI: 10.1074/jbc.M109.097188.
- Catic, André; Collins, Cal; Church, George M.; Ploegh, Hidde L. (2004): Preferred in vivo ubiquitination sites. In: *Bioinformatics (Oxford, England)* 20 (18), S. 3302–3307. DOI: 10.1093/bioinformatics/bth407.
- Cavalier-Smith, T. (1998): A revised six-kingdom system of life. In: *Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society* 73 (3), S. 203–266. DOI: 10.1017/s0006323198005167.
- Cavalier-Smith, T. (1999): Principles of protein and lipid targeting in secondary symbiogenesis: euglenoid, dinoflagellate, and sporozoan plastid origins and the eukaryote family tree. In: *The Journal of eukaryotic microbiology* 46 (4), S. 347–366. DOI: 10.1111/j.1550-7408.1999.tb04614.x.
- Cavalier-Smith, Thomas (2018): Kingdom Chromista and its eight phyla: a new synthesis emphasising periplastid protein targeting, cytoskeletal and periplastid evolution, and ancient divergences. In: *Protoplasma* 255 (1), S. 297–357. DOI: 10.1007/s00709-017-1147-3.
- Chaudhari, Rahul; Dey, Vishakha; Narayan, Aishwarya; Sharma, Shobhona; Patankar, Swati (2017): Membrane and luminal proteins reach the apicoplast by different trafficking pathways in the malaria parasite *Plasmodium falciparum*. In: *PeerJ* 5, e3128. DOI: 10.7717/peerj.3128.
- Cherepanova, Natalia; Shrimal, Shiteshu; Gilmore, Reid (2016): N-linked glycosylation and homeostasis of the endoplasmic reticulum. In: *Current opinion in cell biology* 41, S. 57–65. DOI: 10.1016/j.ceb.2016.03.021.
- Conchon, S.; Cao, X.; Barlowe, C.; Pelham, H. R. (1999): Got1p and Sft2p: membrane proteins involved in traffic to the Golgi complex. In: *The EMBO journal* 18 (14), S. 3934–3946. DOI: 10.1093/emboj/18.14.3934.
- Curtis, Bruce A.; Tanifuji, Goro; Burki, Fabien; Gruber, Ansgar; Irimia, Manuel; Maruyama, Shinichiro et al. (2012): Algal genomes reveal evolutionary mosaicism and the fate of nucleomorphs. In: *Nature* 492 (7427), S. 59–65. DOI: 10.1038/nature11681.

- Daboussi, Fayza; Leduc, Sophie; Maréchal, Alan; Dubois, Gwendoline; Guyot, Valérie; Perez-Michaut, Christophe et al. (2014): Genome engineering empowers the diatom *Phaeodactylum tricornutum* for biotechnology. In: *Nature communications* 5, S. 3831. DOI: 10.1038/ncomms4831.
- Dagan, Tal; Roettger, Mayo; Stucken, Karina; Landan, Giddy; Koch, Robin; Major, Peter et al. (2013): Genomes of Stigonematalean cyanobacteria (subsection V) and the evolution of oxygenic photosynthesis from prokaryotes to plastids. In: *Genome biology and evolution* 5 (1), S. 31–44. DOI: 10.1093/gbe/evs117.
- Dalbey, R. E.; Pei, D.; Ekici, Ö. D. (2017): Signal Peptidase Enzymology and Substrate Specificity Profiling. In: *Methods in enzymology* 584, S. 35–57. DOI: 10.1016/bs.mie.2016.09.025.
- D'Andrea, Luca D.; Regan, Lynne (2003): TPR proteins: the versatile helix. In: *Trends in biochemical sciences* 28 (12), S. 655–662. DOI: 10.1016/j.tibs.2003.10.007.
- Das, A. K.; Cohen, P. W.; Barford, D. (1998): The structure of the tetratricopeptide repeats of protein phosphatase 5: implications for TPR-mediated protein-protein interactions. In: *The EMBO journal* 17 (5), S. 1192–1199. DOI: 10.1093/emboj/17.5.1192.
- Delasoie, Joachim; Zobi, Fabio (2019): Natural Diatom Biosilica as Microshuttles in Drug Delivery Systems. In: *Pharmaceutics* 11 (10). DOI: 10.3390/pharmaceutics11100537.
- Delaye, Luis; Valadez-Cano, Cecilio; Pérez-Zamorano, Bernardo (2016): How Really Ancient Is *Paulinella Chromatophora*? In: *PLoS currents* 8. DOI: 10.1371/currents.tol.e68a099364bb1a1e129a17b4e06b0c6b.
- Denecke, J.; Rycke, R. de; Botterman, J. (1992): Plant and mammalian sorting signals for protein retention in the endoplasmic reticulum contain a conserved epitope. In: *The EMBO journal* 11 (6), S. 2345–2355.
- Devaraneni, P. K.; Conti, B.; Matsumura, Y.; Yang, Z.; Johnson, A. E., Skach, W. R. (2011): Stepwise Insertion and Inversion of a Type II Signal Anchor Sequence in the Ribosome-Sec61 Translocon Complex. In: *Cell* 146 (1), S. 13–15.
- Dorrell, Richard G.; Gile, Gillian; McCallum, Giselle; Méheust, Raphaël; Bapteste, Eric P.; Klinger, Christen M. et al. (2017): Chimeric origins of ochrophytes and haptophytes revealed through an ancient plastid proteome. In: *eLife* 6. DOI: 10.7554/eLife.23717.
- Dorrell, Richard G.; Smith, Alison G. (2011): Do red and green make brown?: perspectives on plastid acquisitions within chromalveolates. In: *Eukaryotic cell* 10 (7), S. 856–868. DOI: 10.1128/EC.00326-10.
- Doyle, Shannon M.; Wickner, Sue (2009): Hsp104 and ClpB: protein disaggregating machines. In: *Trends in biochemical sciences* 34 (1), S. 40–48. DOI: 10.1016/j.tibs.2008.09.010.
- Doyle J. J.; Doyle J. L. (1990): Isolation of Plant DNA from Fresh Tissue. In: *Focus* 12 (13-15).
- El-Gebali, Sara; Mistry, Jaina; Bateman, Alex; Eddy, Sean R.; Luciani, Aurélien; Potter, Simon C. et al. (2019): The Pfam protein families database in 2019. In: *Nucleic acids research* 47 (D1), D427-D432. DOI: 10.1093/nar/gky995.

- Emanuelsson, Olof; Brunak, Søren; Heijne, Gunnar von; Nielsen, Henrik (2007): Locating proteins in the cell using TargetP, SignalP and related tools. In: *Nature protocols* 2 (4), S. 953–971. DOI: 10.1038/nprot.2007.131.
- Falkowski, P. G.; Knoll, A. H.: An Introduction to Primary Producers in the Sea: Who They Are, What They Do, and When They Evolved. In: Knoll, Falkowski Hg 2007 - Evolution of primary producers, S. 1–6.
- Falkowski, PAUL G. (2011): The biological and geological contingencies for the rise of oxygen on Earth. In: *Photosynthesis Research* 107 (1), S. 7–10. DOI: 10.1007/s11120-010-9602-4.
- Fan, Anna C. Y.; Gava, Lisandra M.; Ramos, Carlos H. I.; Young, Jason C. (2010): Human mitochondrial import receptor Tom70 functions as a monomer. In: *The Biochemical journal* 429 (3), S. 553–563. DOI: 10.1042/BJ20091855.
- Fellows, Justin D.; Cipriano, Michael J.; Agrawal, Swati; Striepen, Boris (2017): A Plastid Protein That Evolved from Ubiquitin and Is Required for Apicoplast Protein Import in *Toxoplasma gondii*. In: *mBio* 8 (3). DOI: 10.1128/mBio.00950-17.
- Felsner, Gregor; Sommer, Maik S.; Gruenheit, Nicole; Hempel, Franziska; Moog, Daniel; Zauner, Stefan et al. (2011): ERAD components in organisms with complex red plastids suggest recruitment of a preexisting protein transport pathway for the periplastid membrane. In: *Genome biology and evolution* 3, S. 140–150. DOI: 10.1093/gbe/evq074.
- Felsner, Gregor; Sommer, Maik S.; Maier, Uwe G. (2010): The physical and functional borders of transit peptide-like sequences in secondary endosymbionts. In: *BMC Plant Biology* 10, S. 223. DOI: 10.1186/1471-2229-10-223.
- Fleig, Lina; Bergbold, Nina; Sahasrabudhe, Priyanka; Geiger, Beate; Kaltak, Lejla; Lemberg, Marius K. (2012): Ubiquitin-dependent intramembrane rhomboid protease promotes ERAD of membrane proteins. In: *Molecular cell* 47 (4), S. 558–569. DOI: 10.1016/j.molcel.2012.06.008.
- Flori, Serena; Jouneau, Pierre-Henri; Bailleul, Benjamin; Gallet, Benoit; Estrozi, Leandro F.; Moriscot, Christine et al. (2017): Plastid thylakoid architecture optimizes photosynthesis in diatoms. In: *Nature communications* 8, S. 15885. DOI: 10.1038/ncomms15885.
- Flori, Serena; Jouneau, Pierre-Henri; Finazzi, Giovanni; Maréchal, Eric; Falconet, Denis (2016): Ultrastructure of the Periplastidial Compartment of the Diatom *Phaeodactylum tricornutum*. In: *Protist* 167 (3), S. 254–267. DOI: 10.1016/j.protis.2016.04.001.
- Francius, Grégory; Tesson, Benoît; Dague, Etienne; Martin-Jézéquel, Véronique; Dufrêne, Yves F. (2008): Nanostructure and nanomechanics of live *Phaeodactylum tricornutum* morphotypes. In: *Environmental microbiology* 10 (5), S. 1344–1356. DOI: 10.1111/j.1462-2920.2007.01551.x.
- Frommolt, Ruth; Werner, Sonja; Paulsen, Harald; Goss, Reimund; Wilhelm, Christian; Zauner, Stefan et al. (2008): Ancient recruitment by chromists of green algal genes encoding enzymes for carotenoid biosynthesis. In: *Molecular biology and evolution* 25 (12), S. 2653–2667. DOI: 10.1093/molbev/msn206.
- Funakoshi, Minoru; Sasaki, Toru; Nishimoto, Takeharu; Kobayashi, Hideki (2002): Budding yeast Dsk2p is a polyubiquitin-binding protein that can interact with the proteasome. In: *Proceedings of*

- the National Academy of Sciences of the United States of America 99 (2), S. 745–750. DOI: 10.1073/pnas.012585199.
- Gentil, J.; Hempel, F.; Moog, D.; Zauner, S.; Maier, U. G. (2017): Review: origin of complex algae by secondary endosymbiosis: a journey through time. In: *Protoplasma* 254 (5), S. 1835–1843. DOI: 10.1007/s00709-017-1098-8.
- Ghosh, I.; Hamilton, A. D.; Regan, L. (2000): Antiparallel Leucine Zipper-Directed Protein Reassembly: Application to the Green Fluorescent Protein. In: *Journal of the American Chemical Society* 122 (23), S. 5658–5659.
- Gibbs, S. P. (1979): The route of entry of cytoplasmically synthesized proteins into chloroplasts of algae possessing chloroplast ER. In: *Journal of cell science* 35, S. 253–266.
- Glaser, Stephanie; van Dooren, Giel G.; Agrawal, Swati; Brooks, Carrie F.; McFadden, Geoffrey I.; Striepen, Boris; Higgins, Matthew K. (2012): Tic22 is an essential chaperone required for protein import into the apicoplast. In: *The Journal of biological chemistry* 287 (47), S. 39505–39512. DOI: 10.1074/jbc.M112.405100.
- Glickman, M. H.; Rubin, D. M.; Fried, V. A.; Finley, D. (1998): The Regulatory Particle of the *Saccharomyces cerevisiae* Proteasome. In: *Molecular and Cellular Biology* 18 (6), S. 3149–3162.
- Goodacre, Norman F.; Gerloff, Dietlind L.; Uetz, Peter (2013): Protein domains of unknown function are essential in bacteria. In: *mBio* 5 (1), e00744-13. DOI: 10.1128/mBio.00744-13.
- Gould, Sven B.; Maier, Uwe-G; Martin, William F. (2015): Protein import and the origin of red complex plastids. In: *Current biology : CB* 25 (12), R515-21. DOI: 10.1016/j.cub.2015.04.033.
- Gould, Sven B.; Sommer, Maik S.; Hadfi, Katalin; Zauner, Stefan; Kroth, Peter G.; Maier, Uwe-G (2006a): Protein targeting into the complex plastid of cryptophytes. In: *Journal of molecular evolution* 62 (6), S. 674–681. DOI: 10.1007/s00239-005-0099-y.
- Gould, Sven B.; Sommer, Maik S.; Kroth, Peter G.; Gile, Gillian H.; Keeling, Patrick J.; Maier, Uwe-G (2006b): Nucleus-to-nucleus gene transfer and protein retargeting into a remnant cytoplasm of cryptophytes and diatoms. In: *Molecular biology and evolution* 23 (12), S. 2413–2422. DOI: 10.1093/molbev/msl113.
- Green, Beverley R. (2011): Chloroplast genomes of photosynthetic eukaryotes. In: *The Plant journal : for cell and molecular biology* 66 (1), S. 34–44. DOI: 10.1111/j.1365-3113X.2011.04541.x.
- Grosche, Christopher; Hempel, Franziska; Bolte, Kathrin; Abram, Lars; Maier, Uwe G.; Zauner, Stefan (2014): Protein Import into Complex Plastids: Current Findings and Perspectives. In: Wolfgang Löfelhardt (Hg.): *Endosymbiosis*. Vienna, s.l.: Springer Vienna, S. 215–231.
- Gruber, Ansgar; Vugrinec, Sascha; Hempel, Franziska; Gould, Sven B.; Maier, Uwe-G; Kroth, Peter G. (2007): Protein targeting into complex diatom plastids: functional characterisation of a specific targeting motif. In: *Plant molecular biology* 64 (5), S. 519–530. DOI: 10.1007/s11103-007-9171-x.
- Haft, Daniel H.; Paulsen, Ian T.; Ward, Naomi; Selengut, Jeremy D. (2006): Exopolysaccharide-associated protein sorting in environmental organisms: the PEP-CTERM/EpsH system. Application of a novel phylogenetic profiling heuristic. In: *BMC biology* 4, S. 29. DOI: 10.1186/1741-7007-4-29.

- Haft, Daniel H.; Payne, Samuel H.; Selengut, Jeremy D. (2012): Archaeosortases and exosortases are widely distributed systems linking membrane transit with posttranslational modification. In: *Journal of bacteriology* 194 (1), S. 36–48. DOI: 10.1128/JB.06026-11.
- He, Ding; Sierra, Roberto; Pawlowski, Jan; Baldauf, Sandra L. (2016): Reducing long-branch effects in multi-protein data uncovers a close relationship between Alveolata and Rhizaria. In: *Molecular phylogenetics and evolution* 101, S. 1–7. DOI: 10.1016/j.ympev.2016.04.033.
- He, Liyan; Han, Xiaotian; Yu, Zhiming (2014): A rare *Phaeodactylum tricornutum* cruciform morphotype: culture conditions, transformation and unique fatty acid characteristics. In: *PloS one* 9 (4), e93922. DOI: 10.1371/journal.pone.0093922.
- Hehenberger, Elisabeth; Gast, Rebecca J.; Keeling, Patrick J. (2019): A kleptoplastidic dinoflagellate and the tipping point between transient and fully integrated plastid endosymbiosis. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116 (36), S. 17934–17942. DOI: 10.1073/pnas.1910121116.
- Hehenberger, Elisabeth; Imanian, Behzad; Burki, Fabien; Keeling, Patrick J. (2014): Evidence for the retention of two evolutionary distinct plastids in dinoflagellates with diatom endosymbionts. In: *Genome biology and evolution* 6 (9), S. 2321–2334. DOI: 10.1093/gbe/evu182.
- Heiny, S. R.; Pautz, S.; Recker, M.; Przyborski, Jude M. (2014): Protein Traffic to the *Plasmodium falciparum* Apicoplast: Evidence for a Sorting Branch Point at the Golgi. In: *Traffic* 15 (12), S. 1290–1304.
- Hempel, Franziska; Bullmann, Lars; Lau, Julia; Zauner, Stefan; Maier, Uwe G. (2009): ERAD-derived preprotein transport across the second outermost plastid membrane of diatoms. In: *Molecular biology and evolution* 26 (8), S. 1781–1790. DOI: 10.1093/molbev/msp079.
- Hempel, Franziska; Felsner, Gregor; Maier, Uwe G. (2010): New mechanistic insights into pre-protein transport across the second outermost plastid membrane of diatoms. In: *Molecular Microbiology* 76 (3), S. 793–801. DOI: 10.1111/j.1365-2958.2010.07142.x.
- Hempel, Franziska; Lau, Julia; Klingl, Andreas; Maier, Uwe G. (2011): Algae as protein factories: expression of a human antibody and the respective antigen in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. In: *PloS one* 6 (12), e28424. DOI: 10.1371/journal.pone.0028424.
- Hirakawa, Yoshihisa; Nagamune, Kisaburo; Ishida, Ken-Ichiro (2009): Protein targeting into secondary plastids of chlorarachniophytes. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 106 (31), S. 12820–12825. DOI: 10.1073/pnas.0902578106.
- Hirano, Tatsuya; Kinoshita, Noriyuki; Morikawa, Kosuke; Yanagida, Mitsuhiro (1990): Snap helix with knob and hole: Essential repeats in *S. pombe* nuclear protein nuc2+. In: *Cell* 60 (2), S. 319–328. DOI: 10.1016/0092-8674(90)90746-2.
- Hongo, Yuki; Yabuki, Akinori; Fujikura, Katsunori; Nagai, Satoshi (2019): Genes functioned in kleptoplastids of *Dinophysis* are derived from haptophytes rather than from cryptophytes. In: *Scientific Reports* 9 (1), S. 9009. DOI: 10.1038/s41598-019-45326-5.
- Housden, Nicholas G.; Kleanthous, Colin (2012): Colicin translocation across the *Escherichia coli* outer membrane. In: *Biochemical Society transactions* 40 (6), S. 1475–1479. DOI: 10.1042/BST20120255.

- Huesgen, Pitter F.; Alami, Meriem; Lange, Philipp F.; Foster, Leonard J.; Schröder, Wolfgang P.; Overall, Christopher M.; Green, Beverley R. (2013): Proteomic amino-terminal profiling reveals targeting information for protein import into complex plastids. In: *PloS one* 8 (9), e74483. DOI: 10.1371/journal.pone.0074483.
- Hwang, Jiwon; Qi, Ling (2018): Quality Control in the Endoplasmic Reticulum: Crosstalk between ERAD and UPR pathways. In: *Trends in biochemical sciences* 43 (8), S. 593–605. DOI: 10.1016/j.tibs.2018.06.005.
- Jain, Buddhi Prakash; Pandey, Shweta (2018): WD40 Repeat Proteins: Signalling Scaffold with Diverse Functions. In: *The protein journal* 37 (5), S. 391–406. DOI: 10.1007/s10930-018-9785-7.
- Jamali, Ali Akbar; Akbari, Fariba; Ghorakhlu, Mohamad Moradi; La Guardia, Miguel de; Yari Khosroushahi, Ahmad (2012): Applications of diatoms as potential microalgae in nanobiotechnology. In: *BiolImpacts : BI* 2 (2), S. 83–89. DOI: 10.5681/bi.2012.012.
- Jia, Jie; Yue, Xihua; Zhu, Lianhui; Jing, Shuaiyang; Wang, Yijing; Gim, Bopil et al. (2020): KDEL receptor is a cell surface receptor that cycles between the plasma membrane and the Golgi via clathrin-mediated transport carriers. In: *Cellular and molecular life sciences : CMLS*. DOI: 10.1007/s00018-020-03570-3.
- Kaneko, Masayuki; Imaizumi, Kazunori; Saito, Atsushi; Kanemoto, Soshi; Asada, Rie; Matsuhisa, Koji; Ohtake, Yosuke (2017): ER Stress and Disease: Toward Prevention and Treatment. In: *Biological & pharmaceutical bulletin* 40 (9), S. 1337–1343. DOI: 10.1248/bpb.b17-00342.
- Kao, Yun-Ting; Gonzalez, Kim L.; Bartel, Bonnie (2018): Peroxisome Function, Biogenesis, and Dynamics in Plants. In: *Plant physiology* 176 (1), S. 162–177. DOI: 10.1104/pp.17.01050.
- Karagöz, G. Elif; Acosta-Alvear, Diego; Walter, Peter (2019): The Unfolded Protein Response: Detecting and Responding to Fluctuations in the Protein-Folding Capacity of the Endoplasmic Reticulum. In: *Cold Spring Harbor perspectives in biology* 11 (9). DOI: 10.1101/cshperspect.a033886.
- Karpenahalli, Manjunatha R.; Lupas, Andrei N.; Söding, Johannes (2007): TPRpred: a tool for prediction of TPR-, PPR- and SEL1-like repeats from protein sequences. In: *BMC bioinformatics* 8, S. 2. DOI: 10.1186/1471-2105-8-2.
- Katti, M. V.; Sami-Subbu, R.; Ranjekar, P. K.; Gupta, V. S. (2000): Amino acid repeat patterns in protein sequences: their diversity and structural-functional implications. In: *Protein science : a publication of the Protein Society* 9 (6), S. 1203–1209. DOI: 10.1110/ps.9.6.1203.
- Kim, Ikjin; Ahn, Jungmi; Liu, Chang; Tanabe, Kaori; Apodaca, Jennifer; Suzuki, Tadashi; Rao, Hai (2006): The Png1-Rad23 complex regulates glycoprotein turnover. In: *The Journal of cell biology* 172 (2), S. 211–219. DOI: 10.1083/jcb.200507149.
- Kooistra, Wiebke H.C.F.; Gersonde, Rainer; Medlin, Linda K.; Mann, David G. (2007): The Origin and Evolution of the Diatoms: Their Adaptation to a Planktonic Existence. In: ANDREW H. Knoll und Paul G. Falkowski (Hg.): *Evolution of primary producers in the sea*. Amsterdam, Boston: Elsevier Academic Press, S. 207–249.
- Kunze, Markus; Berger, Johannes (2015): The similarity between N-terminal targeting signals for protein import into different organelles and its evolutionary relevance. In: *Frontiers in Physiology* 6, S. 259. DOI: 10.3389/fphys.2015.00259.

- Lan, Huiyin; Sun, Yi (2019): FBXW7 E3 ubiquitin ligase: degrading, not degrading, or being degraded. In: *Protein & cell* 10 (12), S. 861–863. DOI: 10.1007/s13238-019-0652-x.
- Lang, M.; Apt, K. E.; Kroth, P. G. (1998): Protein transport into "complex" diatom plastids utilizes two different targeting signals. In: *The Journal of biological chemistry* 273 (47), S. 30973–30978. DOI: 10.1074/jbc.273.47.30973.
- Lang, Sven; Pfeffer, Stefan; Lee, Po-Hsien; Cavalié, Adolfo; Helms, Volkhard; Förster, Friedrich; Zimmermann, Richard (2017): An Update on Sec61 Channel Functions, Mechanisms, and Related Diseases. In: *Frontiers in Physiology* 8, S. 887. DOI: 10.3389/fphys.2017.00887.
- Lau, Julia B.; Stork, Simone; Moog, Daniel; Schulz, Julian; Maier, Uwe G. (2016): Protein-protein interactions indicate composition of a 480 kDa SELMA complex in the second outermost membrane of diatom complex plastids. In: *Molecular Microbiology* 100 (1), S. 76–89. DOI: 10.1111/mmi.13302.
- Lau, Julia B.; Stork, Simone; Moog, Daniel; Sommer, Maik S.; Maier, Uwe G. (2015a): N-terminal lysines are essential for protein translocation via a modified ERAD system in complex plastids. In: *Molecular Microbiology* 96 (3), S. 609–620.
- Lau, Julia B.; Stork, Simone; Moog, Daniel; Sommer, Maik S.; Maier, Uwe G. (2015b): N-terminal lysines are essential for protein translocation via a modified ERAD system in complex plastids. In: *Molecular Microbiology* 96 (3), S. 609–620. DOI: 10.1111/mmi.12959.
- Lechner, Carolin C.; Becker, Christian F. W. (2015): Silaffins in Silica Biomineralization and Biomimetic Silica Precipitation. In: *Marine drugs* 13 (8), S. 5297–5333. DOI: 10.3390/md13085297.
- Lewin, J. C. (1958a): The Taxonomic Position of *Phaeodactylum tricornutum*. In: *Journal of general microbiology* 18 (2), S. 427–482.
- Lewin, J. C.; Lewin, R. A.; Philpott, D. E. (1958b): Observations on *Phaeodactylum tricornutum*. In: *Journal of general microbiology* 18 (18), S. 418–426.
- Ling, Qihua; Huang, Weihua; Baldwin, Amy; Jarvis, Paul (2012): Chloroplast biogenesis is regulated by direct action of the ubiquitin-proteasome system. In: *Science (New York, N.Y.)* 338 (6107), S. 655–659. DOI: 10.1126/science.1225053.
- Ling, Qihua; Jarvis, Paul (2013): Dynamic regulation of endosymbiotic organelles by ubiquitination. In: *Trends in cell biology* 23 (8), S. 399–408. DOI: 10.1016/j.tcb.2013.04.008.
- Liu, Xiaojuan; Hempel, Franziska; Stork, Simone; Bolte, Kathrin; Moog, Daniel; Heimerl, Thomas et al. (2016): Addressing various compartments of the diatom model organism *Phaeodactylum tricornutum* via sub-cellular marker proteins. In: *Algal Research* 20, S. 249–257. DOI: 10.1016/j.algal.2016.10.018.
- Liu, Ya-Wen; Huang, Chun-Fang; Huang, Kai-Bin; Lee, Fang-Jen S. (2005): Role for Gcs1p in regulation of Arl1p at trans-Golgi compartments. In: *Molecular biology of the cell* 16 (9), S. 4024–4033. DOI: 10.1091/mbc.e05-01-0023.
- Maier, Uwe G.; Zauner, Stefan; Hempel, Franziska (2015): Protein import into complex plastids: Cellular organization of higher complexity. In: *European journal of cell biology* 94 (7-9), S. 340–348. DOI: 10.1016/j.ejcb.2015.05.008.

- Mallo, Natalia; Fellows, Justin; Johnson, Carla; Sheiner, Lilach (2018): Protein Import into the Endosymbiotic Organelles of Apicomplexan Parasites. In: *Genes* 9 (8). DOI: 10.3390/genes9080412.
- Marin, Birger; Nowack, Eva C. M.; Melkonian, Michael (2005): A plastid in the making: evidence for a second primary endosymbiosis. In: *Protist* 156 (4), S. 425–432. DOI: 10.1016/j.protis.2005.09.001.
- Marter, Pia; Schmidt, Sebastian; Kiontke, Stephan; Moog, Daniel (2020): Optimized mRuby3 is a Suitable Fluorescent Protein for in vivo Co-localization Studies with GFP in the Diatom *Phaeodactylum tricornutum*. In: *Protist* 171 (1), S. 125715. DOI: 10.1016/j.protis.2020.125715.
- Martino, Alessandra de; Meichenin, Agnès; Shi, Juan; Pan, Kehou; Bowler, Chris (2007): Genetic and phenotypic characterization of *Phaeodactylum tricornutum* (Bacillariophyceae) accessions 1. In: *Journal of Phycology* 43 (5), S. 992–1009. DOI: 10.1111/j.1529-8817.2007.00384.x.
- McFadden, Geoffrey I.; van Dooren, Giel G. (2004): Evolution: red algal genome affirms a common origin of all plastids. In: *Current biology : CB* 14 (13), R514-6. DOI: 10.1016/j.cub.2004.06.041.
- Melters, Daniël P.; Bradnam, Keith R.; Young, Hugh A.; Telis, Natalie; May, Michael R.; Ruby, J. Graham et al. (2013): Comparative analysis of tandem repeats from hundreds of species reveals unique insights into centromere evolution. In: *Genome biology* 14 (1), R10. DOI: 10.1186/gb-2013-14-1-r10.
- Mereschkowsky, C. (1905): Über Natur und Ursprung der Chromatophoren im Pflanzenreiche. In: *Biologisches Centralblatt* 25 (18), S. 593–604.
- Mernberger, Marco; Moog, Daniel; Stork, Simone; Zauner, Stefan; Maier, Uwe G.; Hüllermeier, Eyke (2014): Protein sub-cellular localization prediction for special compartments via optimized time series distances. In: *Journal of bioinformatics and computational biology* 12 (1), S. 1350016. DOI: 10.1142/S0219720013500169.
- Montesinos, Juan Carlos; Pastor-Cantizano, Noelia; Robinson, David G.; Marcote, María Jesús; Aniento, Fernando (2014): Arabidopsis p24δ5 and p24δ9 facilitate Coat Protein I-dependent transport of the K/HDEL receptor ERD2 from the Golgi to the endoplasmic reticulum. In: *The Plant journal : for cell and molecular biology* 80 (6), S. 1014–1030. DOI: 10.1111/tpj.12700.
- Montsant, Anton; Maheswari, Uma; Bowler, Chris; Lopez, Pascal J. (2005): Diatomics: toward diatom functional genomics. In: *Journal of nanoscience and nanotechnology* 5 (1), S. 5–14. DOI: 10.1166/jnn.2005.003.
- Moog, Daniel (2018): In Silico Tools for the Prediction of Protein Import into Secondary Plastids. In: *Methods in molecular biology (Clifton, N.J.)* 1829, S. 381–394. DOI: 10.1007/978-1-4939-8654-5_25.
- Moog, Daniel; Stork, Simone; Zauner, Stefan; Maier, Uwe-G (2011): In silico and in vivo investigations of proteins of a minimized eukaryotic cytoplasm. In: *Genome biology and evolution* 3, S. 375–382. DOI: 10.1093/gbe/evr031.
- Moore, Robert B.; Oborník, Miroslav; Janouskovec, Jan; Chrudimský, Tomáš; Vancová, Marie; Green, David H. et al. (2008): A photosynthetic alveolate closely related to apicomplexan parasites. In: *Nature* 451 (7181), S. 959–963. DOI: 10.1038/nature06635.
- Morel, F. M. M.; Price, N. M. (2003): The biogeochemical cycles of trace metals in the oceans. In: *Science (New York, N.Y.)* 300 (5621), S. 944–947. DOI: 10.1126/science.1083545.

- Moustafa, Ahmed; Beszteri, Bánk; Maier, Uwe G.; Bowler, Chris; Valentin, Klaus; Bhattacharya, Debashish (2009): Genomic footprints of a cryptic plastid endosymbiosis in diatoms. In: *Science (New York, N.Y.)* 324 (5935), S. 1724–1726. DOI: 10.1126/science.1172983.
- Nadzirin, Nurul; Firdaus-Raih, Mohd (2012): Proteins of unknown function in the Protein Data Bank (PDB): an inventory of true uncharacterized proteins and computational tools for their analysis. In: *International journal of molecular sciences* 13 (10), S. 12761–12772. DOI: 10.3390/ijms131012761.
- Neal, S.; Jaeger, P. A.; Duttke, S. H.; Benner, C.; Glass, K. C.; Ideker, T.; Hampton, R. Y. (2018): The Dfm1 Derlin Is Required for ERAD Retrotranslocation of Integral Membrane Proteins. In: *Molecular cell* 69 (2), S. 306–320.
- Neal, Sonya; Mak, Raymond; Bennett, Eric J.; Hampton, Randolph (2017): A Cdc48 "Retrochaperone" Function Is Required for the Solubility of Retrotranslocated, Integral Membrane Endoplasmic Reticulum-associated Degradation (ERAD-M) Substrates. In: *The Journal of biological chemistry* 292 (8), S. 3112–3128. DOI: 10.1074/jbc.M116.770610.
- Needham, Patrick G.; Brodsky, Jeffrey L. (2013): How early studies on secreted and membrane protein quality control gave rise to the ER associated degradation (ERAD) pathway: the early history of ERAD. In: *Biochimica et biophysica acta* 1833 (11), S. 2447–2457. DOI: 10.1016/j.bbamcr.2013.03.018.
- Neilson, A. J.D.; Rangrikphoti, P.; Durnford, Dion G. (2017): Evolution and regulation of *Bigeloviella natans* light-harvesting antenna system. In: *Journal of plant physiology* 217, S. 68–76. DOI: 10.1016/j.jplph.2017.05.019.
- Nelson, David M.; Tréguer, Paul; Brzezinski, Mark A.; Leynaert, Aude; Quéguiner, Bernard (1995): Production and dissolution of biogenic silica in the ocean: Revised global estimates, comparison with regional data and relationship to biogenic sedimentation. In: *Global Biogeochem. Cycles* 9 (3), S. 359–372. DOI: 10.1029/95GB01070.
- Nonoyama, Tomomi; Kazamia, Elena; Nawaly, Hermanus; Gao, Xia; Tsuji, Yoshinori; Matsuda, Yusuke et al. (2019): Metabolic Innovations Underpinning the Origin and Diversification of the Diatom Chloroplast. In: *Biomolecules* 9 (8). DOI: 10.3390/biom9080322.
- Nowack, Eva C. M.; Melkonian, Michael; Glöckner, Gernot (2008): Chromatophore genome sequence of *Paulinella* sheds light on acquisition of photosynthesis by eukaryotes. In: *Current biology : CB* 18 (6), S. 410–418. DOI: 10.1016/j.cub.2008.02.051.
- Nowack, Eva C. M.; Price, Dana C.; Bhattacharya, Debashish; Singer, Anna; Melkonian, Michael; Grossman, Arthur R. (2016): Gene transfers from diverse bacteria compensate for reductive genome evolution in the chromatophore of *Paulinella chromatophora*. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113 (43), S. 12214–12219. DOI: 10.1073/pnas.1608016113.
- Nowack, Eva C. M.; Weber, Andreas P. M. (2018): Genomics-Informed Insights into Endosymbiotic Organelle Evolution in Photosynthetic Eukaryotes. In: *Annual review of plant biology* 69, S. 51–84. DOI: 10.1146/annurev-arplant-042817-040209.

- Nymark, Marianne; Sharma, Amit Kumar; Sparstad, Torfinn; Bones, Atle M.; Winge, Per (2016): A CRISPR/Cas9 system adapted for gene editing in marine algae. In: *Scientific Reports* 6 (1), S. 24951. DOI: 10.1038/srep24951.
- Oborník, Miroslav (2019): Endosymbiotic Evolution of Algae, Secondary Heterotrophy and Parasitism. In: *Biomolecules* 9 (7). DOI: 10.3390/biom9070266.
- Okuda-Shimizu, Y.; Hendershot, L. M. (2007): Characterization of an ERAD Pathway for Nonglycosylated BiP Substrates, which Require Herp. In: *Molecular cell* 28 (4), S. 544–554.
- Otzen, Daniel (2012): The role of proteins in biosilicification. In: *Scientifica* 2012, S. 867562. DOI: 10.6064/2012/867562.
- Ovide, Clément; Kiefer-Meyer, Marie-Christine; Bérard, Caroline; Vergne, Nicolas; Lecroq, Thierry; Plasson, Carole et al. (2018): Comparative in depth RNA sequencing of *P. tricornutum*'s morphotypes reveals specific features of the oval morphotype. In: *Scientific Reports* 8 (1), S. 14340. DOI: 10.1038/s41598-018-32519-7.
- Paila, Yamuna D.; Richardson, Lynn G.; Inoue, Hitoshi; Parks, Elizabeth S.; McMahon, James; Inoue, Kentaro; Schnell, Danny J. (2016): Multi-functional roles for the polypeptide transport associated domains of Toc75 in chloroplast protein import. In: *eLife* 5. DOI: 10.7554/eLife.12631.
- Patron, Nicola J.; Waller, Ross F. (2007): Transit peptide diversity and divergence: A global analysis of plastid targeting signals. In: *BioEssays : news and reviews in molecular, cellular and developmental biology* 29 (10), S. 1048–1058. DOI: 10.1002/bies.20638.
- Perez-Riba, Albert; Itzhaki, Laura S. (2019): The tetratricopeptide-repeat motif is a versatile platform that enables diverse modes of molecular recognition. In: *Current opinion in structural biology* 54, S. 43–49. DOI: 10.1016/j.sbi.2018.12.004.
- Petiti, Méliissa; Serrano, Bastien; Faure, Laura; Lloubes, Roland; Mignot, Tâm; Duché, Denis (2019): Tol Energy-Driven Localization of Pal and Anchoring to the Peptidoglycan Promote Outer-Membrane Constriction. In: *Journal of Molecular Biology* 431 (17), S. 3275–3288. DOI: 10.1016/j.jmb.2019.05.039.
- Pety de Thozée, Cédric; Ghislain, Michel (2006): ER-associated degradation of membrane proteins in yeast. In: *TheScientificWorldJournal* 6, S. 967–983. DOI: 10.1100/tsw.2006.191.
- Pfeffer, Stefan; Burbaum, Laura; Unverdorben, Pia; Pech, Markus; Chen, Yuxiang; Zimmermann, Richard et al. (2015): Structure of the native Sec61 protein-conducting channel. In: *Nature communications* 6, S. 8403. DOI: 10.1038/ncomms9403.
- Plemper, R. K.; Böhmeler, S.; Bordallo, J.; Sommer, T.; Wolf, D. H. (1997): Mutant analysis links the translocon and BiP to retrograde protein transport for ER degradation. In: *Nature* 388 (6645), S. 891–895. DOI: 10.1038/42276.
- Ponce-Toledo, Rafael I.; López-García, Purificación; Moreira, David (2019): Horizontal and endosymbiotic gene transfer in early plastid evolution. In: *The New phytologist* 224 (2), S. 618–624. DOI: 10.1111/nph.15965.

- Preissler, Steffen; Ron, David (2018): Erratum: Early Events in the Endoplasmic Reticulum Unfolded Protein Response. In: *Cold Spring Harbor perspectives in biology* 10 (12). DOI: 10.1101/cshperspect.a037309.
- Pulido, Pablo; Leister, Dario (2018): Novel DnaJ-related proteins in *Arabidopsis thaliana*. In: *The New phytologist* 217 (2), S. 480–490. DOI: 10.1111/nph.14827.
- Qiu, Huan; Price, Dana C.; Weber, Andreas P. M.; Facchinelli, Fabio; Yoon, Hwan Su; Bhattacharya, Debashish (2013): Assessing the bacterial contribution to the plastid proteome. In: *Trends in plant science* 18 (12), S. 680–687. DOI: 10.1016/j.tplants.2013.09.007.
- Qiu, X-B; Shao, Y-M; Miao, S.; Wang, L. (2006): The diversity of the DnaJ/Hsp40 family, the crucial partners for Hsp70 chaperones. In: *Cellular and molecular life sciences : CMLS* 63 (22), S. 2560–2570. DOI: 10.1007/s00018-006-6192-6.
- Rajathej, David Mary; Parthasarathy, Subbiah; Selvaraj, Samuel (2019): Identification and Analysis of Long Repeats of Proteins at the Domain Level. In: *Frontiers in bioengineering and biotechnology* 7, S. 250. DOI: 10.3389/fbioe.2019.00250.
- Rapoport, Tom A.; Li, Long; Park, Eunyoung (2017): Structural and Mechanistic Insights into Protein Translocation. In: *Annual review of cell and developmental biology* 33, S. 369–390. DOI: 10.1146/annurev-cellbio-100616-060439.
- Reyes-Prieto, Adrian; Hackett, Jeremiah D.; Soares, Marcelo B.; Bonaldo, Maria F.; Bhattacharya, Debashish (2006): Cyanobacterial contribution to algal nuclear genomes is primarily limited to plastid functions. In: *Current biology : CB* 16 (23), S. 2320–2325. DOI: 10.1016/j.cub.2006.09.063.
- Richardson, Lynn G. L.; Schnell, Danny J. (2020): Origins, function, and regulation of the TOC-TIC general protein import machinery of plastids. In: *Journal of experimental botany* 71 (4), S. 1226–1238. DOI: 10.1093/jxb/erz517.
- Rodríguez-Ezpeleta, Naiara; Embley, T. Martin (2012): The SAR11 group of alpha-proteobacteria is not related to the origin of mitochondria. In: *PloS one* 7 (1), e30520. DOI: 10.1371/journal.pone.0030520.
- Roger, Andrew J.; Muñoz-Gómez, Sergio A.; Kamikawa, Ryoma (2017): The Origin and Diversification of Mitochondria. In: *Current biology : CB* 27 (21), R1177-R1192. DOI: 10.1016/j.cub.2017.09.015.
- Rolland, Norbert; Bouchnak, Imen; Moyet, Lucas; Salvi, Daniel; Kuntz, Marcel (2018): The Main Functions of Plastids. In: *Methods in molecular biology (Clifton, N.J.)* 1829, S. 73–85. DOI: 10.1007/978-1-4939-8654-5_5.
- Römisch, Karin (2017): A Case for Sec61 Channel Involvement in ERAD. In: *Trends in biochemical sciences* 42 (3), S. 171–179. DOI: 10.1016/j.tibs.2016.10.005.
- Rosing, Minik T.; Frei, Robert (2004): U-rich Archean sea-floor sediments from Greenland – indications of >3700 Ma oxygenic photosynthesis. In: *Earth and Planetary Science Letters* 217 (3-4), S. 237–244. DOI: 10.1016/S0012-821X(03)00609-5.
- Rueckert, Sonja; Pipaliya, Shweta V.; Dacks, Joel B. (2019): Evolution: Parallel Paths to Parasitism in the Apicomplexa. In: *Current biology : CB* 29 (17), R836-R839. DOI: 10.1016/j.cub.2019.07.047.

- Ruggiano, Annamaria; Foresti, Ombretta; Carvalho, Pedro (2014): Quality control: ER-associated degradation: protein quality control and beyond. In: *The Journal of cell biology* 204 (6), S. 869–879. DOI: 10.1083/jcb.201312042.
- Sadali, Najiah M.; Sowden, Robert G.; Ling, Qihua; Jarvis, R. Paul (2019): Differentiation of chromoplasts and other plastids in plants. In: *Plant cell reports* 38 (7), S. 803–818. DOI: 10.1007/s00299-019-02420-2.
- Sagan, Lynn (1967): On the origin of mitosing cells. In: *Journal of Theoretical Biology* 14 (3), 225-IN6. DOI: 10.1016/0022-5193(67)90079-3.
- Scala, Simona; Carels, Nicolas; Falciatore, Angela; Chiusano, Maria Luisa; Bowler, Chris (2002): Genome properties of the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. In: *Plant physiology* 129 (3), S. 993–1002. DOI: 10.1104/pp.010713.
- Schaffner, W.; Weissmann, C. (1973): A rapid, sensitive, and specific method for the determination of protein in dilute solution. In: *Analytical Biochemistry* 56 (2), S. 502–514. DOI: 10.1016/0003-2697(73)90217-0.
- Schägger, Hermann; Jagow, G. von (1987): Tricine-sodium Dodecyl Sulfate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis for the Separation of Proteins in the Range from 1 to 100 kDa. In: *Analytical Biochemistry* 166 (2), S. 368–379.
- Schallus, Thomas; Jaekch, Christine; Fehér, Krisztina; Palma, Angelina S.; Liu, Yan; Simpson, Jeremy C. et al. (2008): Malectin: a novel carbohydrate-binding protein of the endoplasmic reticulum and a candidate player in the early steps of protein N-glycosylation. In: *Molecular biology of the cell* 19 (8), S. 3404–3414. DOI: 10.1091/mbc.e08-04-0354.
- Schimper, A. F. W. (1883): Über die Entwicklung der Chlorophyllkörner und Farbkörper. In: *Botanische Zeitung* (41), 105-114; 121-131; 137-141; 153-162.
- Schoebel, Stefan; Mi, Wei; Stein, Alexander; Ovchinnikov, Sergey; Pavlovicz, Ryan; DiMaio, Frank et al. (2017): Cryo-EM structure of the protein-conducting ERAD channel Hrd1 in complex with Hrd3. In: *Nature* 548 (7667), S. 352–355. DOI: 10.1038/nature23314.
- Schreiber, Viktoria; Dersch, Josefine; Puzik, Katharina; Bäcker, Oliver; Liu, Xiaojuan; Stork, Simone et al. (2017): The Central Vacuole of the Diatom *Phaeodactylum tricornutum*: Identification of New Vacuolar Membrane Proteins and of a Functional Di-leucine-based Targeting Motif. In: *Protist* 168 (3), S. 271–282. DOI: 10.1016/j.protis.2017.03.001.
- Sharma, Manisha; Pandey, Girdhar K. (2015): Expansion and Function of Repeat Domain Proteins During Stress and Development in Plants. In: *Frontiers in plant science* 6, S. 1218. DOI: 10.3389/fpls.2015.01218.
- Sharp, P. A.; Sugden, B.; Sambrook, J. (1973): Detection of two restriction endonuclease activities in *Haemophilus parainfluenzae* using analytical agarose–ethidium bromide electrophoresis. In: *Biochemistry* 12 (16), S. 3055–3063. DOI: 10.1021/bi00740a018.
- Sheiner, Lilach; Fellows, Justin D.; Ovcariikova, Jana; Brooks, Carrie F.; Agrawal, Swati; Holmes, Zachary C. et al. (2015): *Toxoplasma gondii* Toc75 Functions in Import of Stromal but not Peripheral Apicoplast Proteins. In: *Traffic (Copenhagen, Denmark)* 16 (12), S. 1254–1269. DOI: 10.1111/tra.12333.

- Shenglan, L.; Nosenko, T.; Hackett, J. D.; Bhattacharya, D. (2006): Phylogenomic analysis identifies red algal genes of endosymbiotic origin in the chromalveolates. In: *Molecular biology and evolution* 23 (3), S. 663–674. DOI: 10.1093/molbev/msj075.
- Shi, Lan-Xin; Theg, Steven M. (2013): The chloroplast protein import system: from algae to trees. In: *Biochimica et biophysica acta* 1833 (2), S. 314–331. DOI: 10.1016/j.bbamcr.2012.10.002.
- Shiber, A.; Breuer, W.; Brandeis, M.; Ravid, T. (2013): Ubiquitin conjugation triggers misfolded protein sequestration into quality control foci when Hsp70 chaperone levels are limiting. In: *Molecular biology of the cell* 24 (13), S. 2073–2155.
- Sicari, Daria; Igbaria, A.; Chevet, Eric (2019): Control of Protein Homeostasis in the Early Secretory Pathway: Current Status and Challenges. In: *Cells* 8 (11). DOI: 10.3390/cells8111347.
- Sikorski, Robert S.; Boguski, Mark S.; Goebel, Mark; Hieter, Philip (1990): A repeating amino acid motif in CDC23 defines a family of proteins and a new relationship among genes required for mitosis and RNA synthesis. In: *Cell* 60 (2), S. 307–317. DOI: 10.1016/0092-8674(90)90745-Z.
- Skowronek, M. H.; Hendershot, L. M.; Haas, I. G. (1998): The variable domain of nonassembled Ig light chains determines both their half-life and binding to the chaperone BiP. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 95 (4), S. 1574–1578.
- Smith, D. G.; Chang, S-C.; Park, S.; Finley, D.; Cheng, Y.; Goldberg, A. L. (2007): Docking of the Proteasomal ATPases' Carboxyl Termini in the 20S Proteasome's α Ring Opens the Gate for Substrate Entry. In: *Molecular cell* 27 (6), S. 865–867.
- Sommer, Maik S.; Daum, Bertram; Gross, Lucia E.; Weis, Benjamin L. M.; Mirus, Oliver; Abram, Lars et al. (2011): Chloroplast Omp85 proteins change orientation during evolution. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108 (33), S. 13841–13846. DOI: 10.1073/pnas.1108626108.
- Sommer, Maik S.; Gould, Sven B.; Lehmann, Petra; Gruber, Ansgar; Przyborski, Jude M.; Maier, Uwe-G (2007): Der1-mediated preprotein import into the periplastid compartment of chromalveolates? In: *Molecular biology and evolution* 24 (4), S. 918–928. DOI: 10.1093/molbev/msm008.
- Soo, Rochelle M.; Hemp, James; Hugenholtz, Philip (2019): Evolution of photosynthesis and aerobic respiration in the cyanobacteria. In: *Free radical biology & medicine* 140, S. 200–205. DOI: 10.1016/j.freeradbiomed.2019.03.029.
- Stanley, Ann Marie; Carvalho, Pedro; Rapoport, Tom (2011): Recognition of an ERAD-L substrate analyzed by site-specific in vivo photocrosslinking. In: *FEBS letters* 585 (9), S. 1281–1286. DOI: 10.1016/j.febslet.2011.04.009.
- Stoebe, Bettina; Maier, Uwe-G (2002): One, two, three: nature's tool box for building plastids. In: *Protoplasma* 219 (3-4), S. 123–130. DOI: 10.1007/s007090200013.
- Stork, Simone (2013a): Investigation of the proteome of the periplastidal membrane and of Sec61-dependent membrane protein import into the complex plastid of the diatom *Phaeodactylum tricorutum*. Dissertation. Phillips-Universität Marburg, Marburg. Biologie.

- Stork, Simone; Lau, Julia; Moog, Daniel; Maier, Uwe-G (2013b): Three old and one new: protein import into red algal-derived plastids surrounded by four membranes. In: *Protoplasma* 250 (5), S. 1013–1023. DOI: 10.1007/s00709-013-0498-7.
- Stork, Simone; Moog, Daniel; Przyborski, Jude M.; Wilhelmi, Ilka; Zauner, Stefan; Maier, Uwe G. (2012): Distribution of the SELMA translocon in secondary plastids of red algal origin and predicted uncoupling of ubiquitin-dependent translocation from degradation. In: *Eukaryotic cell* 11 (12), S. 1472–1481. DOI: 10.1128/EC.00183-12.
- Stornaiuolo, Mariano; Lotti, Lavinia V.; Borgese, Nica; Torrisi, Maria-Rosaria; Mottola, Giovanna; Martire, Gianluca; Bonatti, Stefano (2003): KDEL and KKXX retrieval signals appended to the same reporter protein determine different trafficking between endoplasmic reticulum, intermediate compartment, and Golgi complex. In: *Molecular biology of the cell* 14 (3), S. 889–902. DOI: 10.1091/mbc.e02-08-0468.
- Strassert, Jürgen F. H.; Jamy, Mahwash; Mylnikov, Alexander P.; Tikhonenkov, Denis V.; Burki, Fabien (2019): New Phylogenomic Analysis of the Enigmatic Phylum Telonemia Further Resolves the Eukaryote Tree of Life. In: *Molecular biology and evolution* 36 (4), S. 757–765. DOI: 10.1093/molbev/msz012.
- Sugimoto, Takehiro; Ninagawa, Satoshi; Yamano, Shimpei; Ishikawa, Tokiro; Okada, Tetsuya; Takeda, Shunichi; Mori, Kazutoshi (2017): SEL1L-dependent Substrates Require Derlin2/3 and Herp1/2 for Endoplasmic Reticulum-associated Degradation. In: *Cell structure and function* 42 (2), S. 81–94. DOI: 10.1247/csf.17007.
- Sun, Zhihao; Brodsky, Jeffrey L. (2019): Protein quality control in the secretory pathway. In: *The Journal of cell biology* 218 (10), S. 3171–3187. DOI: 10.1083/jcb.201906047.
- Suzuki, T.; Park, H.; Hollingsworth, N. M.; Sternglanz, R.; Lennarz, W. J. (2000): PNG1, a yeast gene encoding a highly conserved peptide:N-glycanase. In: *The Journal of cell biology* 149 (5), S. 1039–1052. DOI: 10.1083/jcb.149.5.1039.
- Tanaka, K. (2009): The proteasome: Overview of structure and functions. In: *Proceedings of the Japan Academy, Series B* 85 (1), S. 12–36.
- Tanifuji, Goro; Onodera, Naoko T.; Brown, Matthew W.; Curtis, Bruce A.; Roger, Andrew J.; Ka-Shu Wong, Gane et al. (2014): Nucleomorph and plastid genome sequences of the chlorarachniophyte *Lotharella oceanica*: convergent reductive evolution and frequent recombination in nucleomorph-bearing algae. In: *BMC genomics* 15, S. 374. DOI: 10.1186/1471-2164-15-374.
- Tanz, Sandra K.; Castleden, Ian; Small, Ian D.; Millar, A. Harvey (2013): Fluorescent protein tagging as a tool to define the subcellular distribution of proteins in plants. In: *Frontiers in plant science* 4, S. 214. DOI: 10.3389/fpls.2013.00214.
- Tirla, Alina; Rivera-Fuentes, Pablo (2019): Peptide Targeting of an Intracellular Receptor of the Secretory Pathway. In: *Biochemistry* 58 (9), S. 1184–1187. DOI: 10.1021/acs.biochem.9b00029.
- Triglia, Tony; Duraisingh, Manoj T.; Good, Robert T.; Cowman, Alan F. (2005): Reticulocyte-binding protein homologue 1 is required for sialic acid-dependent invasion into human erythrocytes by *Plasmodium falciparum*. In: *Molecular Microbiology* 55 (1), S. 162–174. DOI: 10.1111/j.1365-2958.2004.04388.x.

- Tsaousis, Anastasios D.; Gaston, Daniel; Stechmann, Alexandra; Walker, Peter B.; Lithgow, Trevor; Roger, Andrew J. (2011): A functional Tom70 in the human parasite *Blastocystis* sp.: implications for the evolution of the mitochondrial import apparatus. In: *Molecular biology and evolution* 28 (1), S. 781–791. DOI: 10.1093/molbev/msq252.
- Tsuchiya, H.; Ohtake, F.; Arai, N.; Kaiho, A.; Yasuda, S.; Tanaka, K.; Saeki, Y. (2017): In Vivo Ubiquitin Linkage-type Analysis Reveals that the Cdc48-Rad23/Dsk2 Axis Contributes to K48-linked Chain Specificity of the Proteasome. In: *Molecular cell* 66 (4), S. 488–502.
- van Bibber, Nathan W.; Haerle, Cornelia; Khalife, Roy; Xue, Bin; Uversky, Vladimir N. (2020): Intrinsic Disorder in Tetratricopeptide Repeat Proteins. In: *International journal of molecular sciences* 21 (10). DOI: 10.3390/ijms21103709.
- van der Voorn, Loesje; Ploegh, Hidde L. (1992): The WD-40 repeat. In: *FEBS letters* 307 (2), S. 131–134. DOI: 10.1016/0014-5793(92)80751-2.
- van Dooren, Giel G.; Su, Vanessa; D'Ombrain, Marthe C.; McFadden, Geoffrey I. (2002): Processing of an apicoplast leader sequence in *Plasmodium falciparum* and the identification of a putative leader cleavage enzyme. In: *The Journal of biological chemistry* 277 (26), S. 23612–23619. DOI: 10.1074/jbc.M201748200.
- van Dooren, Giel G.; Tomova, Cveta; Agrawal, Swati; Humbel, Bruno M.; Striepen, Boris (2008): *Toxoplasma gondii* Tic20 is essential for apicoplast protein import. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 105 (36), S. 13574–13579. DOI: 10.1073/pnas.0803862105.
- Vries, Jan de; Gould, Sven B. (2018): The monoplastidic bottleneck in algae and plant evolution. In: *Journal of cell science* 131 (2). DOI: 10.1242/jcs.203414.
- Wang, D. S.; Shaw, R.; Winkelmann, J. C.; Shaw, G. (1994): Binding of PH domains of beta-adrenergic receptor kinase and beta-spectrin to WD40/beta-transducin repeat containing regions of the beta-subunit of trimeric G-proteins. In: *Biochemical and biophysical research communications* 203 (1), S. 29–35. DOI: 10.1006/bbrc.1994.2144.
- Ward, Lewis M.; Rasmussen, Birger; Fischer, Woodward W. (2019): Primary Productivity Was Limited by Electron Donors Prior to the Advent of Oxygenic Photosynthesis. In: *J. Geophys. Res. Biogeosci.* 124 (2), S. 211–226. DOI: 10.1029/2018JG004679.
- Wittig, Ilka; Braun, Hans-Peter; Schägger, Hermann (2006): Blue native PAGE. In: *Nature protocols* 1 (1), S. 418–428. DOI: 10.1038/nprot.2006.62.
- Worden, E. J.; Dong, K. C.; Martin, Andreas (2017): An AAA Motor-Driven Mechanical Switch in Rpn11 Controls Deubiquitination at the 26S Proteasome. In: *Molecular cell* 67 (5), S. 799–811.
- Wu, Xudong; Rapoport, Tom A. (2018): Mechanistic insights into ER-associated protein degradation. In: *Current opinion in cell biology* 53, S. 22–28. DOI: 10.1016/j.ceb.2018.04.004.
- Xu, Chao; Min, Jinrong (2011): Structure and function of WD40 domain proteins. In: *Protein & cell* 2 (3), S. 202–214. DOI: 10.1007/s13238-011-1018-1.

- Yoon, Hwan Su; Hackett, Jeremiah D.; Ciniglia, Claudia; Pinto, Gabriele; Bhattacharya, Debashish (2004): A molecular timeline for the origin of photosynthetic eukaryotes. In: *Molecular biology and evolution* 21 (5), S. 809–818. DOI: 10.1093/molbev/msh075.
- Yu, Yunqing (2020): Remorins: Essential Regulators in Plant-Microbe Interaction and Cell Death Induction. In: *Plant physiology* 183 (2), S. 435–436. DOI: 10.1104/pp.20.00490.
- Zalucki, Yaramah M.; Jennings, Michael P. (2017): Signal peptidase I processed secretory signal sequences: Selection for and against specific amino acids at the second position of mature protein. In: *Biochemical and biophysical research communications* 483 (3), S. 972–977. DOI: 10.1016/j.bbrc.2017.01.044.
- Zaslavskaja, Lioudmila A.; Lippmeier, J. Casey; Kroth, Peter G.; Grossman, Arthur R.; Apt, Kirk E. (2000): Transformation of the diatom *Phaeodactylum tricornutum* (Bacillariophyceae) with a variety of selectable marker and reporter genes. In: *Journal of Phycology* 36 (2), S. 379–386. DOI: 10.1046/j.1529-8817.2000.99164.x.
- Zattas, Dimitrios; Berk, Jason M.; Kreft, Stefan G.; Hochstrasser, Mark (2016): A Conserved C-terminal Element in the Yeast Doa10 and Human MARCH6 Ubiquitin Ligases Required for Selective Substrate Degradation. In: *The Journal of biological chemistry* 291 (23), S. 12105–12118. DOI: 10.1074/jbc.M116.726877.
- Zhang, Caiguo; Zhang, Fan (2015): The Multifunctions of WD40 Proteins in Genome Integrity and Cell Cycle Progression. In: *Journal of genomics* 3, S. 40–50. DOI: 10.7150/jgen.11015.
- Zhang, Yuzhe; Li, Yue; Liang, Xiao; Zhu, Zhongliang; Sun, Hongbin; He, Hao et al. (2017): Crystal structure of the WD40 domain of human PRPF19. In: *Biochemical and biophysical research communications* 493 (3), S. 1250–1253. DOI: 10.1016/j.bbrc.2017.09.145.
- Zheng, Ning; Shabek, Nitzan (2017): Ubiquitin Ligases: Structure, Function, and Regulation. In: *Annual review of biochemistry* 86, S. 129–157. DOI: 10.1146/annurev-biochem-060815-014922.
- Zietkiewicz, Szymon; Lewandowska, Agnieszka; Stocki, Pawel; Liberek, Krzysztof (2006): Hsp70 chaperone machine remodels protein aggregates at the initial step of Hsp70-Hsp100-dependent disaggregation. In: *The Journal of biological chemistry* 281 (11), S. 7022–7029. DOI: 10.1074/jbc.M507893200.
- Ziska, A.; Tatzelt, J.; Dudek, J.; Paton, A. W.; Paton, J. C.; Zimmermann, R.; Haßdenteufel, S. (2019): The signal peptide plus a cluster of positive charges in prion protein dictate chaperone-mediated Sec61 channel gating. In: *Biology Open* 8 (3), S. 1–13.

Danksagung

Mein besonderer Dank gilt Prof. Dr. Uwe G. Maier, der mir die Möglichkeit gegeben hat an diesem interessanten und abwechslungsreichen Thema arbeiten zu können. Weiterhin gilt mein Dank der Bereitstellung des Arbeitsplatzes und der finanziellen Mittel.

Des Weiteren gilt mein Dank Prof. Dr. Voll für die Erstellung des Zweitgutachtens meiner Arbeit. Zudem bedanke ich mich bei den weiteren Mitgliedern der Prüfungskommission Prof. Dr. Mösch und Prof. Dr. Jacob.

Vielen Dank an Dr. Daniel Moog, Dr. Stefan Zauner und Dr. Viktoria Schreiber für das Korrekturlesen meiner Arbeit und den konstruktiven Anmerkungen (auch während der aktiven Laborzeit). Weiterhin möchte ich mich bei Dr. Stefan Zauner und Dr. Franziska Hempel für Ratschläge und Denkanstöße im Laboralltag bedanken. Dr. Thomas Heimerl bedanke ich mich für die erstellten elektronenmikroskopische Aufnahmen dieser Arbeit. Vielen Dank weiterhin an Dr. Franziska Hempel und Dr. Daniel Moog für die Zurverfügungstellung im Zuge dieser Arbeit verwendeter Konstrukte.

Mein weiterer Dank gilt den ehemaligen AG-Maier Mitgliedern Pia Marter, Ann-Kathrin Mixa, Juliane Saßmannshausen, Josefine Dersch, Helena Boland. Ich danke für ihre mentale Unterstützung, die nie im Laboralltag aufkommende Langeweile sowie den Freundschaften, die aus der Zusammenarbeit entstanden sind. Mein großer Dank gilt auch Angela Zimmer, die immer ein offenes Ohr als „Labormama“ für mich hatte und mir oftmals den Laboralltag vereinfachte.

Weiterhin bedanke ich mich bei meiner Familie und Freunden. Ihr habt mich all die Jahre während meines Werdegangs unterstützt. Ma chère âme soeur Benoit: Vous avez toujours cru en moi et vous l'avez construit - merci beaucoup pour cela!

Curriculum vitae

Eidesstattliche Erklärung

Hiermit versichere ich, dass die vorliegende Dissertation

Studien zum SELMA-Mechanismus

ohne Hilfe Dritter und nur mit den angegebenen Quellen und ohne unerlaubte Hilfsmittel angefertigt wurde. Alle verwendeten Passagen wurden kenntlich gemacht.

Diese Arbeit hat in gleicher oder ähnlicher Form noch keiner Prüfungsbehörde vorgelegen.

Friedberg, Juli 2020

Stephanie Morris

**Digitaler Anhang D1__LC-MS Daten eGFP-pulldown mit dem
Fusionsprotein ID46675eGFP**

Identified Proteins (534)	Accession Number	Magnetic beads GFP cytosolic			Magnetic beads 46675 eGFP			Agarose beads 46675 eGFP	
		PD_SM-2-1	PD_SM-2-2	PD_SM-2-3	PD_SM-2-4	PD_SM-2-5	PD_SM-2-6	PD_SM-2-7	PD_SM-2-8
Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT10 PE=1 SV=6	sp P13645 K10C1_CON-HUMAN	74	57	70	55	86	42	68	107
Keratin, type I cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6	sp P04264 K2C1_CON-HUMAN	116	74	88	55	80	52	72	109
Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1	sp P00761 TRYF_CON-PIG	56	91	60	57	57	61	68	61
Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2	sp P35908 K22E_CON-HUMAN	90	56	64	40	78	33	51	99
Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3	sp P35527 K9_CON-HUMAN	38	50	47	41	62	42	37	87
Part Green fluorescent protein OS=Aequorea victoria GN= GFP PE=1 SV=1	sp GFPow GFPow_CON-vector (+1)	70	43	37	73	50	56	31	52
Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20 PE=3 SV=1	tr B7FK2B B7FK2B_PHATC	1	1	1	26	56	57	11	11
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_4675 PE=4 SV=1	tr BSY3F0 BSY3F0_PHATC	0	0	0	62	38	43	2	49
ATP synthase subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1	tr B7FS46 B7FS46_PHATC	9	7	6	47	34	34	7	14
Keratin, type II cytoskeletal 5 OS=Homo sapiens GN=KRT5 PE=1 SV=3	sp P13647 K2C5_CON-HUMAN	41	23	31	22	37	13	29	47
ATP synthase subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atp1 PE=3 SV=1	tr B7G532 B7G532_PHATC	6	6	6	33	30	30	10	13
Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Homo sapiens GN=KRT14 PE=1 SV=4	sp P02533 K14C1_CON-HUMAN	30	13	27	15	31	15	19	37
Photosystem I ferredoxin-binding protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=pspAD PE=4 SV=1	tr A0T0B9 A0T0B9_PHATC	5	5	2	10	31	25	7	12
Keratin, type I cytoskeletal 16 OS=Homo sapiens GN=KRT16 PE=1 SV=4	sp P08779 K16C1_CON-HUMAN	23	7	17	10	23	19	12	31
Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=DSP PE=1 SV=3	sp P15924 DESP_CON-HUMAN	16	1	14	2	8	1	7	16
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42494 PE=4 SV=1	tr B7FRHS B7FRHS_PHATC	1	1	1	32	21	26	1	2
Glyceroldehyde 3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GapC2a PE=3 SV=1	tr B7G6K6 B7G6K6_PHATC	1	0	0	18	17	13	5	26
Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhcf4 PE=4 SV=1	tr B7FKW2 B7FKW2_PHATC	0	1	1	8	11	9	12	34
HSP20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20 PE=3 SV=1	tr BSY3Y4 BSY3Y4_PHATC	0	1	0	32	24	20	3	2
Serum albumin OS=Bos taurus GN=ALB PE=1 SV=4	sp P02769 ALBU_CON-BOVIN	9	8	5	10	7	9	10	10
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46529 PE=4 SV=1	tr B7GJ11 B7GJ11_PHATC	10	11	7	13	6	7	2	7
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46710 PE=4 SV=1	tr BSY3M4 BSY3M4_PHATC	1	1	0	27	23	23	1	5
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70 PE=3 SV=1	tr B7KQ21 B7KQ21_PHATC	1	1	1	20	15	14	1	19
Keratin, type I cytoskeletal 6A OS=Homo sapiens GN=KRT6A PE=1 SV=3	sp P02538 K6A_CON-HUMAN (+1)	35	19	31	18	28	19	20	35
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49618 PE=4 SV=1	tr B7G8B5 B7G8B5_PHATC	0	1	1	22	15	9	0	4
Protein heat shock protein Hsp70 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70A PE=3 SV=1	tr B7FQ84 B7FQ84_PHATC	1	1	1	13	12	7	5	22
Oxygen-evolving enhancer protein 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=pspB PE=4 SV=1	tr B7F296 B7F296_PHATC	2	0	0	20	14	15	2	5
Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42408 PE=3 SV=1	tr B7G6A9 B7G6A9_PHATC	1	1	1	19	14	13	2	5
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49287 PE=4 SV=1	tr B7GA38 B7GA38_PHATC	0	0	0	5	13	8	3	23
Elongation factor 1-alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=EF-1 PE=3 SV=1	tr BSY4J2 BSY4J2_PHATC (+1)	2	1	0	12	9	6	7	16
Mucin-associated surface protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MASP1 PE=4 SV=1	tr B7G1A2 B7G1A2_PHATC	1	1	3	9	9	10	6	6
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44603 PE=3 SV=1	tr B7FUM8 B7FUM8_PHATC	0	1	0	23	10	9	0	3
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45591 PE=4 SV=1	tr B7F713 B7F713_PHATC	0	0	0	23	11	11	0	2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19661 PE=4 SV=1	tr B7FVPS B7FVPS_PHATC	1	2	1	14	12	10	0	2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56583 PE=4 SV=1	tr B7FXS8 B7FXS8_PHATC (+1)	1	0	0	15	9	11	2	4
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45653 PE=4 SV=1	tr B7FYE8 B7FYE8_PHATC	0	1	1	14	10	11	2	2
ATP synthase subunit alpha, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpA PE=3 SV=1	sp A0T0F1 ATPA_PHATC	0	1	0	13	14	10	2	5
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46347 PE=4 SV=1	tr B7G6V9 B7G6V9_PHATC	13	16	11	1	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35262 PE=4 SV=1	tr B7FY09 B7FY09_PHATC	0	0	0	12	11	10	0	5
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45918 PE=3 SV=1	tr B7FZ57 B7FZ57_PHATC	0	0	0	16	12	11	0	3
Oxygen-evolving enhancer protein 3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OE3 PE=4 SV=1	tr B7F294 B7F294_PHATC	2	2	1	8	8	2	6	6
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49964 PE=4 SV=1	tr B7GCG4 B7GCG4_PHATC	5	6	5	7	8	6	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40080 PE=4 SV=1	tr B7GAE8 B7GAE8_PHATC	0	0	1	10	6	6	1	1
ER luminal binding protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=BiP PE=3 SV=1	tr B7FUR7 B7FUR7_PHATC	0	0	0	10	5	9	0	5
Photosystem I iron-sulfur center OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=pspAC PE=3 SV=1	sp A0T0L2 PSAC_PHATC	2	1	2	7	7	6	0	3
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18398 PE=3 SV=1	tr B7FTE2 B7FTE2_PHATC	0	1	2	10	8	7	1	4
Actin/actin like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=act2 PE=3 SV=1	tr B7G5C0 B7G5C0_PHATC (+1)	1	1	1	4	6	7	2	13
Nuclear-encoded-like protein of chloroplast pro OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPN60_2 PE=3 SV=1	tr B7F9S0 B7F9S0_PHATC	4	3	4	5	5	3	0	4
Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhcf10 PE=4 SV=1	tr B7G5M6 B7G5M6_PHATC	0	0	0	6	9	9	2	22
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49557 PE=4 SV=1	tr B7GCF7 B7GCF7_PHATC	0	0	0	8	6	10	0	2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48767 PE=4 SV=1	tr B7G8A8 B7G8A8_PHATC	0	0	0	12	6	5	0	0
Clathrin light chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CLC PE=3 SV=1	tr B7G1T5 B7G1T5_PHATC	0	0	0	9	9	9	0	0
Histone H2B OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H2B-1b PE=3 SV=1	tr B7FWR8 B7FWR8_PHATC	0	0	0	5	6	3	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45465 PE=4 SV=1	tr B7FXS8 B7FXS8_PHATC	0	0	0	14	9	9	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39237 PE=4 SV=1	tr B7G7G1 B7G7G1_PHATC	0	0	0	10	8	7	0	2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46917 PE=4 SV=1	tr BSY470 BSY470_PHATC	0	0	0	10	6	1	2	2
Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase small subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rbcL PE=4 SV=1	tr A0T0E2 A0T0E2_PHATC	2	2	1	7	2	3	1	1
ATP synthase subunit beta, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1	sp A0T0D1 ATPB_PHATC	0	0	1	9	7	7	2	4
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48908 PE=4 SV=1	tr B7G8T7 B7G8T7_PHATC	0	0	0	10	7	5	0	0
Elongation factor Tu, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=tuFA PE=3 SV=1	sp A0T0K6 EFTU_PHATC	3	1	1	3	4	4	2	4
Photosystem I reaction center subunit IV OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaE PE=3 SV=1	sp A0T0F3 PSAE_PHATC	0	0	0	9	4	5	2	4
Eukaryotic translation initiation factor 5A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17954 PE=3 SV=1	tr B7FR46 B7FR46_PHATC	0	0	0	7	4	2	0	4
Glutamate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20 PE=3 SV=1	tr B7G3K0 B7G3K0_PHATC	0	0	0	2	2	5	14	14
Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51125 PE=3 SV=1	tr B7G6H0 B7G6H0_PHATC	0	0	0	4	4	2	0	14
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49264 PE=4 SV=1	tr B7GA13 B7GA13_PHATC	1	1	1	1	2	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_1 PE=3 SV=1	tr B7FYP8 B7FYP8_PHATC	0	0	0	10	4	5	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49078 PE=4 SV=1	tr B7G8F8 B7G8F8_PHATC	0	0	0	2	2	0	10	4
Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45443 PE=3 SV=1	tr B7F9E1 B7F9E1_PHATC	0	0	0	17	8	9	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46187 PE=4 SV=1	tr B7GDC7 B7GDC7_PHATC	0	0	0	9	6	5	0	1
Fucosanthin chlorophyll a/c protein, lhc type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhcf14 PE=4 SV=1	tr BSY5L4 BSY5L4_PHATC	0	0	0	1	3	4	4	8
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1626 PE=4 SV=1	tr B7S3W9 B7S3W9_PHATC	0	0	0	10	3	2	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9046 PE=4 SV=1	tr B7FPI8 B7FPI8_PHATC	0	0	0	6	5	3	2	5
Histone linker H1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H1 PE=3 SV=1	tr B7FX66 B7FX66_PHATC	0	0	0	4	6	5	1	4
Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhcf8 PE=4 SV=1	tr B7GGY1 B7GGY1_PHATC	0	0	0	5	7	4	10	19
Photosystem II CP47 reaction center protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbB PE=3 SV=1	tr A0T0B2 A0T0B2_PHATC	0	0	0	0	0	0	3	16
Keratin, type II cytoskeletal 1b OS=Homo sapiens GN=KRT7 PE=1 SV=3	sp Q17294 K2C1B_CON-HUMAN (+1)	18	0	8	3	9	0	0	10
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47905 PE=4 SV=1	tr B7G5B5 B7G5B5_PHATC	0	0	0	7	6	0	2	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_5096 PE=3 SV=1	tr BSY3P1 BSY3P1_PHATC	0	0	0	6	4	8	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49053 PE=4 SV=1	tr B7G9C2 B7G9C2_PHATC	0	0	0	10	5	0	0	0
Ubiquitin extension protein 3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UB1 PE=4 SV=1	tr B7FY02 B7FY02_PHATC	2	0	0	4	1	3	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_4384 PE=4 SV=1	tr BSY411 BSY411_PHATC	1	0	0	4	4	1	0	3
Cytochrome c550 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbV PE=3 SV=1	sp A0T0C1 C550_PHATC	0	0	0	4	3	6	0	3
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35304 PE=4 SV=1	tr B7FY50 B7FY50_PHATC	0							

Photosystem I protein F OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaF PE=4 SV=1	tr A0T0M1 A0T0M1_PHATC	0	0	0	0	2	1	2	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_30445 PE=4 SV=1	tr B7EG60 B7EG60_PHATC	0	0	0	2	2	3	0	0	
Glyceroldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GapC1 PE=3 SV=1	tr B7G5G1 B7G5G1_PHATC	0	0	0	0	0	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_2 PE=3 SV=1	tr B7G3Y2 B7G3Y2_PHATC	0	0	0	3	3	3	0	7	Symbionten-Spezifisches Hsp70
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44484 PE=4 SV=1	tr B7FUAD B7FUAD_PHATC	0	0	0	3	2	3	0	0	
Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31718 PE=3 SV=1	tr B7FP55 B7FP55_PHATC	0	0	0	4	2	2	0	0	
Plastidic enolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_56468 PE=3 SV=1	tr B7GEF2 B7GEF2_PHATC	0	0	0	0	2	1	0	6	
Keratin, type II cytoskeletal 78 OS=Homo sapiens GN=KRT8 PE=1 SV=2	sp B8INM4 KCTC2_CON-HUMAN	0	0	1	1	1	1	1	2	5
Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcf15 PE=4 SV=1	tr B7G801 B7G801_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	8	
Chaperone protein dnaK OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=dnaK PE=3 SV=1	sp A0T0H7 DNAK_PHATC	1	1	1	1	2	1	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_33928 PE=4 SV=1	tr B7FU92 B7FU92_PHATC	1	2	0	2	1	1	0	1	
Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcf2 PE=4 SV=1	tr B7FR60 B7FR60_PHATC	0	0	0	1	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46094 PE=4 SV=1	tr B7F850 B7F850_PHATC	0	0	0	2	3	1	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_22873 PE=3 SV=1	tr B7G8Y4 B7G8Y4_PHATC	0	0	0	1	1	2	0	0	
60S ribosomal protein L13 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15619 PE=3 SV=1	tr B7G9G2 B7G9G2_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	3	
Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29157 PE=3 SV=1	tr B7G5G4 B7G5G4_PHATC	0	0	0	1	3	1	0	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_32311 PE=4 SV=1	tr B7FQ16 B7FQ16_PHATC	0	1	0	1	0	1	0	0	
Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcf13 PE=4 SV=1	tr B7G871 B7G871_PHATC	0	0	0	1	2	0	1	4	
Heat shock protein Hsp90 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP90 PE=3 SV=1	tr B7S4E1 B7S4E1_PHATC	0	0	0	0	3	2	0	0	Chaperon
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51232 PE=4 SV=1	tr B7G8K9 B7G8K9_PHATC	0	0	0	3	1	2	0	0	keine signifikanten Hits in Analyse 1
Protein fucosanthin chi a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcf11 PE=4 SV=1	tr B7GAS4 B7GAS4_PHATC	0	0	0	0	1	0	1	5	
Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SDH1 PE=3 SV=1	tr B5YSN6 B5YSN6_PHATC	0	0	0	1	2	3	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34051 PE=4 SV=1	tr B7G8K0 B7G8K0_PHATC	0	0	0	5	1	2	0	0	
Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcf1 PE=4 SV=1	tr B7K101 B7K101_PHATC	0	0	0	1	1	1	0	5	
Annexin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44109 PE=4 SV=1	tr B5YS04 B5YS04_PHATC	0	0	0	1	1	0	0	4	
60S ribosomal protein L18a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_36226 PE=3 SV=1	tr B7G0R5 B7G0R5_PHATC	0	0	0	0	1	0	0	5	
60 kDa chaperonin, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=grpL PE=3 SV=1	sp A0T0H6 CH60_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	7	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42728 PE=4 SV=1	tr B7FP90 B7FP90_PHATC	1	1	0	1	1	1	1	1	
Keratin, type II cytoskeletal 68 OS=Homo sapiens GN=KRT6 PE=1 SV=4	sp P04259 KCTC8_CON-HUMAN	36	20	30	17	0	19	22	35	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43495 PE=4 SV=1	tr B7F5F1 B7F5F1_PHATC	0	0	0	1	1	2	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40626 PE=4 SV=1	tr B7GBL5 B7GBL5_PHATC	0	0	0	1	2	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MDH PE=3 SV=1	tr B7GEG9 B7GEG9_PHATC	1	0	0	2	1	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47178 PE=4 SV=1	tr B7GZ81 B7GZ81_PHATC	0	0	0	1	1	1	0	4	BN PAGE Protein, lokalisiert, nicht gezeigt in dieser Arbeit
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50435 PE=4 SV=1	tr B7G643 B7G643_PHATC	0	0	0	2	2	3	0	0	nur in Analyse 2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44924 PE=4 SV=1	tr B7FW47 B7FW47_PHATC	0	0	0	2	2	3	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49140 PE=4 SV=1	tr B7G9M0 B7G9M0_PHATC	0	0	0	1	2	3	0	0	
Autophagy-related protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50303 PE=3 SV=1	tr B7GDM5 B7GDM5_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	0	
30S ribosomal protein S13, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psl13 PE=3 SV=1	sp A0T0H8 RR13_PHATC	0	0	0	4	1	2	0	0	
Aminomethyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACT PE=3 SV=1	tr B7S4E1 B7S4E1_PHATC	0	0	0	1	1	0	0	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46825 PE=4 SV=1	tr B5Y3W6 B5Y3W6_PHATC	0	0	0	2	0	2	0	0	nur in Analyse 2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44902 PE=4 SV=1	tr B7FW24 B7FW24_PHATC	0	0	0	0	1	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18585 PE=4 SV=1	tr B5YS01 B5YS01_PHATC	0	0	0	2	0	0	0	3	
Succinate-CoA ligase (ADP-forming) subunit beta, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_26921 PE=3 SV=1	tr B7FAA2 B7FAA2_PHATC	0	0	0	0	1	0	0	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42765 PE=3 SV=1	tr B7FP63 B7FP63_PHATC	0	0	0	5	1	2	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45886 PE=4 SV=1	tr B7E217 B7E217_PHATC (+1)	0	0	0	1	1	1	1	2	
Unknown decay protein for peptide #2260	Unknown #2260-DECOY (+9)	0	0	1	0	1	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_20308 PE=3 SV=1	tr B7FZ68 B7FZ68_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	2	
Photosystem II D2 protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psdD PE=3 SV=1	sp A0T097 PSD0_PHATC	1	0	0	0	1	0	1	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_14962 PE=4 SV=1	tr B7E686 B7E686_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47103 PE=4 SV=1	tr B7GZG3 B7GZG3_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	2	
Calmoduline OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CaM1 PE=4 SV=1	tr B7G008 B7G008_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15472 PE=4 SV=1	tr B7G8I6 B7G8I6_PHATC	0	0	0	2	2	2	0	0	
V-type proton ATPase subunit X OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44050 PE=3 SV=1	tr B5Y573 B5Y573_PHATC	0	0	0	2	2	2	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34170 PE=3 SV=1	tr B7S4E1 B7S4E1_PHATC	0	0	0	2	2	2	0	0	
Mitochondria-targeted chaperonin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPN60_1 PE=3 SV=1	tr B7FQ72 B7FQ72_PHATC	0	0	0	2	0	1	0	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45648 PE=4 SV=1	tr B7G8B8 B7G8B8_PHATC	0	0	0	2	1	3	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_28979 PE=3 SV=1	tr B7G4K6 B7G4K6_PHATC	0	0	0	1	1	0	0	3	
Succinate dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur subunit, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SDH2 PE=3 SV=1	tr B7G4A0 B7G4A0_PHATC	0	0	0	3	1	1	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11901 PE=4 SV=1	tr B7FP63 B7FP63_PHATC	0	0	0	4	1	1	0	0	
Iron-sulfur cluster assembly protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcf1 PE=3 SV=1	tr B7GZ23 B7GZ23_PHATC	0	0	0	3	2	1	0	0	
Inhibitor-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_54958 PE=4 SV=1	tr B7G8K0 B7G8K0_PHATC (+1)	0	0	0	0	1	1	0	0	
GLNA, glutamine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GLNA PE=3 SV=1	tr B7G6Q6 B7G6Q6_PHATC	0	0	0	0	3	0	0	2	
Photosystem I reaction center subunit XI OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psal PE=3 SV=1	sp A0T0M6 PSAL_PHATC	0	0	0	0	0	0	2	4	
Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcf17 PE=4 SV=1	tr B7FW16 B7FW16_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	14	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35844 PE=4 SV=1	tr B7FUJ3 B7FUJ3_PHATC	0	0	0	5	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44821 PE=4 SV=1	tr B7FV90 B7FV90_PHATC	0	0	0	0	0	0	3	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49956 PE=4 SV=1	tr B7GCF6 B7GCF6_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	nur in Analyse 2
60S ribosomal protein L6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34146 PE=3 SV=1	tr B7FVU3 B7FVU3_PHATC	0	0	0	0	1	0	0	5	
Keratin, type II cytoskeletal 8 OS=Homo sapiens GN=KRT8 PE=1 SV=7	sp P05787 KCTC8_CON-HUMAN	13	0	10	0	10	0	6	0	
2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OGD1 PE=4 SV=1	tr B7G4T0 B7G4T0_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47823 PE=4 SV=1	tr B7G5I6 B7G5I6_PHATC	0	0	0	1	1	2	0	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_6062 PE=4 SV=1	tr B7G6S9 B7G6S9_PHATC	0	0	0	1	1	0	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44724 PE=4 SV=1	tr B7FVE5 B7FVE5_PHATC	0	0	0	2	1	0	0	1	nur signifikante Hits bei Analyse 2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_2098 PE=3 SV=1	tr B5Y3C2 B5Y3C2_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48918 PE=4 SV=1	tr B7G8Y4 B7G8Y4_PHATC	0	0	0	1	1	0	0	0	
Cytochrome b6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=peb PE=3 SV=1	sp A0T0B8 CYB6_PHATC	0	0	0	0	1	0	1	2	
S-adenosylmethionine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_b0913 PE=3 SV=1	tr B7S466 B7S466_PHATC	0	0	0	1	1	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31257 PE=3 SV=1	tr B7GEA7 B7GEA7_PHATC	0	0	1	0	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44725 PE=4 SV=1	tr B7FV90 B7FV90_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	2	nur signifikante Hits bei Analyse 2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_1909 PE=3 SV=1	sp A0T0B8 RR5_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_19152 PE=4 SV=1	tr B7FUP5 B7FUP5_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	2	
Thiazole synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=thig PE=3 SV=1	sp A0T0L1 THIG_PHATC	0	0	0	2	1	1	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31991 PE=4 SV=1	tr B7FPX0 B7FPX0_PHATC	0	0	0	2	2	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34815 PE=4 SV=1	tr B7FW51 B7FW51_PHATC	0	0	0	3	0	1	0	0	auch in Analyse 1 signifikant
Keratin 13 OS=Homo sapiens GN=KRT13 PE=2 SV=1	tr A144E0 A144E0_CON-HUMAN (+1)	8	0	0	0	11	1	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43181 PE=4 SV=1	tr B7FQX2 B7FQX2_PHATC	0	0	0	0	2	2	0	0	
NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 12 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34392 PE=3 SV=1	tr B7FVX2 B7FVX2_PHATC	0	0</							

Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47885 PE=4 SV=1	tr B7G589 B7G589_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8802 PE=3 SV=1	tr B7FCQ3 B7FCQ3_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55126 PE=3 SV=1	tr B7GCG9 B7GCG9_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK6 PE=3 SV=1	tr B7GB89 B7GB89_PHATC	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Keratin, type II cytoskeletal 6A OS=Mus musculus GN=Krt6a PE=2 SV=3	sp P50446 K2C6A_CON-MOUSE	0	0	0	0	16	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43302 PE=4 SV=1	tr B7FR11 B7FR11_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48250 PE=4 SV=1	tr B7G6H7 B7G6H7_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	signifikant in Analyse 1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15371 PE=4 SV=1	tr B7G849 B7G849_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	signifikant in Analyse 1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14260 PE=3 SV=1	tr B7G4H7 B7G4H7_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51100 PE=4 SV=1	tr B7G5I8 B7G5I8_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5668 PE=4 SV=1	tr B7G5J3 B7G5J3_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Peptidylprolyl isomerase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11373 PE=4 SV=1	tr B7FV69 B7FV69_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ubiquitin-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UBI1 PE=4 SV=1	tr B7FWS5 B7FWS5_PHATC	0	0	0	3	4	0	0	0	Symbionten-Spezifisches Ubiquitin
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47384 PE=4 SV=1	tr B7G370 B7G370_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50157 PE=4 SV=1	tr B7GDS2 B7GDS2_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Peptidylprolyl isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1166 PE=4 SV=1	tr B7S3M4 B7S3M4_PHATC (+1)	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56588 PE=4 SV=1	tr B7G187 B7G187_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
GTP-binding nuclear protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hant1 PE=3 SV=1	tr B7G8G4 B7G8G4_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Cytochrome c6, cytochrome c553 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hc1 PE=3 SV=1	tr BSY578 BSY578_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GAPDH_3 PE=3 SV=1	tr B7GCM4 B7GCM4_PHATC	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43124 PE=4 SV=1	tr B7FQ03 B7FQ03_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Cytosolic aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Fba4 PE=4 SV=1	tr B7FRCL B7FRCL_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44596 PE=4 SV=1	tr B7FUM1 B7FUM1_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34995 PE=3 SV=1	tr B7F9B8 B7F9B8_PHATC	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dihydrolysoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHAT_4 PE=3 SV=1	tr B7FTL5 B7FTL5_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Synthase of glutamate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GHD PE=4 SV=1	tr B7FZB0 B7FZB0_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43443 PE=4 SV=1	tr B7FS92 B7FS92_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49301 PE=4 SV=1	tr B7GAS4 B7GAS4_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=5y6f PE=3 SV=1	tr B7G495 B7G495_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47283 PE=4 SV=1	tr B7G3V0 B7G3V0_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	signifikant in Analyse 1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29658 PE=4 SV=1	tr B7G7M5 B7G7M5_PHATC (+1)	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31919 PE=3 SV=1	tr B7FPQ0 B7FPQ0_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18458 PE=3 SV=1	tr BSY4H4 BSY4H4_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_4059 PE=4 SV=1	tr B7G111 B7G111_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42981 PE=4 SV=1	tr B7FQ81 B7FQ81_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44223 PE=4 SV=1	tr BSY5R9 BSY5R9_PHATC	0	0	0	0	1	0	0	0	0
SOS ribosomal protein L3, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp13 PE=3 SV=1	sp A0TH88 RX3_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48726 PE=4 SV=1	tr B7G8S8 B7G8S8_PHATC	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40433 PE=4 SV=1	tr B7G8F0 B7G8F0_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44547 PE=4 SV=1	tr B7FUG7 B7FUG7_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	Protein aus BN PAGE, lokalisiert, nicht gezeitigt in dieser Arbeit
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1471 PE=4 SV=1	tr B7S4E3 B7S4E3_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33198 PE=4 SV=1	tr BSY4M0 BSY4M0_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17215 PE=4 SV=1	tr B7FRH3 B7FRH3_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23532 PE=4 SV=1	tr B7GCM3 B7GCM3_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Violaxanthin deoxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=VDE PE=4 SV=1	tr B7FUR6 B7FUR6_PHATC	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16787 PE=4 SV=1	tr B7GDR8 B7GDR8_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	signifikant nur in Analyse 2
Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39526 PE=3 SV=1	tr B7GBW6 B7GBW6_PHATC	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20885 PE=4 SV=1	tr B7G1M7 B7G1M7_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Mg-protoporphyrin IX chelatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=chi1 PE=3 SV=1	tr A0T085 A0T085_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Unknown decay protein for peptide #4242	Unknown #4242-DECOY	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33480 PE=4 SV=1	tr BSY5E5 BSY5E5_PHATC	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50500 PE=3 SV=1	tr B7GEA6 B7GEA6_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Serine/threonine-protein phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50645 PE=3 SV=1	tr B7FRF1 B7FRF1_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42245 PE=4 SV=1	tr B7GCB3 B7GCB3_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44578 PE=4 SV=1	tr B7FKU0 B7FKU0_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Proteasome endopeptidase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_53939 PE=3 SV=1	tr B7FRJ8 B7FRJ8_PHATC	0	0	0	0	0	1	0	0	alpha6 20S proteasomal subunit, host protein
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34270 PE=4 SV=1	tr B7FKV0 B7FKV0_PHATC	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Unknown decay protein for peptide #4762	Unknown #4762-DECOY	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp14 PE=3 SV=1	tr B7GDH1 B7GDH1_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34488 PE=4 SV=1	tr B7FW65 B7FW65_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13682 PE=3 SV=1	tr B7G2B6 B7G2B6_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47649 PE=4 SV=1	tr B7G4E5 B7G4E5_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36662 PE=4 SV=1	tr BSY3B4 BSY3B4_PHATC	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Ribosomal protein L15 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25714 PE=3 SV=1	tr BSY502 BSY502_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46851 PE=4 SV=1	tr BSY3Z5 BSY3Z5_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_33660 PE=4 SV=1	tr B7FTI0 B7FTI0_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48859 PE=4 SV=1	tr B7GBM1 B7GBM1_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22919 PE=4 SV=1	tr B7G964 B7G964_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16334 PE=4 SV=1	tr B7GCM2 B7GCM2_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Peptidylprolyl isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13609 PE=4 SV=1	tr B7FTW9 B7FTW9_PHATC	0	0	0	0	0	0	0	0	1
30S ribosomal protein S18, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ps18 PE=3 SV=1	sp A0T0D4 RR18_PHATC	0	0	0	1	0	0	0	0	0

Identified Proteins (1716)	Accession Number UniProt	Molecular Weight	1			2			3			4			5			6		
			PD_SM-1-1re	PD_SM-1-2re	PD_SM-1-3re	PD_SM-1-1re	PD_SM-1-2re	PD_SM-1-3re	PD_SM-1-1re	PD_SM-1-2re	PD_SM-1-3re	PD_SM-1-1re	PD_SM-1-2re	PD_SM-1-3re	PD_SM-1-1re	PD_SM-1-2re	PD_SM-1-3re	PD_SM-1-1re	PD_SM-1-2re	PD_SM-1-3re
Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3	sp P15527 K1C9_CON-HUMAN	66 kDa	254	308	310	302	308	310	302	308	310	302	308	310	302	308	310	302	308	310
Keratin, type I cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6	sp P02641 K1C1_CON-HUMAN	66 kDa	367	309	310	554	332	334												
Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6	sp P13645 K1C10_CON-HUMAN	59 kDa	330	283	294	391	280	253												
Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2	sp P35908 K2E_CON-HUMAN	65 kDa	255	229	223	385	238	220												
Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1	sp P00761 TRYP_CON-PIG	24 kDa	125	128	130	101	124	120												
Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Homo sapiens GN=KRT14 PE=1 SV=4	sp P02533 K1C14_CON-HUMAN	52 kDa	115	99	94	170	103	104												
Part Green fluorescent protein OS=Aequorea victoria GN= GFP PE=1 SV=1	sp GFPOV1 GFPOV_CON-VECTOR	28 kDa	133	120	174	48	94	53	zytosolische GFP-Kontrolle, GFP-Tag bait Protein											
Keratin, type II cytoskeletal 5 OS=Homo sapiens GN=KRT5 PE=1 SV=3	sp P13647 K2C5_CON-HUMAN	62 kDa	120	108	128	182	117	117												
Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=DSP PE=1 SV=3	sp P15924 DPSP_CON-HUMAN	332 kDa	98	36	40	99	43	52												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56583 PE=4 SV=1	tr B7FX59 B7FX59_PHATC (+1)	38 kDa	34	38	50	44	51	55												
Oxygen-evolving enhancer protein 3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OE3 PE=4 SV=1	tr B7Z94 B7Z94_PHATC	22 kDa	19	27	37	41	45	48												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47905 PE=4 SV=1	tr B7G585 B7G585_PHATC	31 kDa	37	41	43	37	36	65	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 7/6/3											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49618 PE=4 SV=1	tr B7G685 B7G685_PHATC	108 kDa	48	49	48	41	49	51												
Protein heat shock protein Hsp70 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70A PE=3 SV=1	tr B7GQ84 B7GQ84_PHATC	71 kDa	28	62	40	26	29	39	Wirts-spezifisches Hsp70											
ATP synthase subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1	tr B7FS46 B7FS46_PHATC	54 kDa	41	46	53	33	32	36												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49287 PE=4 SV=1	tr B7G3A8 B7G3A8_PHATC	127 kDa	22	69	30	31	30	47	Analyse 2: keine hits in Control, 5/13/8											
Keratin, type II cytoskeletal 6A OS=Homo sapiens GN=KRT6A PE=1 SV=3	sp P02538 K2C6A_CON-HUMAN (+1)	60 kDa	95	83	109	139	79	81												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_20948 PE=3 SV=1	tr BSY3C2 BSY3C2_PHATC	12 kDa	20	18	21	23	20	34	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 2											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24886 PE=4 SV=1	tr B7FD06 B7FD06_PHATC	23 kDa	15	20	21	46	49	54												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46529 PE=4 SV=1	tr B7G111 B7G111_PHATC	19 kDa	30	26	34	23	30	35												
Keratin, type II cytoskeletal 1b OS=Homo sapiens GN=KRT7 PE=1 SV=3	sp Q27794 K2C1B_CON-HUMAN (+1)	62 kDa	59	39	53	67	47	43												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45465 PE=4 SV=1	tr B7FX58 B7FX58_PHATC	38 kDa	39	35	47	47	54	55	Protein aus Ubiquitinligasen, keine hits in control Analyse 2, 14/9/9											
Keratin, type I cytoskeletal 16 OS=Homo sapiens GN=KRT16 PE=1 SV=4	sp P08779 K1C16_CON-HUMAN	51 kDa	91	74	61	128	63	74												
Nucleo-encodet-like protein of chloroplast gro OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPND0_2 PE=3 SV=1	tr B7F850 B7F850_PHATC	60 kDa	22	43	24	29	25	25												
Histone H2B OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H2B-1b PE=3 SV=1	tr B7F988 B7F988_PHATC	13 kDa	20	21	28	29	26	37												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42494 PE=4 SV=1	tr B7FH51 B7FH51_PHATC	88 kDa	32	26	31	27	27	32	Analyse 2: keine hits in Control, 32/21/26 in 46675											
ATP synthase subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atp1 PE=3 SV=1	tr B7G532 B7G532_PHATC	55 kDa	21	40	29	17	13	25												
Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20A PE=3 SV=1	tr B7FXQ8 B7FXQ8_PHATC	18 kDa	12	15	14	40	41	63	Chaperone											
Proteasome 11 ferredoxin-binding protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psp4 PE=4 SV=1	tr A0T089 A0T089_PHATC	16 kDa	23	23	30	23	19	27												
Glyceroldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GAPC2A PE=3 SV=1	tr B7G664 B7G664_PHATC	37 kDa	17	23	20	15	21	24												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47973 PE=4 SV=1	tr B7G516 B7G516_PHATC	23 kDa	17	19	21	21	17	26	Analyse 2: keine hits in GFP, 8/1/1											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_1 PE=3 SV=1	tr B7FPY8 B7FPY8_PHATC	73 kDa	23	38	28	18	20	21	ID17633											
Elongation factor 1-alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=EF-1 PE=3 SV=1	tr BSY412 BSY412_PHATC (+1)	48 kDa	12	21	21	31	22	41												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46675 PE=4 SV=1	tr BSY390 BSY390_PHATC	36 kDa	0	0	0	36	56	32	bait Protein											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_39529 PE=4 SV=1	tr B7G689 B7G689_PHATC	24 kDa	22	19	18	18	17	17	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 3/2/2											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54686 PE=4 SV=1	tr B7G2A6 B7G2A6_PHATC	137 kDa	8	31	4	3	3	2	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 3/2/2											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_32113 PE=4 SV=1	tr B7GQ90 B7GQ90_PHATC	29 kDa	20	19	22	17	16	19	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 3/4/3											
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc8B PE=4 SV=1	tr B7G6V1 B7G6V1_PHATC	22 kDa	15	38	11	13	11	15												
Keratin, type I cytoskeletal 17 OS=Homo sapiens GN=KRT17 PE=1 SV=2	sp Q04895 K1C17_CON-HUMAN	48 kDa	48	38	58	78	37	38												
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc4 PE=4 SV=1	tr B7F9W2 B7F9W2_PHATC	21 kDa	22	21	21	22	25	28												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45653 PE=4 SV=1	tr B7F9E8 B7F9E8_PHATC	62 kDa	13	16	20	10	18	21	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 14/9/9											
Acetyl-coa carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACC1 PE=4 SV=1	tr B7G754 B7G754_PHATC	230 kDa	19	72	16	0	0	0												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44603 PE=3 SV=1	tr B7FUM8 B7FUM8_PHATC	24 kDa	14	16	21	15	14	17	Analyse 2: keine hits in GFP, 23/10/9											
Lipoprotein, type 6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54971 PE=4 SV=1	tr B7G935 B7G935_PHATC	59 kDa	5	14	16	18	28	29												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47413 PE=4 SV=1	tr B7G3A6 B7G3A6_PHATC	44 kDa	15	14	14	17	16	25	keine Hits in GFP in control, 4/3/3											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47413 PE=4 SV=1	tr B7G3A6 B7G3A6_PHATC	44 kDa	15	14	14	17	16	25	Analyse 2: keine hits in Control, 27*23/23 in 46675											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46710 PE=4 SV=1	tr BSY314 BSY314_PHATC	69 kDa	17	21	20	16	21	27	Protein aus LC-MS mit scDer1-1											
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43152 PE=3 SV=1	tr B7FQ13 B7FQ13_PHATC	17 kDa	12	16	18	21	21	27												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46347 PE=4 SV=1	tr B7G0W9 B7G0W9_PHATC	27 kDa	21	18	24	12	21	26	keine Hits in GFP, 2/1/3											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44924 PE=4 SV=1	tr B7F9M7 B7F9M7_PHATC	40 kDa	10	17	18	18	23	23	keine Hits in GFP, 2/1/3											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19661 PE=4 SV=1	tr B7F9P5 B7F9P5_PHATC	34 kDa	18	23	30	15	12	17	keine Hits in GFP, 2/1/3											
Prohibitin-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54958 PE=4 SV=1	tr B7G8K0 B7G8K0_PHATC	31 kDa	10	11	14	5	7	9												
Photosystem II CP43 reaction center protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbC PE=3 SV=1	tr A0T096 A0T096_PHATC	52 kDa	10	20	15	9	9	12												
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_9046 PE=4 SV=1	tr B7FP18 B7FP18_PHATC	17 kDa	9	23	14	19	15	21	1 hit bei GFP aus Analyse 2, 6/5/3 bei 46675											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_9046 PE=4 SV=1	tr B7FP18 B7FP18_PHATC	17 kDa	9	23	14	19	15	21	Protein aus Signalpeptidase											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48573 PE=4 SV=1	tr B7G7Q5 B7G7Q5_PHATC	74 kDa	11	18	13	17	14	23												
Histone linker H1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H1 PE=3 SV=1	tr B7FK66 B7FK66_PHATC	24 kDa	13	16	20	17	13	15												
ATP synthase subunit alpha, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpA PE=3 SV=1	sp A0T0F1 ATPA_PHATC	55 kDa	21	23	27	3	5	6												
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49964 PE=4 SV=1	tr B7GCG4 B7GCG4_PHATC	41 kDa	18	20	20	12	14	13	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 3/2/2											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45291 PE=4 SV=1	tr B7G7F1 B7G7F1_PHATC	33 kDa	13	18	18	18	21	25	Analyse 2: keine hits in GFP, 23/11/12											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48728 PE=4 SV=1	tr B7G5E2 B7G5E2_PHATC	21 kDa	14	15	17	13	16	18	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 3/2/2											
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40467 PE=4 SV=1	tr B7G813 B7G813_PHATC	36 kDa																		

Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17846 PE=4 SV=1	tr B7FQ04 B7FQ04_PHATC	17 kDa	8	7	11	3	4	8	
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc12 PE=4 SV=1	tr B7FQ00 B7FQ00_PHATC	22 kDa	6	15	6	2	4	3	
Calcein-binding protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CcpB PE=4 SV=1	tr B7FQ14 B7FQ14_PHATC	30 kDa	2	2	2	3	4	11	14
Prohibitin-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12799 PE=4 SV=1	tr B7G018 B7G018_PHATC	28 kDa	6	13	8	3	3	3	3
Photosystem II reaction center Psb28 protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psb28 PE=3 SV=1	sp A070H5 PSB28_PHATC	13 kDa	6	8	11	3	3	10	7
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc1c PE=4 SV=1	tr B7G557 B7G557_PHATC	22 kDa	6	10	5	4	4	4	4
30S ribosomal protein S5, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rps5 PE=3 SV=1	sp A070H3 RRS5_PHATC	19 kDa	7	9	8	6	7	8	2
Keratin, type I cytoskeletal 80 OS=Homo sapiens GN=KR10 PE=1 SV=2	sp G0R66 K2C80_CON-HUMAN	5 kDa	29	24	30	45	21	23	23
Precursor of ATPase ATPase gamma subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AtgC PE=3 SV=1	tr B7G0M9 B7G0M9_PHATC	40 kDa	8	9	11	6	7	4	2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd977 PE=4 SV=1	tr B7S317 B7S317_PHATC	36 kDa	7	9	7	4	2	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42765 PE=3 SV=1	tr B7FP67 B7FP67_PHATC	20 kDa	6	7	6	5	6	7	Analyse 2 keine Hits in GFP, 5/1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SYA PE=3 SV=1	tr B7FK75 B7FK75_PHATC	34 kDa	4	6	5	6	11	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35362 PE=4 SV=1	tr B7F0B9 B7F0B9_PHATC	20 kDa	6	6	6	5	7	7	Analyse 2 keine Hits in GFP, 12/11/10
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50545 PE=4 SV=1	tr B7GFE0 B7GFE0_PHATC	21 kDa	3	6	6	8	10	12	Analyse 2 keine Hits in GFP, 2/2/3
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44902 PE=4 SV=1	tr B7FW24 B7FW24_PHATC	43 kDa	3	13	2	3	7	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50047 PE=4 SV=1	tr B7GCR2 B7GCR2_PHATC	14 kDa	5	9	11	3	3	2	Analyse 2 keine Hits in GFP, 6/3/4
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc9 PE=4 SV=1	tr B7G955 B7G955_PHATC	22 kDa	4	12	3	3	3	12	5
Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45443 PE=3 SV=1	tr B7F9F8 B7F9F8_PHATC	30 kDa	9	14	14	14	13	13	13
Histone H2A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H2A.m1 PE=3 SV=4	tr B7F9A5 B7F9A5_PHATC	14 kDa	3	4	4	2	3	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42728 PE=4 SV=1	tr B7F9B9 B7F9B9_PHATC	54 kDa	5	12	5	3	6	7	
ATP-dependent ctp protease ATP-binding subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ctpc PE=3 SV=1	tr A070K8 A070K8_PHATC	104 kDa	3	14	2	5	6	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_28147 PE=4 SV=1	tr BSY3H6 BSY3H6_PHATC	7 kDa	6	7	7	7	7	7	7
60 kDa chaperonin, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=cp90 PE=3 SV=1	sp A070H6 CH60_PHATC	58 kDa	5	24	6	2	3	4	4
30S ribosomal protein S18, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rps18 PE=3 SV=1	sp A070D4 RR18_PHATC	83 kDa	4	4	6	5	8	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49053 PE=4 SV=1	tr B7G6C2 B7G6C2_PHATC	77 kDa	6	7	10	5	5	6	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 10/5/5
Aminomethyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GDCT PE=3 SV=1	tr B7S451 B7S451_PHATC	46 kDa	3	6	3	7	8	9	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43939 PE=4 SV=1	tr BSY4U4 BSY4U4_PHATC	27 kDa	6	8	12	3	4	6	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 4/3/3
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc4 PE=4 SV=1	tr B7F0E1 B7F0E1_PHATC	23 kDa	3	15	6	3	2	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50650 PE=4 SV=1	tr B7F7F9 B7F7F9_PHATC	51 kDa	4	13	6	5	4	6	6
Keratin, type II cytoskeletal 4 OS=Homo sapiens GN=KR14 PE=1 SV=4	sp I19013 K2C4_CON-HUMAN[+1]	57 kDa	29	23	36	66	21	25	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50051 PE=4 SV=1	tr B7GCR7 B7GCR7_PHATC	23 kDa	5	4	5	3	6	5	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 5/1/2
Protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1471 PE=4 SV=1	tr B7S4E5 B7S4E5_PHATC	21 kDa	5	6	5	6	6	7	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47649 PE=4 SV=1	tr B7G4E5 B7G4E5_PHATC	33 kDa	4	8	4	3	5	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50356 PE=4 SV=1	tr B7G9H0 B7G9H0_PHATC	20 kDa	3	4	4	3	4	4	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 4/2/2
Tubulin beta chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21122 PE=3 SV=1	tr BSY3W7 BSY3W7_PHATC	50 kDa	6	16	2	4	4	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42659 PE=4 SV=1	tr B7FP35 B7FP35_PHATC	30 kDa	3	9	5	7	7	8	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 3/2/1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46792 PE=4 SV=1	tr BSY3T0 BSY3T0_PHATC	35 kDa	5	8	9	2	3	5	
Precursor of carboxylate pyruvate carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PYC1 PE=4 SV=1	tr B7G6G1 B7G6G1_PHATC	136 kDa	3	15	3	3	1	3	
Cytosolic class II aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=fbp PE=4 SV=1	tr B7G6B3 B7G6B3_PHATC	43 kDa	4	11	8	4	6	3	3
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35766 PE=4 SV=1	tr B7F272 B7F272_PHATC	91 kDa	5	13	3	2	6	5	
ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ftsH PE=3 SV=1	tr A070F2 A070F2_PHATC	68 kDa	1	10	1	4	4	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47103 PE=4 SV=1	tr B7G2G3 B7G2G3_PHATC	16 kDa	3	9	1	4	5	8	keine Hits bei GFP bei Analyse 2, 2/2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50157 PE=4 SV=1	tr B7GDS2 B7GDS2_PHATC	164 kDa	1	4	2	9	8	11	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42442 PE=3 SV=1	tr B7F9E2 B7F9E2_PHATC	104 kDa	3	8	8	11	13	13	keine Hits bei GFP bei Analyse 2, 4/3/3/
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_33928 PE=4 SV=1	tr B7FU92 B7FU92_PHATC	22 kDa	5	5	8	4	10	8	
Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaB PE=3 SV=1	sp A070M7 PSA8_PHATC	82 kDa	1	4	0	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23497 PE=4 SV=1	tr B7G8K2 B7G8K2_PHATC	208 kDa	0	8	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35304 PE=4 SV=1	tr B7FY50 B7FY50_PHATC	18 kDa	5	4	8	5	4	5	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 6/4/6
30S ribosomal protein S13, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rps13 PE=3 SV=1	sp A070B8 RR13_PHATC	15 kDa	4	6	9	3	4	5	
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc13 PE=4 SV=1	tr B7G502 B7G502_PHATC	22 kDa	7	10	5	3	5	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17519 PE=3 SV=1	tr B7FPK3 B7FPK3_PHATC	18 kDa	6	9	8	1	4	4	
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44585 PE=3 SV=1	tr B7FUK7 B7FUK7_PHATC	18 kDa	3	5	7	6	7		
60S ribosomal protein L6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34146 PE=3 SV=1	tr B7FUV3 B7FUV3_PHATC	22 kDa	4	6	7	4	4	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49833 PE=3 SV=1	tr B7G6B2 B7G6B2_PHATC	22 kDa	2	5	3	6	6	7	
Early light induced protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LHL1 PE=4 SV=1	tr B7FNV6 B7FNV6_PHATC	25 kDa	4	11	3	2	4	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46612 PE=3 SV=1	tr B7G1V3 B7G1V3_PHATC	32 kDa	3	7	5	4	4	6	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11014 PE=4 SV=1	tr B7FR66 B7FR66_PHATC	73 kDa	3	9	1	2	4	1	
Keratin, type II cuticular H2 OS=Homo sapiens GN=KR12 PE=1 SV=3	sp QNS8B4 KR12_CON-HUMAN[+1]	57 kDa	1	0	1	3	0	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31704 PE=4 SV=1	tr B7FR42 B7FR42_PHATC	16 kDa	4	6	9	4	2	6	6
Cytochrome b559 subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbE PE=3 SV=1	sp A070A3 PSB8_PHATC	10 kDa	3	4	2	4	2	3	
Eukaryotic translation initiation factor 5A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17954 PE=3 SV=1	tr B7FR46 B7FR46_PHATC	17 kDa	1	6	3	5	7	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44586 PE=3 SV=1	tr B7FUK9 B7FUK9_PHATC	38 kDa	3	5	3	7	6	9	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50966 PE=3 SV=1	tr B7G134 B7G134_PHATC	50 kDa	2	10	1	4	3	1	
Photosystem II protein D1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaA PE=3 SV=1	sp A070B8 PSA8_PHATC	49 kDa	3	6	2	3	2	3	
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc1 PE=4 SV=1	tr B7FLM6 B7FLM6_PHATC	22 kDa	2	13	2	3	3	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46690 PE=4 SV=1	tr BSY3G9 BSY3G9_PHATC	31 kDa	2	3	4	9	9	7	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 2/3/1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49389 PE=4 SV=1	tr B7GA51 B7GA51_PHATC	311 kDa	2	2	2	3	9	11	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47249 PE=4 SV=1	tr B7G3Q7 B7G3Q7_PHATC	74 kDa	2	2	1	6	7	15	
Plastidic endoase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_54668 PE=3 SV=1	tr B7F6Z2 B7F6Z2_PHATC	51 kDa	0	10	4	6	4	10	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34275 PE=4 SV=1	tr B7FWS6 B7FWS6_PHATC	14 kDa	3	4	4	4	4	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40080 PE=4 SV=1	tr B7GAE9 B7GAE9_PHATC	82 kDa	6	7	7	3	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43513 PE=4 SV=1	tr B7FSH1 B7FSH1_PHATC	49 kDa	2	2	1	7	5	9	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_38166 PE=4 SV=1	tr B7G546 B7G546_PHATC	26 kDa	2	4	3	5	6	10	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43854 PE=4 SV=1	tr BSY4W2 BSY4W2_PHATC	82 kDa	2	8	8	4	4	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43494 PE=4 SV=1	tr B7G9H7 B7G9H7_PHATC	49 kDa	0	0	0	13	6	11	auch in Analyse 2
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc1c PE=4 SV=1	tr B7G8K7 B7G8K7_PHATC	21 kDa	13	25	13	8	11	18	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47590 PE=4 SV=1	tr B7G469 B7G469_PHATC	81 kDa	4	3	4	2	4	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43274 PE=4 SV=1	tr B7FR73 B7FR73_PHATC	39 kDa	4	3	3	7	9	11	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49813 PE=4 SV=1	tr B7F9B9 B7F9B9_PHATC	34 kDa	8	6	5	0	0	3	
GTP-AMP phosphotransferase, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13789 PE=3 SV=1	tr B7G6Z1 B7G6Z1_PHATC	24 kDa	3	4	2	3	4	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_33844 PE=4 SV=1	tr B7FU11 B7FU11_PHATC	24 kDa	1	1	3	10	8	7	keine Hits bei GFP in Analyse 2, 5 bei 46674 magnetic beads
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49957 PE=4 SV=1	tr B7GCF7 B7GCF7_PHATC	57 kDa	6	5	8	4	4	6	
Photosystem II D2 protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbD PE=3 SV=1	sp A070Y9 PSB8_PHATC	39 kDa	1	4	2	2	2	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43181 PE=4 SV=1	tr B7FQK2 B7FQK2_PHATC	17 kDa	4	5	8	5	5	7	keine Hits bei GFP in Analyse 2, 3/2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab1 PE=4 SV=1	tr B7G8A9 B7G8A9_PHATC	22 kDa	5	10	3	5	6	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49151 PE=4 SV=1	tr B7G9N5 B7G9N5_PHATC	38 kDa	4	8	5	1	4	2	keine Hits bei GFP in Analyse 2, 3/3/3
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43428 PE=4 SV=1	tr B7FS75 B7FS75_PHATC	12 kDa	4	3	7	5	3	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50366 PE=4 SV=1	tr B7GDW4 B7GDW4_PHATC	42 kDa	2	2	2	2	2	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49264 PE=4 SV=1	tr B7GA13 B7GA13_PHATC	26 kDa	0	3	4	1	2	3	keine signifikanten Hits bei GFP in Analyse 2, 2
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc15 PE=4 SV=1	tr B7G82								

GLNA, glutamine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GNA PE=3 SV=1	tr B7G6G B7G6G_PHATC	80 kDa	2	8	3	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37837 PE=4 SV=1	tr B7G467 B7G467_PHATC	11 kDa	0	0	0	5	8	12	signifikant nur in Analyse 1
Alcohol dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3d1822 PE=4 SV=1	tr B7S482 B7S482_PHATC	36 kDa	1	7	0	1	5	10	
Photocystem 1 reaction center subunit XI OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psal PE=3 SV=1	sp A0T0M6 PSAL_PHATC	16 kDa	2	2	1	1	2	2	
40S ribosomal protein S30 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10769 PE=3 SV=1	tr B7FUK5 B7FUK5_PHATC	7 kDa	3	5	3	2	3	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48785 PE=4 SV=1	tr B7G851 B7G851_PHATC	22 kDa	3	3	3	3	6	6	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47178 PE=4 SV=1	tr B7G288 B7G288_PHATC	20 kDa	0	4	2	1	3	4	BN PAGE Protein
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MDH PE=3 SV=1	tr B7G591 B7G591_PHATC	35 kDa	1	3	5	1	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48507 PE=4 SV=1	tr B7G701 B7G701_PHATC	13 kDa	3	3	3	2	3	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45589 PE=4 SV=1	tr B7F969 B7F969_PHATC	66 kDa	2	2	3	2	5	10	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13587 PE=4 SV=1	tr B7G121 B7G121_PHATC	49 kDa	4	5	6	2	1	2	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5145 PE=3 SV=1	tr B7G7V4 B7G7V4_PHATC	24 kDa	3	7	3	4	3	5	
Chaperone protein dnaK OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=dnaK PE=3 SV=1	sp A0T0F7 DNAK_PHATC	67 kDa	4	12	2	0	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49187 PE=4 SV=1	tr B7G5S2 B7G5S2_PHATC	25 kDa	3	4	3	3	4	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45409 PE=4 SV=1	tr B7FX11 B7FX11_PHATC	32 kDa	0	2	1	4	4	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47708 PE=4 SV=1	tr B7G419 B7G419_PHATC	35 kDa	0	0	0	7	6	12	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51058 PE=3 SV=1	tr B7G360 B7G360_PHATC	28 kDa	3	3	4	2	3	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48879 PE=4 SV=1	tr B7G896 B7G896_PHATC	33 kDa	3	11	1	3	2	2	PPPI (in PPC, Daniel und bei mir durch BN PAGE)
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45886 PE=4 SV=1	tr B7F217 B7F217_PHATC	64 kDa	4	6	5	2	2	2	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 2 Agarosebeads
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29217 PE=4 SV=1	tr B7G5M4 B7G5M4_PHATC	44 kDa	0	4	0	5	4	8	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42786 PE=4 SV=1	tr B7FP11 B7FP11_PHATC	46 kDa	3	2	5	5	3	8	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47852 PE=4 SV=1	tr B7G5S0 B7G5S0_PHATC	59 kDa	2	2	3	1	2	6	
Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK2 PE=3 SV=1	tr B7FZ57 B7FZ57_PHATC	58 kDa	1	16	0	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51291 PE=3 SV=1	tr B7G508 B7G508_PHATC	14 kDa	2	3	6	1	1	1	
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc2f2 PE=4 SV=1	tr B7FRW4 B7FRW4_PHATC	21 kDa	11	25	13	11	13	14	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49086 PE=4 SV=1	tr B7G9F9 B7G9F9_PHATC	14 kDa	3	3	2	2	4	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30486 PE=3 SV=1	tr B7G886 B7G886_PHATC	17 kDa	2	4	5	2	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40433 PE=4 SV=1	tr B7G9J9 B7G9J9_PHATC	63 kDa	1	5	1	1	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43316 PE=4 SV=1	tr B7F188 B7F188_PHATC	30 kDa	3	1	2	2	5	4	
Short-chain alcohol dehydrogenase with NAD or NADP as acceptor OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33463 PE=4 SV=1	tr BSY5C8 BSY5C8_PHATC	30 kDa	1	6	3	1	3	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49205 PE=4 SV=1	tr B7G9T9 B7G9T9_PHATC	23 kDa	0	1	0	1	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36877 PE=4 SV=1	tr BSY3X1 BSY3X1_PHATC	43 kDa	3	3	6	1	5	2	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 1/1/2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48087 PE=4 SV=1	tr B7G5J0 B7G5J0_PHATC	35 kDa	2	4	1	1	0	1	
YACAP ribonucleoprotein complex subunit (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_7349 PE=3 SV=1	tr B7F748 B7F748_PHATC	18 kDa	2	3	5	2	2	5	
Inspine-5'-monophosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31718 PE=3 SV=1	tr B7F9F5 B7F9F5_PHATC	51 kDa	1	4	3	2	3	2	
HSP20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20 PE=3 SV=1	tr BSY3Y4 BSY3Y4_PHATC	24 kDa	0	0	0	6	6	5	Chaperon
Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13358 PE=4 SV=1	tr BSY3C9 BSY3C9_PHATC	19 kDa	0	4	0	0	0	2	
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc2f2 PE=4 SV=1	tr B7G9B9 B7G9B9_PHATC	21 kDa	2	4	2	2	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK1 PE=3 SV=1	tr B7G5J0 B7G5J0_PHATC	21 kDa	2	2	3	1	2	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49764 PE=3 SV=1	tr B7G8T9 B7G8T9_PHATC	30 kDa	2	6	1	2	2	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36662 PE=4 SV=1	tr BSY3B4 BSY3B4_PHATC	34 kDa	0	3	3	3	6	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36662 PE=4 SV=1	tr BSY3B4 BSY3B4_PHATC	34 kDa	0	3	3	3	6	5	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21659 PE=4 SV=1	tr B7G3G9 B7G3G9_PHATC	15 kDa	1	0	3	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15138 PE=4 SV=1	tr B7G3Z0 B7G3Z0_PHATC	36 kDa	4	3	2	5	3	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42859 PE=4 SV=1	tr B7F7F6 B7F7F6_PHATC	12 kDa	2	2	3	1	3	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49223 PE=4 SV=1	tr B7G9W1 B7G9W1_PHATC	48 kDa	3	3	4	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_49627 PE=4 SV=1	tr B7G896 B7G896_PHATC	12 kDa	1	1	2	1	1	1	
Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK2 PE=3 SV=1	tr B7G9H4 B7G9H4_PHATC	55 kDa	3	13	3	1	2	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46709 PE=4 SV=1	tr BSY3I3 BSY3I3_PHATC	103 kDa	0	3	0	4	3	4	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 4/1/1
Long chain acyl-coa synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CS4 PE=4 SV=1	tr B7F9A6 B7F9A6_PHATC	73 kDa	1	5	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCase_1 PE=3 SV=1	tr B7G1G6 B7G1G6_PHATC	112 kDa	2	14	3	4	0	0	
30S ribosomal protein S15 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_7893 PE=3 SV=1	tr B7FU91 B7FU91_PHATC	10 kDa	2	4	2	4	0	0	
Phosphoinositide phospholipase C OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1000 PE=4 SV=1	tr B7S3T2 B7S3T2_PHATC	100 kDa	3	5	6	1	1	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21383 PE=3 SV=1	tr BSY460 BSY460_PHATC	79 kDa	1	4	0	1	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23629 PE=3 SV=1	tr B7G502 B7G502_PHATC	10 kDa	0	0	0	0	0	0	
Early-response-to-dehydration protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ERD PE=4 SV=1	tr B7G8I8 B7G8I8_PHATC	88 kDa	0	2	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50336 PE=4 SV=1	tr B7G5J2 B7G5J2_PHATC	37 kDa	4	4	5	5	5	4	
ATP synthase epsilon chain, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpE PE=3 SV=1	sp A0T0D1 ATPE_PHATC	14 kDa	3	4	3	1	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47338 PE=4 SV=1	tr B7G3Z0 B7G3Z0_PHATC	28 kDa	2	2	1	3	5	5	
Peptidyl-aryl-oxo-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34933 PE=3 SV=1	tr B7F9J9 B7F9J9_PHATC	15 kDa	2	3	3	3	3	5	
GTP-binding nuclear protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Ran1 PE=3 SV=1	tr B7G8Q4 B7G8Q4_PHATC	24 kDa	2	4	2	2	4	4	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10774 PE=3 SV=1	tr B7F7V7 B7F7V7_PHATC	18 kDa	2	3	5	3	1	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35063 PE=4 SV=1	tr B7FXG6 B7FXG6_PHATC	17 kDa	4	4	6	0	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28562 PE=4 SV=1	tr B7G2U6 B7G2U6_PHATC	19 kDa	4	5	8	1	1	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42961 PE=4 SV=1	tr B7F8B1 B7F8B1_PHATC	63 kDa	1	5	2	4	3	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30660 PE=4 SV=1	tr B7G8L1 B7G8L1_PHATC	30 kDa	1	5	2	1	1	1	
50S ribosomal protein L14, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpL14 PE=3 SV=1	sp A0T0I9 RL14_PHATC	13 kDa	4	3	5	2	2	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41069 PE=4 SV=1	tr B7G074 B7G074_PHATC	34 kDa	1	1	2	4	5	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23552 PE=4 SV=1	tr B7G3C6 B7G3C6_PHATC	110 kDa	0	8	1	2	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26970 PE=4 SV=1	tr B7F6C3 B7F6C3_PHATC	72 kDa	0	9	0	1	2	2	
Triose phosphate/phosphate translocator OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Tpt1 PE=4 SV=1	tr B7F9J9 B7F9J9_PHATC	41 kDa	0	7	0	1	4	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47994 PE=4 SV=1	tr B7G5I8 B7G5I8_PHATC	29 kDa	0	8	0	3	4	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_42051 PE=3 SV=1	tr BSY3F5 BSY3F5_PHATC	65 kDa	0	4	0	3	2	5	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13361 PE=3 SV=1	tr BSY405 BSY405_PHATC	44 kDa	1	3	3	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_48386 PE=4 SV=1	tr BSY3M2 BSY3M2_PHATC	19 kDa	1	2	3	4	3	4	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8802 PE=3 SV=1	tr B7FC31 B7FC31_PHATC	47 kDa	1	3	5	1	3	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23371 PE=4 SV=1	tr B7G8B5 B7G8B5_PHATC	47 kDa	0	4	3	3	6	4	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_4550 PE=4 SV=1	tr B7FVY2 B7FVY2_PHATC	25 kDa	1	5	2	2	4	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40626 PE=4 SV=1	tr B7G8L5 B7G8L5_PHATC	31 kDa	3	2	2	1	4	4	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 1/1/2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49279 PE=4 SV=1	tr B7G430 B7G430_PHATC	37 kDa	4	3	4	0	2	2	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5168 PE=4 SV=1	tr B7F7F2 B7F7F2_PHATC	24 kDa	1	1	4	0	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44472 PE=4 SV=1	tr B7F8B6 B7F8B6_PHATC	14 kDa	2	1	5	1	0	7	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48114 PE=4 SV=1	tr B7G6I4 B7G6I4_PHATC	24 kDa	1	2	0	3	3	5	
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=6PGDH PE=3 SV=1	tr B7FXB5 B7FXB5_PHATC (+1)	57 kDa	2	13	0	1	0	1	
ATP synthase subunit b, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1	sp A0T0E9 ATPB_PHATC	20 kDa	0	2	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50886 PE=3 SV=1	tr B7FXA9 B7FXA9_PHATC	15 kDa	1	1	3	1	1	2	
Keratin, type II cytoskeletal 6C OS=Homo sapiens GN=KRT6C PE=1 SV=3	sp A46668 K2C6C_CON-HUMAN	60 kDa	95	82	105	137	76	80	
30S ribosomal protein S11, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpS11 PE=3 SV=1	sp A0T0J9 RR11_PHATC	14 kDa	1	4	4	2	3	3	
Clastrin light chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CLC PE=3 SV=1	tr B7G1T5 B7G1T5_P								

Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45017 PE=4 SV=1	tr B7FVAB B7FVAB_PHATC	89 kDa	1	7	1	0	1	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15224 PE=4 SV=1	tr B7G7X9 B7G7X9_PHATC	15 kDa	2	2	1	3	1	4	
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18458 PE=4 SV=1	tr B5YH44 B5YH44_PHATC	21 kDa	2	2	3	1	4	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_32071 PE=4 SV=1	tr B7FQ47 B7FQ47_PHATC	33 kDa	0	3	1	1	4	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47779 PE=4 SV=1	tr B7G4W0 B7G4W0_PHATC	66 kDa	0	0	0	4	3	2	nur in Analyse 1
Peroxisomal 2,4-dienoyl-CoA reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DER1 PE=4 SV=1	tr B7FV77 B7FV77_PHATC	32 kDa	3	5	4	0	0	6	
Mg-protoporphyrin IX chelatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Chl PE=4 SV=1	tr A0T085 A0T085_PHATC	40 kDa	1	6	0	0	1	5	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47943 PE=4 SV=1	tr B7G551 B7G551_PHATC	128 kDa	0	5	1	2	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44077 PE=4 SV=1	tr B5Y5A0 B5Y5A0_PHATC	24 kDa	2	3	4	0	2	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44488 PE=4 SV=1	tr B7FU44 B7FU44_PHATC	55 kDa	0	5	0	0	0	0	
Ferredoxin-dependent glutamate synthase, fusion of large and small subunits OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Glx PE=4 SV=1	tr B7G4Z5 B7G4Z5_PHATC	174 kDa	0	2	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44748 PE=4 SV=1	tr B7FVH9 B7FVH9_PHATC	14 kDa	2	2	1	2	0	2	
6S ribosomal protein L16 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_18585 PE=3 SV=1	tr B7F113 B7F113_PHATC	12 kDa	2	2	2	1	2	2	
Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, deviant OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48798 PE=4 SV=1	tr B7G8E5 B7G8E5_PHATC	22 kDa	1	4	2	1	2	2	
Glyoxalase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GLO_2 PE=3 SV=1	tr B7GD11 B7GD11_PHATC	29 kDa	1	2	0	2	2	2	
Protoporphyrin IX magnesium chelatase, subunit H OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CHLH PE=4 SV=1	tr B5Y3F4 B5Y3F4_PHATC	148 kDa	1	3	2	2	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Ra2 PE=4 SV=1	tr B7G5M5 B7G5M5_PHATC	23 kDa	0	5	0	2	2	2	
Transcriptional activator (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_7801 PE=3 SV=1	tr B7G5W7 B7G5W7_PHATC	116 kDa	1	1	2	1	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50191 PE=4 SV=1	tr B7GDP1 B7GDP1_PHATC	15 kDa	2	3	1	2	2	3	
Elongation factor Tu, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=tuF PE=3 SV=1	sp A0T0K6 EFU_TUATC	45 kDa	2	3	2	0	0	1	
Beta-ketoacyl-CoA thiolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=KCT3 PE=3 SV=1	tr B5Y3B5 B5Y3B5_PHATC	48 kDa	1	9	1	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=KCT3 PE=3 SV=1	tr B7FVW0 B7FVW0_PHATC	38 kDa	0	1	0	0	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_49714 PE=4 SV=1	tr B5Y4J5 B5Y4J5_PHATC	68 kDa	2	5	2	1	1	3	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 4/3/2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45215 PE=4 SV=1	tr B7FV6V B7FV6V_PHATC	38 kDa	1	1	1	3	5	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43495 PE=4 SV=1	tr B7F5F1 B7F5F1_PHATC	49 kDa	0	2	0	1	2	3	
Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PDHA1 PE=4 SV=1	tr B7GAB0 B7GAB0_PHATC	46 kDa	2	10	2	0	0	1	
V-type proton ATPase subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21030 PE=3 SV=1	tr B5Y3H8 B5Y3H8_PHATC	44 kDa	2	7	3	0	0	1	
Heat shock protein Hsp90 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP90 PE=3 SV=1	tr B7FGE7 B7FGE7_PHATC	87 kDa	0	7	0	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47373 PE=4 SV=1	tr B7G3S0 B7G3S0_PHATC	48 kDa	2	2	3	3	3	3	
Elongation factor Ts, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=tsf PE=3 SV=1	sp Q9T5K0 EFTS_PHATC	23 kDa	2	5	2	0	1	3	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_13088 PE=4 SV=1	tr B7G170 B7G170_PHATC	43 kDa	0	2	0	2	2	4	
Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_39526 PE=3 SV=1	tr B7G8W6 B7G8W6_PHATC	38 kDa	2	3	3	0	0	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48121 PE=4 SV=1	tr B7G621 B7G621_PHATC	209 kDa	1	0	3	0	6	3	nur in Analyse 1
Heat shock protein Hsp70 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70 PE=3 SV=1	tr B7F6L6 B7F6L6_PHATC	92 kDa	0	1	0	0	0	0	ID4417
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15815 PE=3 SV=1	tr B7G026 B7G026_PHATC	66 kDa	0	1	0	1	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35960 PE=4 SV=1	tr B7FZ29 B7FZ29_PHATC	33 kDa	1	1	3	2	2	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44922 PE=3 SV=1	tr B7FV44 B7FV44_PHATC	17 kDa	1	2	1	2	3	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45992 PE=4 SV=1	tr B7F7F0 B7F7F0_PHATC	45 kDa	1	2	1	2	2	2	
Keratin, type I cytoskeletal 6B OS=Homo sapiens GN=KRT6B PE=1 SV=1	sp P0A259 K2C6B_CON-HUMAN	94 kDa	84	38	106	145	83	35	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_9199 PE=3 SV=1	tr B7FN44 B7FN44_PHATC	17 kDa	2	1	2	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33304 PE=4 SV=1	tr B5Y4X5 B5Y4X5_PHATC	14 kDa	4	3	3	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47278 PE=4 SV=1	tr B7G3U4 B7G3U4_PHATC	18 kDa	1	1	1	2	3	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35644 PE=4 SV=1	tr B7FV33 B7FV33_PHATC	22 kDa	0	0	0	3	3	4	signifikant auch in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26176 PE=4 SV=1	tr B7F033 B7F033_PHATC	45 kDa	2	3	0	0	2	2	
Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20C PE=3 SV=1	tr B5Y472 B5Y472_PHATC	20 kDa	2	1	3	2	2	2	Chaperon
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42949 PE=4 SV=1	tr B7FQ44 B7FQ44_PHATC	18 kDa	2	2	3	2	2	2	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15852 PE=4 SV=1	tr B7G412 B7G412_PHATC	14 kDa	1	1	1	1	2	7	auch keine Hits bei GFP in Analyse 2
T-complex protein 1 subunit gamma OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_21789 PE=3 SV=1	tr B7G4D0 B7G4D0_PHATC	61 kDa	1	3	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_4234 PE=4 SV=1	tr B7F999 B7F999_PHATC	52 kDa	1	5	1	2	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_41790 PE=4 SV=1	tr B5Y429 B5Y429_PHATC	50 kDa	2	5	2	1	1	2	
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28730 PE=4 SV=1	tr B7G3B3 B7G3B3_PHATC	13 kDa	2	2	3	2	2	2	
Photosystem II reaction center protein H OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbH PE=3 SV=1	sp A0T0A9 PSBH_PHATC	7 kDa	0	3	1	1	2	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50544 PE=4 SV=1	tr B7GFE8 B7GFE8_PHATC	35 kDa	0	3	1	4	3	3	
Keratin 13 OS=Mus musculus GN=KRT13 PE=4 SV=1	tr E1A276 K1A2K6_CON-MOUSE	48 kDa	42	38	38	35	33	35	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_9983 PE=4 SV=1	tr B7F310 B7F310_PHATC	13 kDa	2	1	4	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50344 PE=4 SV=1	tr B7GDP1 B7GDP1_PHATC	74 kDa	1	1	1	3	3	4	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45848 PE=4 SV=1	tr B7FVW7 B7FVW7_PHATC	30 kDa	2	3	3	0	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44300 PE=4 SV=1	tr B7FUR1 B7FUR1_PHATC	30 kDa	0	4	0	0	1	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_25275 PE=4 SV=1	tr B7F5E5 B7F5E5_PHATC	22 kDa	2	1	1	0	0	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_11032 PE=4 SV=1	tr B7F7H0 B7F7H0_PHATC	13 kDa	3	5	1	0	1	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45427 PE=4 SV=1	tr B7FXN1 B7FXN1_PHATC	48 kDa	0	2	2	3	2	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50500 PE=3 SV=1	tr B7GEA6 B7GEA6_PHATC	39 kDa	2	7	2	0	0	0	
Ammonium transporter OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_27877 PE=3 SV=1	tr B7G0V4 B7G0V4_PHATC	55 kDa	0	1	2	0	1	0	
Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46320 PE=3 SV=1	tr B7G078 B7G078_PHATC	117 kDa	1	7	0	0	0	0	
Succinate dehydrogenase (ubiquinone) iron-sulfur OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SDH2 PE=3 SV=1	tr B7G400 B7G400_PHATC	31 kDa	2	6	3	0	0	0	
Dihydrolypoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_18128 PE=3	tr B7S3L5 B7S3L5_PHATC	49 kDa	2	2	7	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12beta PE=4 SV=1	tr B7S4C6 B7S4C6_PHATC	99 kDa	2	8	0	0	0	0	
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcX3 PE=4 SV=1	tr B7FV99 B7FV99_PHATC	22 kDa	0	9	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47667 PE=4 SV=1	tr B7G4H1 B7G4H1_PHATC	66 kDa	0	4	0	0	0	0	
UDP-glucose-Pyrophosphorylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UGP/PGM PE=4 SV=1	tr B7G5S1 B7G5S1_PHATC	15 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21181 PE=4 SV=1	tr B5Y5J3 B5Y5J3_PHATC	35 kDa	3	3	2	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41645 PE=3 SV=1	tr B7G5S5 B7G5S5_PHATC	18 kDa	2	1	1	1	2	2	
Enopliakin OS=Homo sapiens GN=EVPL PE=1 SV=3	sp Q92817 EVPL_CON-HUMAN-DECOY (11)	?	0	2	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_32326 PE=4 SV=1	tr B7FQV1 B7FQV1_PHATC	33 kDa	1	6	2	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_1200A PE=3 SV=1	tr B7FV45 B7FV45_PHATC	22 kDa	2	3	3	1	3	3	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51837 PE=4 SV=1	tr B7FK07 B7FK07_PHATC	8 kDa	0	2	1	2	2	2	
Keratin 77 OS=Mus musculus GN=Krt77 PE=2 SV=1	tr Q08EK5 Q08EK5_CON-MOUSE	61 kDa	47	0	40	67	43	44	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42282 PE=4 SV=1	tr B7GA44 B7GA44_PHATC	43 kDa	1	3	2	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Helicase_5 PE=4 SV=1	tr B7G6M2 B7G6M2_PHATC	48 kDa	1	3	0	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34362 PE=4 SV=1	tr B7FV75 B7FV75_PHATC	91 kDa	2	1	1	2	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43207 PE=4 SV=1	tr B7FQ28 B7FQ28_PHATC	78 kDa	2	1	1	3	2	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47558 PE=4 SV=1	tr B7G432 B7G432_PHATC	77 kDa	2	2	1	3	3	2	
Glutamine synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51092 PE=3 SV=1	tr B7G5A1 B7G5A1_PHATC	46 kDa	1	7	2	1	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1316 PE=4 SV=1	tr B7F543 B7F543_PHATC	77 kDa	0	2	1	2	1	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43709 PE=4 SV=1	tr B7F771 B7F771_PHATC	84 kDa	0	2	3	4	2	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_38931 PE=4 SV=1	tr B7G787 B7G787_PHATC	115 kDa	0	1	0	2	2	4	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sec4 PE=4 SV=1	tr B7G9I9 B7G9I9_PHATC	23 kDa	1	4	0	0	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45239 PE=4 SV=1	tr B7FVY4 B7FVY4_PHATC	122 kDa	2	8	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45908 PE=4 SV=1	tr B7FZ43 B7FZ43_PHATC	83 kDa	0	0	0	3	4	3	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1)									

Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49254 PE=4 SV=1	tr B7GA02 B7GA02_PHATC	64 kDa	0	2	0	2	2	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17860 PE=4 SV=1	tr B7GF04 B7GF04_PHATC	28 kDa	0	2	0	2	3	2	
65S ribosomal protein L18a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_36236 PE=3 SV=1	tr B7GG05 B7GG05_PHATC	21 kDa	2	1	2	1	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47492 PE=4 SV=1	tr B7G314 B7G314_PHATC	71 kDa	0	6	0	0	2	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50537 PE=4 SV=1	tr B7GEF1 B7GEF1_PHATC	100 kDa	0	0	0	3	3	3	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44344 PE=4 SV=1	tr B7FT56 B7FT56_PHATC	109 kDa	2	3	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47395 PE=3 SV=1	tr B7G3B6 B7G3B6_PHATC	36 kDa	3	3	5	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43350 PE=4 SV=1	tr B7F028 B7F028_PHATC	75 kDa	0	4	1	1	0	0	
Nucleoside diphosphate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NDK3 PE=3 SV=1	tr B7FR80 B7FR80_PHATC	24 kDa	1	0	0	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51100 PE=4 SV=1	tr B7GS18 B7GS18_PHATC	12 kDa	1	1	2	1	1	1	
SURF1-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1384 PE=3 SV=1	tr B7S471 B7S471_PHATC	37 kDa	1	1	1	1	1	1	
30S ribosomal protein S19, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ps19 PE=3 SV=1	sp A0702 RR19_PHATC	11 kDa	0	2	2	1	0	1	
Cytosolic aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Fr4 PE=4 SV=1	tr B7FR41 B7FR41_PHATC	46 kDa	2	1	0	1	1	2	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_6062 PE=4 SV=1	tr B7G659 B7G659_PHATC	22 kDa	1	4	1	1	1	0	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 2 Agarosebeads
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47099 PE=4 SV=1	tr B7G2F8 B7G2F8_PHATC	37 kDa	0	2	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33400 PE=4 SV=1	tr BSY567 BSY567_PHATC	14 kDa	2	1	2	2	2	2	
Peptidylprolyl isomerase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_9267 PE=4 SV=1	tr B7FC031 B7FC031_PHATC	15 kDa	1	1	2	1	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47942 PE=4 SV=1	tr B7G599 B7G599_PHATC	11 kDa	0	0	1	1	3	2	nur in Analyse 1
Myo-inositol 2-dehydrogenase putative (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_3639 PE=4 SV=1	tr BSY182 BSY182_PHATC	38 kDa	1	3	3	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46522 PE=4 SV=1	tr B7G112 B7G112_PHATC	55 kDa	2	1	2	1	2	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49081 PE=4 SV=1	tr B7G9F2 B7G9F2_PHATC	73 kDa	2	2	2	1	2	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43124 PE=4 SV=1	tr B7FQ03 B7FQ03_PHATC	34 kDa	1	1	1	2	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_6847 PE=3 SV=1	tr B7FKJ2 B7FKJ2_PHATC	19 kDa	1	2	1	1	1	1	
30S ribosomal protein S7, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp7 PE=3 SV=1	sp A07005 RR7_PHATC	18 kDa	1	2	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44249 PE=4 SV=1	tr BSY5V7 BSY5V7_PHATC	14 kDa	1	0	1	1	2	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44547 PE=4 SV=1	tr B7FUE7 B7FUE7_PHATC	35 kDa	0	3	2	1	2	2	Protein aus BN PAGE, lokalisiert, nicht in dieser Arbeit gezeigt
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48359 PE=4 SV=1	tr B7G6V4 B7G6V4_PHATC	24 kDa	0	2	1	1	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43840 PE=4 SV=1	tr B7FV06 B7FV06_PHATC	13 kDa	2	2	1	1	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_28359 PE=4 SV=1	tr B7G216 B7G216_PHATC	26 kDa	0	2	3	1	0	3	
50S ribosomal protein L3, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp3 PE=3 SV=1	sp A07048 RL3_PHATC	22 kDa	0	1	2	0	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50525 PE=4 SV=1	tr B7GED7 B7GED7_PHATC	76 kDa	0	3	1	2	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46461 PE=3 SV=1	tr B7G1B0 B7G1B0_PHATC	46 kDa	0	2	0	1	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48859 PE=4 SV=1	tr B7G8M1 B7G8M1_PHATC	49 kDa	1	4	0	2	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_21736 PE=4 SV=1	tr B7G442 B7G442_PHATC	20 kDa	0	1	1	3	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45352 PE=4 SV=1	tr B7KX08 B7KX08_PHATC+DECOD (+?)	?	0	0	1	0	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_19413 PE=3 SV=1	tr B7FV13 B7FV13_PHATC	8 kDa	2	2	3	0	1	3	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44561 PE=4 SV=1	tr B7FUJ2 B7FUJ2_PHATC	49 kDa	0	0	1	2	2	4	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45889 PE=4 SV=1	tr B7FZ20 B7FZ20_PHATC	32 kDa	1	0	0	2	1	5	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49140 PE=4 SV=1	tr B7G9M0 B7G9M0_PHATC	20 kDa	0	0	0	1	2	2	auch keine Hits bei GFP in Analyse 2, 46675 1/2/3
Ornithine aminotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OAT PE=3 SV=1	tr B7G0H9 B7G0H9_PHATC	49 kDa	0	5	3	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43891 PE=4 SV=1	tr BSY4P2 BSY4P2_PHATC	84 kDa	1	1	1	0	0	2	nur in Analyse 1
Keratin 23 (Histone deacetylase inducible) OS=Homo sapiens GN=KRT23 PE=2 SV=1	tr Q8T0C4 Q8T0C4_CON-HUMAN	48 kDa	4	0	3	3	2	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43840 PE=4 SV=1	tr BSY400 BSY400_PHATC	12 kDa	0	0	3	1	0	4	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46897 PE=4 SV=1	tr BSY447 BSY447_PHATC	20 kDa	0	0	1	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43409 PE=4 SV=1	tr B7FSU7 B7FSU7_PHATC	47 kDa	0	3	0	1	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_10925 PE=4 SV=1	tr B7FUA9 B7FUA9_PHATC	8 kDa	0	0	1	1	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42566 PE=4 SV=1	tr B7FN54 B7FN54_PHATC	24 kDa	1	2	5	0	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44313 PE=4 SV=1	tr B7FTN7 B7FTN7_PHATC	22 kDa	0	0	0	2	4	3	nur in Analyse 1
ATP synthase subunit delta, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpD PE=3 SV=1	sp A07019 ATP9_PHATC	21 kDa	2	3	2	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48370 PE=3 SV=1	tr B7G6W8 B7G6W8_PHATC	44 kDa	0	3	0	0	0	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45641 PE=4 SV=1	tr B7GB82 B7GB82_PHATC	87 kDa	0	0	0	3	3	0	nur in Analyse 1
ATP synthase subunit b', chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpG PE=3 SV=1	sp A070E8 ATP9_PHATC	18 kDa	0	2	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42543 PE=4 SV=1	tr B7FRN6 B7FRN6_PHATC	37 kDa	0	5	0	0	0	0	
Caprotein subunit gamma OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=COG10 PE=3 SV=1	tr BSY414 BSY414_PHATC	10 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44756 PE=4 SV=1	tr B7FR18 B7FR18_PHATC	71 kDa	0	1	0	0	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16840 PE=4 SV=1	tr B7GE20 B7GE20_PHATC (+1)	22 kDa	1	1	2	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47936 PE=4 SV=1	tr B7G5E9 B7G5E9_PHATC	301 kDa	2	1	2	1	2	2	
Keratin 15 OS=Mus musculus GN=K15 PE=4 SV=1	tr B1AQ77 B1AQ77_CON-MOUSE	49 kDa	45	38	36	53	36	35	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47080 PE=3 SV=1	tr B7G2D6 B7G2D6_PHATC	38 kDa	1	3	0	0	1	1	
Proteinase inhibitor OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49059 PE=4 SV=1	tr B7G9D0 B7G9D0_PHATC	13 kDa	1	1	1	1	2	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44484 PE=4 SV=1	tr B7FUJ0 B7FUJ0_PHATC	12 kDa	2	1	1	2	1	2	keine Hits in GFP bei Analyse 2, 3/2/3
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46285 PE=4 SV=1	tr B7G0Q1 B7G0Q1_PHATC	73 kDa	1	1	2	0	1	3	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_30067 PE=3 SV=1	tr B7G9A4 B7G9A4_PHATC	45 kDa	1	3	0	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34681 PE=4 SV=1	tr B7FW07 B7FW07_PHATC	36 kDa	0	2	0	2	2	1	
keratin, type II cytoskeletal 73 OS=Homo sapiens GN=KRT73 PE=1 SV=1	sp B8Q944 K2C73_CON-HUMAN	19 kDa	17	11	0	11	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48921 PE=4 SV=1	tr B7G8V8 B7G8V8_PHATC	19 kDa	1	1	1	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12366 PE=4 SV=1	tr B7FZ63 B7FZ63_PHATC	12 kDa	1	1	0	2	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=chk2 PE=3 SV=1	tr B7FUM9 B7FUM9_PHATC	40 kDa	0	2	1	1	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51232 PE=4 SV=1	tr B7GB93 B7GB93_PHATC	12 kDa	0	0	0	1	0	0	keine Hits in GFP und signifikant in 46675 (3/1/2)
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_52073 PE=4 SV=1	tr B7G975 B7G975_PHATC	84 kDa	1	2	1	1	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47875 PE=4 SV=1	tr B7G578 B7G578_PHATC	84 kDa	1	2	2	0	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45764 PE=4 SV=1	tr B7FZ07 B7FZ07_PHATC	181 kDa	0	1	2	1	2	2	
Pyruvate 5-carboxylate reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_25379 PE=3 SV=1	tr B7F5S9 B7F5S9_PHATC	30 kDa	0	3	1	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_32361 PE=4 SV=1	tr B7FN07 B7FN07_PHATC	33 kDa	0	4	1	0	0	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16504 PE=3 SV=1	tr B7G0C0 B7G0C0_PHATC	43 kDa	1	1	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47694 PE=4 SV=1	tr B7G4K4 B7G4K4_PHATC	39 kDa	0	0	0	0	3	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_56243 PE=3 SV=1	tr B7GDG0 B7GDG0_PHATC	50 kDa	0	3	0	1	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49876 PE=4 SV=1	tr B7GC61 B7GC61_PHATC	25 kDa	0	0	0	2	2	3	in Analyse 2 nur 1 hit
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42712 PE=4 SV=1	tr B7FP98 B7FP98_PHATC	24 kDa	1	2	0	0	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46738 PE=4 SV=1	tr BSY131 BSY131_PHATC	20 kDa	0	2	1	1	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25856 PE=3 SV=1	tr BSY515 BSY515_PHATC	112 kDa	0	2	0	2	4	2	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd176 PE=4 SV=1	tr B7S423 B7S423_PHATC	25 kDa	2	2	0	0	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42714 PE=3 SV=1	tr B7FPA2 B7FPA2_PHATC	61 kDa	0	2	0	2	1	2	nur in Analyse 1
Dihydroipomadic acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHLTA_2 PE=3 SV=1	tr B7G317 B7G317_PHATC	46 kDa	3	3	3	0	0	5	
2-hydroxyacid dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48945 PE=3 SV=1	tr B7G6Z0 B7G6Z0_PHATC	49 kDa	1	1	7	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11286 PE=4 SV=1	tr B7FH00 B7FH00_PHATC	9 kDa	0	1	0	0	2	5	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46336 PE=4 SV=1	tr B7G0V7 B7G0V7_PHATC	50 kDa	0	2	0	0	0	0	
Keratin, type II cytoskeletal 79 OS=Homo sapiens GN=KRT79 PE=1 SV=2	sp Q5XKES K2C79_CON-HUMAN	58 kDa	0	0	31	0	0	0	29
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd920 PE=3 SV=1	tr B7S475 B7S475_PHATC	63 kDa	1	2	1	1	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44319 PE=4 SV=1	tr B7FTN4 B7FTN4_PHATC	14 kDa	1	2	0	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_14770 PE=4 SV=1	tr B7G6I9 B7G6I9_PHATC	19 kDa	1	2	1	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT									

Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14064 PE=4 SV=1	tr B7G30 B7G30_PHATC	20 kDa	0	4	0	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47077 PE=4 SV=1	tr B7G201 B7G201_PHATC	36 kDa	0	0	0	2	2	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_061686 PE=4 SV=1	tr B7S450 B7S450_PHATC	67 kDa	0	0	0	1	1	2	2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42848 PE=3 SV=1	tr B7F953 B7F953_PHATC	43 kDa	0	2	1	1	0	2	
Methionine aminopeptidase 2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17304 PE=3 SV=1	tr B7FNV9 B7FNV9_PHATC	48 kDa	0	2	0	1	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50163 PE=4 SV=1	tr B7GD57 B7GD57_PHATC	28 kDa	0	0	1	1	3	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34280 PE=4 SV=1	tr B7FW11 B7FW11_PHATC	28 kDa	0	1	1	1	2	0	nur in Analyse 1
45S ribosomal protein S8 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17414 PE=3 SV=1	tr B7FR00T B7FR00T_PHATC	37 kDa	0	2	1	1	0	1	
Pyruvate-5-carboxylate reductase [Fragment] OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16375 PE=3 SV=1	tr B7GCG6 B7GCG6_PHATC	29 kDa	0	3	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43117 PE=4 SV=1	tr B7FQ01 B7FQ01_PHATC	50 kDa	0	0	0	2	1	2	nur in Analyse 1
30S ribosomal protein S2, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ps2 PE=3 SV=1	sp A0T0E0 RR2_PHATC	26 kDa	1	3	2	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd4343 PE=4 SV=1	tr B7S484 B7S484_PHATC	43 kDa	0	0	0	2	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49012 PE=4 SV=1	tr B7G572 B7G572_PHATC	37 kDa	0	1	0	0	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46758 PE=4 SV=1	tr BSY3P4 BSY3P4_PHATC	33 kDa	0	4	0	0	0	0	Protein aus BN PAGE, nicht lokalisiert
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49642 PE=4 SV=1	tr B7G8B3 B7G8B3_PHATC	78 kDa	0	0	1	1	2	0	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1699 PE=4 SV=1	tr B7S470 B7S470_PHATC	49 kDa	0	3	3	0	2	0	
Cootner subunit beta' OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CObeta2 PE=3 SV=1	tr B7FZ59 B7FZ59_PHATC	106 kDa	0	4	0	0	0	0	
Cytochrome b559 subunit B OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbF PE=4 SV=1	sp A0T0A4 PSBF_PHATC	5 kDa	0	2	0	1	0	0	
Protein fucosyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hcd PE=4 SV=1	tr B7FR60 B7FR60_PHATC	21 kDa	0	3	0	0	0	0	
Iron-sulfur cluster assembly protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hscJ PE=3 SV=1	tr B7G223 B7G223_PHATC	17 kDa	1	0	2	0	0	2	
Long chain acyl-CoA synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACS3 PE=4 SV=1	tr BSY4D9 BSY4D9_PHATC	77 kDa	0	3	0	1	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43744 PE=4 SV=1	tr B7FTB3 B7FTB3_PHATC	29 kDa	0	0	0	1	0	3	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48306 PE=4 SV=1	tr B7GGP9 B7GGP9_PHATC	77 kDa	0	0	0	1	0	3	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24186 PE=4 SV=1	tr B7GEG3 B7GEG3_PHATC	123 kDa	0	1	0	0	0	2	
Keratin, type II cytoskeletal 3 OS=Homo sapiens GN=KR13 PE=1 SV=3	sp P12035 K2C3_CON-HUMAN	64 kDa	0	27	29	52	34	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41210 PE=4 SV=1	tr B7GD13 B7GD13_PHATC	27 kDa	0	0	0	0	0	0	
Biotin carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACC2 PE=4 SV=1	tr B7GEB5 B7GEB5_PHATC	250 kDa	0	6	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP2alpha PE=4 SV=1	tr B7F75 B7F75_PHATC	112 kDa	0	5	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35311 PE=4 SV=1	tr B7F57 B7F57_PHATC	200 kDa	0	0	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43786 PE=4 SV=1	tr BSY5W1 BSY5W1_PHATC	24 kDa	1	1	1	1	1	1	signifikant in Analyse 2, 2
ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10593 PE=3 SV=1	tr BSY4I2 BSY4I2_PHATC	21 kDa	1	1	1	2	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42654 PE=4 SV=1	tr B7FP26 B7FP26_PHATC	19 kDa	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44591 PE=4 SV=1	tr B7FU14 B7FU14_PHATC	107 kDa	0	1	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37596 PE=4 SV=1	tr B7G379 B7G379_PHATC	60 kDa	1	0	1	1	0	2	nur in Analyse 1
Keratin 19 OS=Mus musculus GN=Krt19 PE=2 SV=1	tr B1A078 B1A078_CON-MOUSE	45 kDa	0	0	0	19	12	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31339 PE=3 SV=1	tr B7G18 B7G18_PHATC	55 kDa	0	1	0	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38294 PE=3 SV=1	tr B7G5H1 B7G5H1_PHATC	43 kDa	0	0	0	1	1	1	
Unknown decoy protein for peptide #15723	Unknown #15723-DECOY (h6)	43 kDa	1	0	1	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44551 PE=4 SV=1	tr B7FHK2 B7FHK2_PHATC	437 kDa	1	0	1	0	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23324 PE=3 SV=1	tr B7G809 B7G809_PHATC	20 kDa	1	1	1	0	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45053 PE=4 SV=1	tr B7FWB4 B7FWB4_PHATC	19 kDa	0	1	1	2	1	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47255 PE=4 SV=1	tr B7G3R3 B7G3R3_PHATC	46 kDa	0	0	0	1	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44724 PE=4 SV=1	tr B7FV99 B7FV99_PHATC	16 kDa	0	1	0	0	1	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51303 PE=4 SV=1	tr B7G62 B7G62_PHATC	25 kDa	0	2	0	1	1	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19103 PE=3 SV=1	tr B7FUk4 B7FUk4_PHATC	12 kDa	0	0	1	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12028 PE=4 SV=1	tr B7FY04 B7FY04_PHATC	67 kDa	0	0	1	1	2	1	nur in Analyse 1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14917 PE=3 SV=1	tr B7G798 B7G798_PHATC	37 kDa	1	2	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45371 PE=4 SV=1	tr B7FV71 B7FV71_PHATC	21 kDa	1	2	1	0	0	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48420 PE=4 SV=1	tr B7G727 B7G727_PHATC	57 kDa	0	0	2	1	1	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42739 PE=4 SV=1	tr B7FPD1 B7FPD1_PHATC	37 kDa	1	1	1	0	0	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34630 PE=4 SV=1	tr B7FW87 B7FW87_PHATC (+1)	25 kDa	0	1	2	0	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16633 PE=4 SV=1	tr B7G28 B7G28_PHATC	9 kDa	0	2	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47804 PE=3 SV=1	tr B7G40 B7G40_PHATC	11 kDa	1	1	1	1	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44908 PE=4 SV=1	tr B7F930 B7F930_PHATC	97 kDa	0	2	0	1	2	2	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44019 PE=3 SV=1	tr B7G3L7 B7G3L7_PHATC	82 kDa	0	3	0	1	2	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48778 PE=4 SV=1	tr B7G8C2 B7G8C2_PHATC	38 kDa	0	1	0	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13931 PE=4 SV=1	tr B7G3G4 B7G3G4_PHATC	14 kDa	1	1	2	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14915 PE=4 SV=1	tr B7G36 B7G36_PHATC	21 kDa	0	0	1	1	2	1	
Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ycf46 PE=4 SV=1	tr A0T0C7 A0T0C7_PHATC	57 kDa	0	3	0	1	1	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13682 PE=3 SV=1	tr B7G286 B7G286_PHATC	25 kDa	0	3	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_48445 PE=4 SV=1	tr B7G757 B7G757_PHATC	54 kDa	1	3	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44478 PE=4 SV=1	tr B7FU93 B7FU93_PHATC	61 kDa	0	4	0	1	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48260 PE=4 SV=1	tr B7G697 B7G697_PHATC	24 kDa	0	0	0	0	1	4	nur signifikante Hits bei Analyse 1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3863 PE=3 SV=1	tr B7F931 B7F931_PHATC	9 kDa	0	1	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32272 PE=4 SV=1	tr B7FQ99 B7FQ99_PHATC	13 kDa	0	0	0	0	2	0	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48680 PE=4 SV=1	tr B7G833 B7G833_PHATC	64 kDa	0	5	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27972 PE=4 SV=1	tr B7G1G4 B7G1G4_PHATC	37 kDa	0	4	0	0	1	0	
Autophagy-related protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50830 PE=3 SV=1	tr B7G0M5 B7G0M5_PHATC	44 kDa	0	0	0	0	0	0	
Transmembrane 9 superfamily member OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25752 PE=3 SV=1	tr BSY536 BSY536_PHATC	79 kDa	0	2	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26635 PE=4 SV=1	tr B7FV45 B7FV45_PHATC	42 kDa	0	2	0	0	0	0	
Annexin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44109 PE=4 SV=1	tr BSY5D4 BSY5D4_PHATC	37 kDa	0	3	0	0	0	0	
Cootner subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CObeta PE=4 SV=1	tr B7FZV8 B7FZV8_PHATC	108 kDa	0	6	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34930 PE=4 SV=1	tr B7FZB6 B7FZB6_PHATC	31 kDa	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11303 PE=4 SV=1	tr B7F900 B7F900_PHATC	37 kDa	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35253 PE=4 SV=1	tr B7FX29 B7FX29_PHATC	37 kDa	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14163 PE=4 SV=1	tr B7G4E9 B7G4E9_PHATC	7 kDa	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16073 PE=4 SV=1	tr B7GF89 B7GF89_PHATC	52 kDa	0	1	1	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12373 PE=4 SV=1	tr B7FZ93 B7FZ93_PHATC	23 kDa	0	1	1	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9426 PE=4 SV=1	tr B7FWA02 B7FWA02_PHATC	9 kDa	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44015 PE=4 SV=1	tr BSY533 BSY533_PHATC	24 kDa	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45854 PE=4 SV=1	tr B7FYX5 B7FYX5_PHATC	176 kDa	1	1	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43556 PE=4 SV=1	tr B7F5M5 B7F5M5_PHATC	27 kDa	1	2	1	0	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3137 PE=4 SV=1	tr B7F739 B7F739_PHATC	45 kDa	0	1	0	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45418 PE=4 SV=1	tr B7G1B1 B7G1B1_PHATC	72 kDa	1	1	1	1	1		

Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47951 PE=4 SV=1	tr B7G5H0 B7G5H0_PHATC	30 kDa	0	1	0	1	1	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SLCAA_2 PE=4 SV=1	tr B7F014 B7F014_PHATC	74 kDa	1	0	1	0	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_36166 PE=4 SV=1	tr B7S450 B7S450_PHATC-DECOY (+1)	11 kDa	1	1	0	0	1	1	7	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34712 PE=4 SV=1	tr B7FW68 B7FW68_PHATC	73 kDa	0	0	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43047 PE=4 SV=1	tr B7FGF9 B7FGF9_PHATC	73 kDa	1	0	1	1	0	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44938 PE=4 SV=1	tr B7FW64 B7FW64_PHATC	85 kDa	1	1	1	0	0	0	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_3713 PE=4 SV=1	tr B7FFP0 B7FFP0_PHATC	10 kDa	0	1	0	0	0	1	1	1	
Glutaredoxin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GLR1 PE=4 SV=1	tr B7GD55 B7GD55_PHATC	12 kDa	1	0	0	1	1	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15468 PE=4 SV=1	tr B7G883 B7G883_PHATC	14 kDa	1	1	0	0	0	0	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16334 PE=4 SV=1	tr B7GC23 B7GC23_PHATC	24 kDa	0	0	0	1	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44386 PE=4 SV=1	tr B7FTX5 B7FTX5_PHATC	33 kDa	0	0	1	1	1	1	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44479 PE=4 SV=1	tr B7FU94 B7FU94_PHATC	50 kDa	1	1	0	1	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43688 PE=4 SV=1	tr B7FF58 B7FF58_PHATC	32 kDa	0	1	0	0	1	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_21791 PE=4 SV=1	tr B7GD33 B7GD33_PHATC	23 kDa	0	1	0	1	0	1	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_2607 PE=3 SV=1	tr B7GG02 B7GG02_PHATC	42 kDa	0	0	0	1	1	1	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25840 PE=4 SV=1	tr BSY5F4 BSY5F4_PHATC	117 kDa	0	1	0	2	1	1	1	1	nur in Analyse 1
Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49437 PE=4 SV=1	tr B7GAK9 B7GAK9_PHATC	32 kDa	0	1	1	0	0	1	0	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43438 PE=4 SV=1	tr B7FS86 B7FS86_PHATC	45 kDa	0	1	0	0	1	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HTC3 PE=4 SV=1	tr B7F051 B7F051_PHATC	41 kDa	0	0	0	1	1	1	1	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11192 PE=4 SV=1	tr B7FV07 B7FV07_PHATC	18 kDa	1	0	1	0	0	0	0	0	0
SOS ribosomal protein L2, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpL2 PE=3 SV=1	sp A0T01 RK2_PHATC	31 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_7848 PE=4 SV=1	tr B7G509 B7G509_PHATC	14 kDa	1	0	1	0	0	0	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43641 PE=4 SV=1	tr B7FS20 B7FS20_PHATC	91 kDa	0	2	0	0	1	2	1	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45451 PE=4 SV=1	tr B7FK11 B7FK11_PHATC	91 kDa	0	2	0	0	1	0	1	1	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12043 PE=4 SV=1	tr B7F7H7 B7F7H7_PHATC	29 kDa	0	1	0	0	0	2	1	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31866 PE=4 SV=1	tr B7FP18 B7FP18_PHATC	16 kDa	0	0	0	0	0	1	1	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31257 PE=3 SV=1	tr B7GEA7 B7GEA7_PHATC	39 kDa	0	0	0	1	0	1	0	1	0
Unknown decay protein for peptide #12541	Unknown #12541-DECOY (+4)	?	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45548 PE=4 SV=1	tr B7F212 B7F212_PHATC	66 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45808 PE=4 SV=1	tr B7FYR4 B7FYR4_PHATC	87 kDa	0	1	0	0	0	0	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12309 PE=4 SV=1	tr B7FYN8 B7FYN8_PHATC	16 kDa	0	0	0	1	0	0	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CDA1 PE=3 SV=1	tr B7FY31 B7FY31_PHATC	133 kDa	0	1	0	0	0	0	0	2	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48652 PE=4 SV=1	tr B7G803 B7G803_PHATC	104 kDa	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42689 PE=4 SV=1	tr B7FF70 B7FF70_PHATC	189 kDa	0	0	0	1	0	0	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48259 PE=4 SV=1	tr B7GG67 B7GG67_PHATC	64 kDa	0	0	1	0	0	1	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23388 PE=4 SV=1	tr B7G218 B7G218_PHATC	246 kDa	1	1	2	0	0	0	1	2	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_4209 PE=4 SV=1	tr B7FTV0 B7FTV0_PHATC	33 kDa	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44892 PE=4 SV=1	tr B7FW14 B7FW14_PHATC	80 kDa	0	1	0	1	0	1	0	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45515 PE=4 SV=1	tr B7F913 B7F913_PHATC	33 kDa	0	0	0	0	1	1	0	1	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_5132 PE=4 SV=1	tr B7GD59 B7GD59_PHATC	24 kDa	2	1	1	0	0	1	0	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43994 PE=4 SV=1	tr BSY507 BSY507_PHATC	104 kDa	0	0	0	1	1	1	0	1	0
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcL16 PE=4 SV=1	tr B7FV42 B7FV42_PHATC	22 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48316 PE=4 SV=1	tr B7GG63 B7GG63_PHATC (+1)	35 kDa	0	0	0	1	1	3	1	3	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46726 PE=4 SV=1	tr BSY111 BSY111_PHATC	146 kDa	0	0	0	1	1	0	1	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45393 PE=3 SV=1	tr B7FK18 B7FK18_PHATC	46 kDa	0	0	0	1	2	2	1	1	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SY8 PE=3 SV=1	tr BSY407 BSY407_PHATC	29 kDa	0	0	0	1	2	1	2	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44413 PE=4 SV=1	tr B7FU05 B7FU05_PHATC	18 kDa	0	0	0	1	0	1	0	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34590 PE=4 SV=1	tr B7FF97 B7FF97_PHATC	30 kDa	0	0	0	0	0	0	2	2	auch keine Hits bei GFP in Analyse 2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47913 PE=4 SV=1	tr B7G5C3 B7G5C3_PHATC	37 kDa	0	0	0	0	1	1	1	1	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15948 PE=4 SV=1	tr B7GAT6 B7GAT6_PHATC	28 kDa	0	2	0	0	0	1	1	0	0
Pyrophosphate-dependent phosphofructose kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PFK1 PE=4 SV=1	tr B7G418 B7G418_PHATC	62 kDa	0	3	0	0	0	0	0	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47657 PE=4 SV=1	tr B7G4F8 B7G4F8_PHATC	59 kDa	0	0	1	0	0	0	0	0	PTZ1 von Dr. Simone Stork, in Plasmamembran lokalisiert
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46949 PE=4 SV=1	tr BSY480 BSY480_PHATC	71 kDa	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Succinate dehydrogenase (ubiquinone) cytochrome b3 small subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46991 PE=3 SV=1	tr B7G228 B7G228_PHATC	17 kDa	0	2	0	0	1	0	1	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49748 PE=4 SV=1	tr B7GG50 B7GG50_PHATC	306 kDa	0	0	0	0	2	2	0	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_39711 PE=4 SV=1	tr B7G9E9 B7G9E9_PHATC	28 kDa	0	0	0	0	0	2	0	2	nur in Analyse 1
Dihydropolyl dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LDH PE=3 SV=1	tr B7FV43 B7FV43_PHATC	53 kDa	1	0	2	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43233 PE=4 SV=1	tr B7FR28 B7FR28_PHATC	54 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50425 PE=4 SV=1	tr B7G291 B7G291_PHATC	51 kDa	0	2	0	0	0	1	0	1	0
Capline 1 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPNE16 PE=4 SV=1	tr B7FSV2 B7FSV2_PHATC	51 kDa	0	3	0	0	1	1	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49738 PE=4 SV=1	tr B7GB07 B7GB07_PHATC	61 kDa	0	2	0	0	0	0	2	0	0
Keratin, type II cuticular Hb4 OS=Homo sapiens GN=KRT84 PE=5 SV=2	sp Q9NSB2 KRT84_CON-HUMAN	65 kDa	0	0	2	8	0	0	0	0	0
Nad-dependent epimerase/dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_41531 PE=4 SV=1	tr B7G6E7 B7G6E7_PHATC	57 kDa	0	3	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46394 PE=4 SV=1	tr B7G5C3 B7G5C3_PHATC	31 kDa	0	2	0	0	0	1	1	1	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_10848 PE=4 SV=1	tr B7FLN0 B7FLN0_PHATC	29 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49469 PE=4 SV=1	tr B7GAP7 B7GAP7_PHATC	58 kDa	0	0	0	0	1	1	1	1	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_7208 PE=4 SV=1	tr B7FYE0 B7FYE0_PHATC	13 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43671 PE=3 SV=1	tr B7FT25 B7FT25_PHATC	21 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35240 PE=3 SV=1	tr B7FK15 B7FK15_PHATC	75 kDa	0	4	1	0	0	0	0	0	0
Aldohyde dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31904 PE=4 SV=1	tr B7FP97 B7FP97_PHATC	61 kDa	0	5	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16786 PE=3 SV=1	tr B7GDN1 B7GDN1_PHATC	82 kDa	0	5	0	0	0	0	0	0	0
40S ribosomal protein S4 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_37324 PE=3 SV=1	tr B7FV31 B7FV31_PHATC	29 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0	0
3-oxoacyl-acyl-carrier-protein synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FAB8 PE=3 SV=1	tr B7GCM0 B7GCM0_PHATC	45 kDa	0	4	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48245 PE=4 SV=1	tr B7GGH1 B7GGH1_PHATC	112 kDa	0	3	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HFM2 PE=3 SV=1	tr B7FS81 B7FS81_PHATC	45 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=chim PE=4 SV=1	tr B7FT08 B7FT08_PHATC	28 kDa	0	4	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48676 PE=4 SV=1	tr B7G829 B7G829_PHATC	533 kDa	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Acetyl-coenzyme A synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_22974 PE=3 SV=1	tr B7G9F0 B7G9F0_PHATC	74 kDa	0	3	0	0	0	0	0	0	0
Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12233 PE=4 SV=1	tr B7F787 B7F787_PHATC	20 kDa	0	3	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47011 PE=4 SV=1	tr B7GG66 B7GG66_PHATC	146 kDa	0	4	0	0	0	0	2	2	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49253 PE=4 SV=1	tr B7GA01 B7GA01_PHATC	61 kDa	0	4	0	0	0	0	0	0	0
Biogenesis-IRTS	Biogenesis IRT_KR_WR_fusion	14 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1-hydroxy-2-methyl-2-[E]-butenyl-4-diphosphate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HDS PE=3 SV=1	tr B7FV10 B7FV10_PHATC	83 kDa	0	5	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_2097 PE=3 SV=1	tr B7F256 B7F256_PHATC	60 kDa	0	5	0	0	0	0	0		

Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_3120 PE=4 SV=1	tr B7FG87 B7FG87_PHATC	26 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Methylmalonyl-CoA mutase OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_51830 PE=4 SV=1	tr B7FX73 B7FX73_PHATC	79 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=hLc1 PE=4 SV=1	tr B7FW45 B7FW45_PHATC	21 kDa	0	10	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_28219 PE=3 SV=1	tr BSY353 BSY353_PHATC	49 kDa	0	3	0	0	0	0	0	1
Transport protein SecE1 alpha subunit OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=SecE1alpha PE=3 SV=1	tr B7GD39 B7GD39_PHATC	62 kDa	0	1	0	0	0	0	0	ERAD Channel
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=SybF PE=3 SV=1	tr B7G495 B7G495_PHATC	22 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Alanine glyoxylate aminotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_49601 PE=4 SV=1	tr B7G864 B7G864_PHATC	51 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
3S ribosomal protein S14, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=ps14 PE=3 SV=1	sp A07083 RK24_PHATC	12 kDa	2	0	1	2	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PEPC2A_2 PE=3 SV=1	tr B7GT25 B7GT25_PHATC	90 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_15709 PE=4 SV=1	tr B7G989 B7G989_PHATC	12 kDa	0	1	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_49122 PE=4 SV=1	tr B7G9K1 B7G9K1_PHATC	118 kDa	0	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_43225 PE=4 SV=1	tr B7FR19 B7FR19_PHATC	31 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_54526 PE=4 SV=1	tr B7G0E9 B7G0E9_PHATC	94 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_44821 PE=4 SV=1	tr B7F9B9 B7F9B9_PHATC	48 kDa	0	0	0	0	0	0	0	Hits bei GFP in Analyse 2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_50570 PE=4 SV=1	tr B7GE17 B7GE17_PHATC	70 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Dihydroorotate dehydrogenase (quinone), mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_48900 PE=3 SV=1	tr B7G5S8 B7G5S8_PHATC	51 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_45117 PE=4 SV=1	tr B7FWI5 B7FWI5_PHATC	31 kDa	0	0	0	0	0	0	0	3 nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_13761 PE=4 SV=1	tr B7FX58 B7FX58_PHATC	79 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_29967 PE=4 SV=1	tr B7G6T5 B7G6T5_PHATC	95 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_29309 PE=4 SV=1	tr B7G5Z3 B7G5Z3_PHATC	95 kDa	0	3	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_46698 PE=4 SV=1	tr BSY3H9 BSY3H9_PHATC	52 kDa	0	0	0	0	0	3	0	nur in Analyse 1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_43249 PE=3 SV=1	tr B7FR48 B7FR48_PHATC	34 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0
Triosephosphate isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=TIM_1 PE=3 SV=1	tr B7G3C1 B7G3C1_PHATC	29 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Keratin, type I cytoskeletal 2 oral OS=Homo sapiens GN=KR776 PE=1 SV=2	sp Q05456 K220_CON-HUMAN	65 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Muts-like protein 4 OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=MSH4 PE=4 SV=1	tr B7FYF7 B7FYF7_PHATC	130 kDa	0	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_48959 PE=4 SV=1	tr B7G909 B7G909_PHATC	171 kDa	0	3	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_41778 PE=3 SV=1	tr BSY4I5 BSY4I5_PHATC	31 kDa	0	4	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_10757 PE=3 SV=1	tr B7FXK7 B7FXK7_PHATC	37 kDa	0	3	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_13154 PE=4 SV=1	tr B7G1S5 B7G1S5_PHATC	95 kDa	0	4	0	0	0	0	0	0
Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47027 PE=3 SV=1	tr B7G274 B7G274_PHATC	44 kDa	0	4	0	0	0	0	0	0
Synthase of glutamate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=GLD PE=4 SV=1	tr B7FZB0 B7FZB0_PHATC	65 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_45590 PE=4 SV=1	tr B7FY70 B7FY70_PHATC	82 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_43123 PE=4 SV=1	tr B7FQZ2 B7FQZ2_PHATC	15 kDa	0	0	0	1	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47627 PE=4 SV=1	tr B7G4B6 B7G4B6_PHATC	15 kDa	0	0	0	1	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_17555 PE=3 SV=1	tr B7FPN9 B7FPN9_PHATC	29 kDa	0	1	0	0	0	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_41701 PE=4 SV=1	tr B7FQI0 B7FQI0_PHATC	21 kDa	0	1	0	0	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47737 PE=4 SV=1	tr B7G4Q6 B7G4Q6_PHATC	41 kDa	0	1	0	0	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_15683 PE=4 SV=1	tr B7G998 B7G998_PHATC	27 kDa	0	1	0	1	0	1	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_49017 PE=4 SV=1	tr B7G5A2 B7G5A2_PHATC	23 kDa	0	4	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_42794 PE=4 SV=1	tr B7FPK1 B7FPK1_PHATC	51 kDa	0	0	1	0	0	1	1	signifikante Hits nur bei Analyse 2 (2 bei magnetic beads)
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_50226 PE=4 SV=1	tr B7GD06 B7GD06_PHATC	22 kDa	0	0	0	1	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_48308 PE=4 SV=1	tr B7G6P5 B7G6P5_PHATC	82 kDa	0	1	1	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_32316 PE=4 SV=1	tr B7FQU1 B7FQU1_PHATC	14 kDa	0	1	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_35030 PE=4 SV=1	tr B7F7E3 B7F7E3_PHATC	15 kDa	0	0	0	1	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_11151 PE=3 SV=1	tr B7FVC5 B7FVC5_PHATC	32 kDa	0	1	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_46670 PE=4 SV=1	tr BSY3E3 BSY3E3_PHATC	51 kDa	1	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_50045 PE=4 SV=1	tr B7GCR0 B7GCR0_PHATC	77 kDa	0	1	0	1	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_31073 PE=4 SV=1	tr B7G0N5 B7G0N5_PHATC	21 kDa	1	1	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_15623 PE=3 SV=1	tr B7G5R1 B7G5R1_PHATC	15 kDa	0	0	0	1	0	1	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_42768 PE=4 SV=1	tr B7FPH3 B7FPH3_PHATC	65 kDa	0	1	0	0	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_33198 PE=4 SV=1	tr BSY4M0 BSY4M0_PHATC	24 kDa	1	1	0	0	1	0	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_18524 PE=3 SV=1	tr BSY4B6 BSY4B6_PHATC	87 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Chromatin remodeling-related protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_54092 PE=4 SV=1	tr B7F5A6 B7F5A6_PHATC	72 kDa	0	1	1	0	0	0	1	1
3S ribosomal protein S15 OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=ps15 PE=3 SV=1	tr B7FR18 B7FR18_PHATC	5 kDa	1	1	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_50123 PE=4 SV=1	tr B7GD14 B7GD14_PHATC	58 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_36903 PE=4 SV=1	tr BSY3Z8 BSY3Z8_PHATC	16 kDa	0	0	1	1	0	1	0	0
Phosphatidate cytidyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47250 PE=3 SV=1	tr B7G3Q8 B7G3Q8_PHATC	64 kDa	0	0	0	1	1	1	1	1
Thioredoxin OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=Trx-h1 PE=3 SV=1	tr B7G0C9 B7G0C9_PHATC	12 kDa	0	0	0	0	0	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47705 PE=4 SV=1	tr B7G4L6 B7G4L6_PHATC	91 kDa	0	0	0	0	1	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_38107 PE=4 SV=1	tr B7G4Y2 B7G4Y2_PHATC	25 kDa	0	0	0	0	1	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_49212 PE=4 SV=1	tr B7G9U8 B7G9U8_PHATC	62 kDa	0	1	0	0	0	1	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47858 PE=4 SV=1	tr B7G5S8 B7G5S8_PHATC	14 kDa	0	1	0	0	1	1	1	1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_44427 PE=4 SV=1	tr B7FU25 B7FU25_PHATC	35 kDa	1	0	1	1	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_48938 PE=4 SV=1	tr B7G8V0 B7G8V0_PHATC	30 kDa	0	1	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47730 PE=4 SV=1	tr B7G4P6 B7G4P6_PHATC	118 kDa	0	0	0	1	1	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47784 PE=4 SV=1	tr B7G4W5 B7G4W5_PHATC	143 kDa	0	0	0	1	0	1	0	1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_14096 PE=4 SV=1	tr B7G3E3 B7G3E3_PHATC	8 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Proteasome subunit alpha type OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_28202 PE=3 SV=1	tr BSY3Q6 BSY3Q6_PHATC	27 kDa	3	0	0	3	1	0	0	alpha520S proteasomal subunit, host protein
1-imino-cyclopropane-1-carboxylate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_19699 PE=4 SV=1	tr B7FW44 B7FW44_PHATC	56 kDa	1	1	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=RF2C PE=4 SV=1	tr B7F9R4 B7F9R4_PHATC	38 kDa	0	0	0	0	0	0	0	2
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47432 PE=4 SV=1	tr B7G3C9 B7G3C9_PHATC	31 kDa	0	1	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_47829 PE=4 SV=1	tr B7G5Z3 B7G5Z3_PHATC	53 kDa	0	0	0	0	0	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_50456 PE=4 SV=1	tr B7G6E3 B7G6E3_PHATC	37 kDa	0	0	0	1	0	0	0	0
Photostress II protein 1 OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=psII-A PE=3 SV=1	sp A07060 PSIIA_PHATC	4 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_45136 PE=3 SV=1	tr B7G0Z9 B7G0Z9_PHATC	45 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Adenylhomocysteine OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_18319 PE=3 SV=1	tr B7FT14 B7FT14_PHATC	52 kDa	0	1	1	0	0	0	0	0
CuL1 protein 1 OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=CUL1_3 PE=3 SV=1	tr B7G601 B7G601_PHATC	85 kDa	0	0	0	0	1	1	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_21829 PE=3 SV=1	tr B7G4H5 B7G4H5_PHATC	30 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_54197 PE=4 SV=1	tr BSY3F3 BSY3F3_PHATC	38 kDa	0	0	0	1	1	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_37733 PE=3 SV=1	tr B7G6Z3 B7G6Z3_PHATC	13 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_29340 PE=3 SV=1	tr B7G630 B7G630_PHATC	55 kDa	0	0	0	1	1	1	0	0
50S ribosomal protein L20, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=rpL20 PE=3 SV=1	sp A070F6 RK20_PHATC	13 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRA_10567 PE=3 SV=1	tr BSY4W1 BSY4W1_PHATC	31 kDa	1	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_48984 PE=4 SV=1	tr B7G936 B7G936_PHATC	70 kDa	0	1	1	0	0	0	0	0
50S ribosomal protein L24, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=psL24 PE=3 SV=1	sp A070A0 RK24_PHATC	9 kDa	0	0	0	0	0	0	1	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_37840 PE=4 SV=1	tr B7G470 B7G470_PHATC	26 kDa	1	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=Ufd1 PE=4 SV=1	tr B7GA75 B7GA75_PHATC	37 kDa	0	0	0	0	5	3	0	SELMA: PPC
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_50296 PE=4 SV=1	tr B7GD18 B7GD18_PHATC	58 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_14802 PE=4 SV=1	tr B7G6A0 B7G6A0_PHATC	12 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_33907 PE=4 SV=1	tr B7F7J2 B7F7J2_PHATC	15 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum [strain CCAP 1055/1] GN=PHATRDRAFT_46173 PE=4 SV=1	tr B7G0A6 B7G0A6_PHATC	51 kDa	0	0						

Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46687 PE=4 SV=1	t B5Y3G4 B5Y3G4_PHATC	69 kDa	0	0	0	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44725 PE=4 SV=1	t B7FV00 B7FV00_PHATC	18 kDa	0	0	0	0	1	1	signifikante Hits nur bei Analyse 2 (2 bei Agarosebeads)
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49414 PE=4 SV=1	t B7G5M4 B7G5M4_PHATC	75 kDa	0	0	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45029 PE=4 SV=1	t B7FV4C B7FV4C_PHATC	78 kDa	0	0	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34157 PE=4 SV=1	t B7FUW4 B7FUW4_PHATC	40 kDa	0	0	0	1	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31367 PE=4 SV=1	t B7GEN5 B7GEN5_PHATC	89 kDa	0	1	0	0	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44401 PE=4 SV=1	t B7FTT2 B7FTT2_PHATC	31 kDa	0	1	0	0	0	0	
3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40988 PE=3 SV=1	t B7G2C6 B7G2C6_PHATC	39 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48436 PE=4 SV=1	t B7G746 B7G746_PHATC	36 kDa	1	1	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1340 PE=4 SV=1	t B7S4B3 B7S4B3_PHATC	15 kDa	0	1	0	0	0	1	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43232 PE=4 SV=1	t B7FR27 B7FR27_PHATC	60 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42538 PE=3 SV=1	t B7FRM9 B7FRM9_PHATC	32 kDa	0	1	0	0	0	0	
Transmembrane 9 superfamily member (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13662 PE=3 SV=1	t B7G2V6 B7G2V6_PHATC	66 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP4bta PE=4 SV=1	t B7G374 B7G374_PHATC	88 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49056 PE=4 SV=1	t B7G9C6 B7G9C6_PHATC	55 kDa	0	1	0	0	0	0	
ADP-ATP carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NTT1 PE=3 SV=1	t B7GA8X B7GA8X_PHATC	66 kDa	0	1	0	0	0	0	
Fructose-bisphosphate aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FbaC5 PE=3 SV=1	t B7GE67 B7GE67_PHATC	43 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43657 PE=3 SV=1	t B7FT10 B7FT10_PHATC	45 kDa	0	0	0	1	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31882 PE=4 SV=1	t B7FRF4 B7FRF4_PHATC	21 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48726 PE=4 SV=1	t B7G8S8 B7G8S8_PHATC	88 kDa	0	0	1	0	0	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd192 PE=4 SV=1	t B7S410 B7S410_PHATC	19 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_8860 PE=4 SV=1	t B7FO91 B7FO91_PHATC	58 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45127 PE=4 SV=1	t B7PQ26 B7PQ26_PHATC	34 kDa	0	1	0	0	0	0	Protein aus RN PAGE, lokalisiert
Oxidoreductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11487 PE=4 SV=1	t B7FR91 B7FR91_PHATC	24 kDa	0	1	0	0	0	0	
S0S ribosomal protein L18, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp18 PE=3 SV=1	sp A0T041 RK18_PHATC	15 kDa	0	1	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44949 PE=4 SV=1	t B7FW76 B7FW76_PHATC	97 kDa	0	1	0	0	0	0	
Mitotic cohesin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44595 PE=4 SV=1	t B7FLJM0 B7FLJM0_PHATC	73 kDa	0	0	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43900 PE=4 SV=1	t B5Y3Q1 B5Y3Q1_PHATC	94 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35532 PE=4 SV=1	t B7FR99 B7FR99_PHATC	21 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11288 PE=4 SV=1	t B7FV16 B7FV16_PHATC	39 kDa	0	0	0	1	0	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_8132 PE=4 SV=1	t B5Y3M4 B5Y3M4_PHATC	12 kDa	0	1	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44712 PE=4 SV=1	t B7FV03 B7FV03_PHATC	29 kDa	0	1	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34799 PE=4 SV=1	t B7FW04 B7FW04_PHATC	25 kDa	0	0	0	1	1	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48237 PE=4 SV=1	t B7G6G1 B7G6G1_PHATC	21 kDa	0	1	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50535 PE=4 SV=1	t B7G6E8 B7G6E8_PHATC	39 kDa	0	1	1	0	0	0	
Cytosolic Fe-S cluster assembly factor NUBP1 homolog OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_19821 PE=3 SV=1	t B7FK00 B7FK00_PHATC	39 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_38878 PE=4 SV=1	t B7G734 B7G734_PHATC	24 kDa	0	0	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43658 PE=4 SV=1	t B7FT11 B7FT11_PHATC	37 kDa	0	1	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43443 PE=4 SV=1	t B7FS92 B7FS92_PHATC	18 kDa	1	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_39714 PE=4 SV=1	t B7G9F1 B7G9F1_PHATC	58 kDa	0	0	0	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42735 PE=4 SV=1	t B7FP07 B7FP07_PHATC	87 kDa	0	0	0	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43133 PE=4 SV=1	t B7FOR3 B7FOR3_PHATC	53 kDa	0	1	0	1	0	0	
Keratin, type II cytoskeletal 1 OS=Mus musculus (GN=Krl1 PE=1 SV=4)	sp P0A104 K1C1_C0M-MOUSE	66 kDa	56	0	48	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44072 PE=4 SV=1	t B5Y395 B5Y395_PHATC	41 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46872 PE=4 SV=1	t B5Y419 B5Y419_PHATC	71 kDa	0	0	0	1	0	0	
6-phosphogluconolactonase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_38631 PE=4 SV=1	t B7G6E5 B7G6E5_PHATC	29 kDa	0	0	0	0	1	1	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34683 PE=4 SV=1	t B7FW09 B7FW09_PHATC	14 kDa	1	0	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13395 PE=4 SV=1	t B5Y436 B5Y436_PHATC	17 kDa	0	0	0	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_4864 PE=4 SV=1	t B7G3B1 B7G3B1_PHATC	31 kDa	0	1	1	0	0	0	
Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_1129 PE=3 SV=1	t B7G655 B7G655_PHATC	62 kDa	0	1	0	0	0	0	
Phosphoglucomutase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PGM_2 PE=4 SV=1	t B7GD07 B7GD07_PHATC	71 kDa	1	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46343 PE=4 SV=1	t B7G0W5 B7G0W5_PHATC	19 kDa	0	0	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48302 PE=4 SV=1	t B7G0N9 B7G0N9_PHATC	61 kDa	0	1	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31439 PE=4 SV=1	t B7FR43 B7FR43_PHATC	35 kDa	0	1	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46600 PE=4 SV=1	t B7G177 B7G177_PHATC	51 kDa	0	0	0	0	1	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43175 PE=4 SV=1	t B7FQW2 B7FQW2_PHATC	20 kDa	0	0	0	0	1	1	
S0S ribosomal protein L5, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp15 PE=3 SV=1	sp A0T011 RK5_PHATC	28 kDa	0	1	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34120 PE=4 SV=1	t B7FV59 B7FV59_PHATC	27 kDa	0	1	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_22279 PE=3 SV=1	t B7G6E4 B7G6E4_PHATC	33 kDa	0	1	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45226 PE=4 SV=1	t B7FW09 B7FW09_PHATC	25 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50388 PE=4 SV=1	t B7GDV7 B7GDV7_PHATC	39 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12140 PE=4 SV=1	t B7FY83 B7FY83_PHATC	34 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36721 PE=4 SV=1	t B5Y3H7 B5Y3H7_PHATC	37 kDa	0	1	0	0	0	0	
Beta-glucosidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45073 PE=3 SV=1	t B7FR15 B7FR15_PHATC	106 kDa	0	0	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49248 PE=4 SV=1	t B7G5Z5 B7G5Z5_PHATC	34 kDa	0	0	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11830 PE=4 SV=1	t B7FWX7 B7FWX7_PHATC	0 kDa	0	0	0	1	1	0	
Transmembrane 9 superfamily member (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RabX1 PE=3 SV=1	t B7G0A0 B7G0A0_PHATC	70 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35136 PE=4 SV=1	t B7FK06 B7FK06_PHATC	15 kDa	0	0	0	1	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48282 PE=4 SV=1	t B7FRP7 B7FRP7_PHATC	55 kDa	0	0	0	1	0	0	
Chaperone, dnaJ-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp94C PE=4 SV=1	t B7FX28 B7FX28_PHATC	46 kDa	0	1	1	0	0	0	Cn-Chaperone
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49871 PE=4 SV=1	t B7G5O0 B7G5O0_PHATC	12 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47336 PE=4 SV=1	t B7G300 B7G300_PHATC	42 kDa	0	1	1	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_38073 PE=4 SV=1	t B7G4V6 B7G4V6_PHATC	36 kDa	0	0	1	1	0	0	
Tryptophan synthase, beta chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TRP PE=3 SV=1	t B7G4U3 B7G4U3_PHATC	47 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_4025 PE=4 SV=1	t B7FR18 B7FR18_PHATC	30 kDa	0	1	0	0	0	0	
TiC55 component of chloroplast import machinery OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TiC55 PE=4 SV=1	t B7G6P3 B7G6P3_PHATC	57 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23547 PE=3 SV=1	t B7G2C1 B7G2C1_PHATC	54 kDa	0	1	0	0	0	0	
Triosephosphate isomerase/glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TPi/Gap3C D=3 SV=1	t B7FS13 B7FS13_PHATC	65 kDa	0	5	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47023 PE=4 SV=1	t B7G209 B7G209_PHATC	42 kDa	0	0	0	0	1	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_7018 PE=4 SV=1	t B7G143 B7G143_PHATC	25 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35513 PE=4 SV=1	t B7FZM3 B7FZM3_PHATC	25 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42307 PE=4 SV=1	t B7GB16 B7GB16_PHATC	49 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40659 PE=4 SV=1	t B7G2C5 B7G2C5_PHATC	36 kDa	0	0	0	0	0	0	
Succinate semialdehyde dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SDH PE=3 SV=1	t B7FN18 B7FN18_PHATC	51 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1695 PE=4 SV=1	t B7S465 B7S465_PHATC	11 kDa	0	0	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47890 PE=4 SV=1	t B7G596 B7G596_PHATC	46 kDa	0	0	0	0	0	1	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51174 PE=4 SV=1	t B7G8V2 B7G8V2_PHATC	70 kDa	0	1	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45689 PE=4 SV=1	t B7FYI4 B7FYI4_PHATC	75 kDa	0	0	0	0	0	0	
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48395 PE=4 SV=1	t B7FTV5 B7FTV5_PHATC	35 kDa	0	0	0	0	0	0	
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44242 PE=4 SV=1	t B5Y3U4 B5Y3U4_PHATC	97 kDa	0	0	0	0	0	1	

Serine/threonine-protein phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50645 PE=3 Sv=1	tr B7FR1 B7FR1_PHATC	37 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
3-hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HAD2 PE=4 Sv=1	tr B7G9C0 B7G9C0_PHATC	36 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45204 PE=5 Sv=1	tr B7FR5 B7FR5_PHATC	50 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34493 PE=4 Sv=1	tr B7FW70 B7FW70_PHATC	50 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_17885 PE=3 Sv=1	tr B7FQV9 B7FQV9_PHATC	8 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50328 PE=4 Sv=1	tr B7GD00 B7GD00_PHATC	40 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_38280 PE=4 Sv=1	tr B7G5F7 B7G5F7_PHATC	23 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47938 PE=4 Sv=1	tr B7G5C7 B7G5C7_PHATC	20 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46537 PE=4 Sv=1	tr B7G1K1 B7G1K1_PHATC	22 kDa	0	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_b0289 PE=4 Sv=1	tr B7S313 B7S313_PHATC	16 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33342 PE=4 Sv=1	tr B5Y512 B5Y512_PHATC	42 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Diaminopimelate decarboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_21592 PE=3 Sv=1	tr B7G3A2 B7G3A2_PHATC	51 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_36033 PE=4 Sv=1	tr B7G6B2 B7G6B2_PHATC	427 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47241 PE=4 Sv=1	tr B7G2M3 B7G2M3_PHATC	43 kDa	0	2	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47412 PE=4 Sv=1	tr B7G3A5 B7G3A5_PHATC-DECOY	?	0	2	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44878 PE=4 Sv=1	tr B7FV20 B7FV20_PHATC	200 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42578 PE=4 Sv=1	tr B7FN77 B7FN77_PHATC	15 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43460 PE=4 Sv=1	tr B7F549 B7F549_PHATC	56 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_33746 PE=4 Sv=1	tr B7F753 B7F753_PHATC	78 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34514 PE=4 Sv=1	tr B7FV19 B7FV19_PHATC	32 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34418 PE=4 Sv=1	tr B7FV26 B7FV26_PHATC	14 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45123 PE=4 Sv=1	tr B7FWJ2 B7FWJ2_PHATC	24 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45356 PE=4 Sv=1	tr B7F3E3 B7F3E3_PHATC	53 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45954 PE=4 Sv=1	tr B7F299 B7F299_PHATC	114 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45715 PE=4 Sv=1	tr B7F291 B7F291_PHATC (+1)	76 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47033 PE=4 Sv=1	tr B7G282 B7G282_PHATC	36 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47263 PE=4 Sv=1	tr B7G355 B7G355_PHATC	46 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47803 PE=4 Sv=1	tr B7G4V6 B7G4V6_PHATC	21 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16065 PE=4 Sv=1	tr B7G6B6 B7G6B6_PHATC	20 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50127 PE=4 Sv=1	tr B7GD20 B7GD20_PHATC	30 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42469 PE=4 Sv=1	tr B7FRE7 B7FRE7_PHATC	21 kDa	0	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_33045 PE=4 Sv=1	tr B7FTD0 B7FTD0_PHATC	19 kDa	0	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44715 PE=4 Sv=1	tr B7FV05 B7FV05_PHATC	87 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46463 PE=4 Sv=1	tr B7G1D9 B7G1D9_PHATC	44 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48415 PE=4 Sv=1	tr B7G719 B7G719_PHATC	138 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48519 PE=4 Sv=1	tr B7G713 B7G713_PHATC	107 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_13791 PE=3 Sv=1	tr B7G276 B7G276_PHATC	26 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47085 PE=4 Sv=1	tr B7G2E1 B7G2E1_PHATC	25 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37232 PE=4 Sv=1	tr B7G201 B7G201_PHATC	114 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_13864 PE=4 Sv=1	tr B7G3K5 B7G3K5_PHATC	11 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PGK PE=3 Sv=1	tr B7G938 B7G938_PHATC	47 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Uridine kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10398 PE=3 Sv=1	tr B5Y558 B5Y558_PHATC	24 kDa	1	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_b0111 PE=3 Sv=1	tr B7P410 B7P410_PHATC	14 kDa	1	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_12244 PE=3 Sv=1	tr B5Y491 B5Y491_PHATC	28 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10306 PE=4 Sv=1	tr B5Y400 B5Y400_PHATC	28 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18533 PE=4 Sv=1	tr B5Y4T0 B5Y4T0_PHATC	20 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_50770 PE=3 Sv=1	tr B5Y5A4 B5Y5A4_PHATC	60 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44202 PE=3 Sv=1	tr B5Y5P1 B5Y5P1_PHATC	15 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12372 PE=4 Sv=1	tr B7F931 B7F931_PHATC	16 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31963 PE=4 Sv=1	tr B7F912 B7F912_PHATC	28 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1050/1) GN=PHATRDRRAFT_44298 PE=4 Sv=1	tr B7FTM0 B7FTM0_PHATC	189 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
V-type proton ATPase subunit C OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_55482 PE=3 Sv=1	tr B7FT57 B7FT57_PHATC	50 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
3-hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HAD1 PE=3 Sv=1	tr B7FV18 B7FV18_PHATC	27 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26809 PE=3 Sv=1	tr B7F9H5 B7F9H5_PHATC	55 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12172 PE=4 Sv=1	tr B7FXN4 B7FXN4_PHATC	17 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45773 PE=3 Sv=1	tr B7FZ54 B7FZ54_PHATC	35 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Electron carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_6444 PE=4 Sv=1	tr B7G188 B7G188_PHATC	89 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47022 PE=4 Sv=1	tr B7G268 B7G268_PHATC	26 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Delta-3,5-delta-2,4-dienoyl-CoA isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HDI PE=4 Sv=1	tr B7G214 B7G214_PHATC	31 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37579 PE=4 Sv=1	tr B7G3K2 B7G3K2_PHATC	39 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1050/1) GN=PHATRDRRAFT_21667 PE=4 Sv=1	tr B7G310 B7G310_PHATC	109 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Proliferating cell nuclear antigen OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PCNA PE=3 Sv=1	tr B7G5K3 B7G5K3_PHATC	29 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48112 PE=4 Sv=1	tr B7G610 B7G610_PHATC	42 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15479 PE=3 Sv=1	tr B7G8M4 B7G8M4_PHATC	37 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49399 PE=4 Sv=1	tr B7G6A7 B7G6A7_PHATC	18 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49829 PE=4 Sv=1	tr B7G8M0 B7G8M0_PHATC	27 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16243 PE=4 Sv=1	tr B7G8Q0 B7G8Q0_PHATC	10 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49779 PE=4 Sv=1	tr B7G8V5 B7G8V5_PHATC	40 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16182 PE=3 Sv=1	tr B7G8W5 B7G8W5_PHATC	55 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_30967 PE=4 Sv=1	tr B7G8A1 B7G8A1_PHATC (+1)	15 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50235 PE=4 Sv=1	tr B7GDE5 B7GDE5_PHATC	33 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41409 PE=4 Sv=1	tr B7GES4 B7GES4_PHATC	164 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16944 PE=4 Sv=1	tr B7GES5 B7GES5_PHATC	49 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50218 PE=4 Sv=1	tr B7G3M0 B7G3M0_PHATC	13 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_b0138 PE=4 Sv=1	tr B7G5V6 B7G5V6_PHATC	31 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_b0552 PE=3 Sv=1	tr B7S469 B7S469_PHATC	64 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44788 PE=4 Sv=1	tr B7FV81 B7FV81_PHATC	107 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MemB11 PE=4 Sv=1	tr B5Y455 B5Y455_PHATC	24 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_8741 PE=4 Sv=1	tr B7F972 B7F972_PHATC	11 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44549 PE=4 Sv=1	tr B7F691 B7F691_PHATC	48 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47861 PE=4 Sv=1	tr B7G561 B7G561_PHATC	133 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34457 PE=4 Sv=1	tr B7FV35 B7FV35_PHATC	117 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16704 PE=4 Sv=1	tr B7GDD7 B7GDD7_PHATC	117 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Enoyl-acyl reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FAB1 PE=4 Sv=1	tr B7F972 B7F972_PHATC	33 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Keratin, type I cytoskeletal 7 OS=Haloquadratum walsbyi (strain CCAP 1055/1) GN=K7 PE=1 Sv=1	sp Q5DQV7 K7_CK7_CON-MOUSE	51 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Nad-dependent epimerase/delhydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45434 PE=4 Sv=1	tr B7FXN9 B7FXN9_PHATC	41 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42930 PE=3 Sv=1	tr B7FQ23 B7FQ23_PHATC	34 kDa	0	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44546 PE=4 Sv=1	tr B7FUG6 B7FUG6_PHATC	35 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47815 PE=4 Sv=1	tr B7G506 B7G506_PHATC	61 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_11741 PE=4 Sv=1	tr B7FV49 B7FV49_PHATC	48 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47758 PE=4 Sv=1	tr B7G4T0 B7G4T0_PHATC	42 kDa	0	1	0	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43746 PE=4 Sv=1	tr B7FT86 B7FT86_PHATC	108 kDa	0	0	0	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10319 PE=										

Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56630 PE=3 SV=1	tr B7F523 B7F523_PHATC	63 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=nyoA4 PE=4 SV=1	tr B7FVW7 B7FVW7_PHATC	99 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47235 PE=4 SV=1	tr B7G210 B7G210_PHATC	24 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44370 PE=4 SV=1	tr B7FTW0 B7FTW0_PHATC	35 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Aspartate transaminase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AAT_1 PE=4 SV=1	tr B7G9V7 B7G9V7_PHATC	47 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44465 PE=4 SV=1	tr B7FU75 B7FU75_PHATC	146 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP4mu PE=3 SV=1	tr B7FX50 B7FX50_PHATC	53 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54765 PE=4 SV=1	tr B7G487 B7G487_PHATC	44 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44036 PE=4 SV=1	tr B7FW60 B7FW60_PHATC	43 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32099 PE=4 SV=1	tr B7FG75 B7FG75_PHATC	37 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56623 PE=3 SV=1	tr B7FW11 B7FW11_PHATC	55 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Glutaredoxin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GLRX2 PE=4 SV=1	tr B7G7X2 B7G7X2_PHATC	21 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43270 PE=4 SV=1	tr B7FF70 B7FF70_PHATC	35 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47745 PE=4 SV=1	tr B7G485 B7G485_PHATC	58 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48361 PE=3 SV=1	tr B7G6V6 B7G6V6_PHATC	49 kDa	0	0	0	0	0	0	2
Adenylosuccinate synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26256 PE=3 SV=1	spi B7FUM7 PURA_PHATC	57 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Phytoene synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PSY PE=4 SV=1	tr B7FVW3 B7FVW3_PHATC	57 kDa	0	1	0	0	0	0	0
GriE protein homolog (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15032 PE=3 SV=1	tr B7G710 B7G710_PHATC	18 kDa	0	0	1	0	0	0	0
Nuclear pore protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47393 PE=3 SV=1	tr B7G383 B7G383_PHATC	91 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36880 PE=4 SV=1	tr BSY3X4 BSY3X4_PHATC	14 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43423 PE=4 SV=1	tr B7F569 B7F569_PHATC	200 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Diphosphomevalonate decarboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MPDC PE=3 SV=1	tr B7S422 B7S422_PHATC	45 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43143 PE=4 SV=1	tr B7F355 B7F355_PHATC	21 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41606 PE=4 SV=1	tr B7G6N6 B7G6N6_PHATC	22 kDa	0	0	0	0	1	0	0
Acyl-coenzyme A dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42907 PE=3 SV=1	tr B7FP26 B7FP26_PHATC	49 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45819 PE=4 SV=1	tr B7FY55 B7FY55_PHATC	29 kDa	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8445 PE=4 SV=1	tr B7FW81 B7FW81_PHATC	7 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54143 PE=4 SV=1	tr B7FFA4 B7FFA4_PHATC	187 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36006 PE=4 SV=1	tr B7G945 B7G945_PHATC (+2)	29 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30667 PE=3 SV=1	tr B7GC12 B7GC12_PHATC	10 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Translation initiation factor eIF-2gamma OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46479 PE=4 SV=1	tr B7G1D3 B7G1D3_PHATC	84 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35386 PE=4 SV=1	tr B7FYD2 B7FYD2_PHATC	24 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Proline dehydrogenase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_1155 PE=3 SV=1	tr BSY3W5 BSY3W5_PHATC	57 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30909 PE=4 SV=1	tr B7G500 B7G500_PHATC	38 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39419 PE=4 SV=1	tr B7G810 B7G810_PHATC	40 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Unknown decoy protein for peptide #15406	Unknown #15406-DECOY	?	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48404 PE=4 SV=1	tr B7G707 B7G707_PHATC	57 kDa	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44507 PE=4 SV=1	tr B7FUC6 B7FUC6_PHATC	15 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44691 PE=4 SV=1	tr B7F112 B7F112_PHATC	16 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Unknown decoy protein for peptide #15667	Unknown #15667-DECOY	?	0	0	0	0	1	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHC1 PE=4 SV=1	tr B7GD22 B7GD22_PHATC	455 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45605 PE=3 SV=1	tr B7FY87 B7FY87_PHATC	37 kDa	0	0	0	0	0	0	1
Proteasome subunit alpha type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19004 PE=3 SV=1	tr B7FU90 B7FU90_PHATC	27 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47233 PE=4 SV=1	tr B7G344 B7G344_PHATC	63 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44034 PE=4 SV=1	tr B7FW58 B7FW58_PHATC	13 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47843 PE=3 SV=1	tr B7G539 B7G539_PHATC	29 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, deviant OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24119 PE=4 SV=1	tr B7G680 B7G680_PHATC	26 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37949 PE=4 SV=1	tr B7G400 B7G400_PHATC	20 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37372 PE=4 SV=1	tr B7G2W7 B7G2W7_PHATC	31 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43228 PE=4 SV=1	tr B7FR22 B7FR22_PHATC	71 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Alanine-tRNA ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15186 PE=3 SV=1	tr B7G710 B7G710_PHATC	105 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Regulatory proteasome non-atpase subunit 11 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RPN11 PE=4 SV=1	tr B7FY88 B7FY88_PHATC	35 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=nyoA3 PE=4 SV=1	tr B7G2D7 B7G2D7_PHATC	116 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Proteasome beta subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51891 PE=4 SV=1	tr B7FU22 B7FU22_PHATC	24 kDa	0	1	0	0	0	0	0
Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32531 PE=4 SV=1	tr B7FRX3 B7FRX3_PHATC	20 kDa	0	2	0	0	0	0	0

**Digitaler Anhang D2__LC-MS Blue Native PAGE mit Fusionsprotein
BTSShsp70ΔReGFP**

ID	Kurzbeschreibung	Accession Number	Molecular Weight	CoIP_Sm-2.1	CoIP_Sm-2.1re	Gelbande 1	Gelbande 2	Gelbande 3	Gelbande 4	Gelbande 5	Gelbande 6	BN 04/06/18		BN 29/05/18			
												obere Bande 3a gepoolt		obere Bande 2x gepoolt		obere Bande 4x gepoolt	
												CoIP_Sm-2.1	CoIP_Sm-2.1re	CoIP_Sm-2.2	CoIP_Sm-2.3	CoIP_Sm-2.4	CoIP_Sm-2.5
1	Identified Proteins (1242)																
54686	0 Photosystem II CP47 reaction center protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psbB PE=3 SV=1	A0T0B2_PHATC	56 kDa	88	107	179	430	213	248	212							
	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_54686 PE=4 SV=1	B7G2A6_PHATC	137 kDa	163	197	345	145	298	101	110							
	0 Cytochrome f OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=pefA PE=3 SV=1	CYF_PHATC	34 kDa	138	159	327	36	261	173	156							
	0 Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1 OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psaA PE=3 SV=1	PSA1_PHATC	84 kDa	131	163	242	158	233	158	158							
	0 Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A2 OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psaB PE=3 SV=1	PSA2_PHATC	82 kDa	106	126	197	121	161	126	124							
55230	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_55230 PE=3 SV=1	B7G5S3_PHATC	81 kDa	71	63	125	107	120	80	59							
1	Mitochondria-targeted chaperonin OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=CPN60_1 PE=3 SV=1	B7FQZ7_PHATC	61 kDa	67	77	208	6	125	68	15							
45835	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45835 PE=4 SV=1	B7FYV4_PHATC	163 kDa	42	41	70	201	59	94	58							keine Ligation
bd1677	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1677 PE=4 SV=1	B7S437_PHATC	69 kDa	46	57	62	133	72	87	85							
46336	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46336 PE=4 SV=1	B7G0V7_PHATC	50 kDa	62	76	152	34	111	63	52							
	0 Photosystem I D2 protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psbD PE=3 SV=1	PSB2_PHATC	79 kDa	25	33	109	73	118	83	54							
	0 Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc4 PE=4 SV=1	B7FRW2_PHATC	21 kDa	40	40	66	80	63	104	69							
	0 Photosystem I ferredoxin-binding protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psaD PE=4 SV=1	A0T0B9_PHATC	16 kDa	38	58	98	11	79	58	60							
11014	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11014 PE=4 SV=1	B7FR16_PHATC	73 kDa	29	36	52	83	52	67	55							
	0 Photosystem I protein D1 OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psaA PE=4 SV=1	PSA1_PHATC	40 kDa	30	36	47	75	47	64	58							
13358	Cytochrome b6/f complex iron-sulfur subunit OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PSB30 PE=4 SV=1	B5Y93C_PHATC	19 kDa	45	54	84	4	75	47	47							
	0 Protein heat shock protein Hsp70 OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70A PE=3 SV=1	B7FG84_PHATC	71 kDa	37	34	66	71	57	53	39							Wirts-spezifisch
	0 Early-response-to-dehydration protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=ERD PE=4 SV=1	B7G8I8_PHATC	88 kDa	38	42	81			56	43							
	0 Photosystem II CP43 reaction center protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psbC PE=3 SV=1	A0T096_PHATC	52 kDa	25	25	74	28	71	56	50							
	0 Photosystem I reaction center subunit XI OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psbL PE=3 SV=1	PSAL_PHATC	16 kDa	35	42	76	16	57	50	50							
21183	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21183 PE=3 SV=1	B5Y440_PHATC	25 kDa	25	23	109	24	109	24	11							
26635	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_26635 PE=4 SV=1	B7FV45_PHATC	42 kDa	48	44	88	17	68	39	29							
	0 Photosystem I protein F OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psfA PE=4 SV=1	A0T0M1_PHATC	21 kDa	38	37	51	25	51	38	37							
24195	CPS III, carbamoyl-phosphate synthase mitochondrial OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_24195 PE=3 SV=1	B7FEG8_PHATC	161 kDa	35	22	54	57	49	33	20							
	0 ATP synthase subunit beta, chloroplastic OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1	ATPB_PHATC	52 kDa	10	9	25	167	23	58	22							
	0 ATP synthase subunit alpha OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=atpI PE=3 SV=1	B7G53Z_PHATC	55 kDa	28	26	60	75	58	44	28							
	0 Cytochrome b6 OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psbE PE=3 SV=1	CYB6_PHATC	24 kDa	30	31	65	7	54	31	29							
	0 ER luminal binding protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=BiP PE=3 SV=1	B7FUB7_PHATC	72 kDa	28	25	57		50	42	28							ID17633
	0 Cluster of Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcF5 PE=4 SV=1 [B7G8K7_PHATC]	B7G8K7_PHATC [3]	21 kDa	28	24	41	50	42	60	38							
	0 Acetyl-coa carboxylase OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=ACC1 PE=4 SV=1	B7G7S4_PHATC	230 kDa	28	21	51	52	41	24	11							
	0 Factor of Actin/actin protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=Act2 PE=3 SV=1 [B7G5CO_PHATC]	B7G5CO_PHATC [2]	24 kDa	25	24	45	40	43	22	24							
	0 Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcF10 PE=4 SV=1	B7G5B6_PHATC	21 kDa	26	26	44	46	43	51	37							
	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23629 PE=3 SV=1	B7GCD8_PHATC	106 kDa	19	18	31	46	25	47	32							
	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_1 PE=3 SV=1	B7FYP8_PHATC	73 kDa	25	16	41	50	34	31	23							ID17633
40433	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40433 PE=4 SV=1	B7G8F0_PHATC	63 kDa	16	16	18	57	30	55	36							
27877	Ammonium transport protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_27877 PE=3 SV=1	B7G0Y4_PHATC	105 kDa	22	19	43	31	23	11	11							
	0 GLNA, glutamine synthase OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=GLNA PE=3 SV=1	B7G6Q6_PHATC	80 kDa	25	22	44	40	36	23	15							
	0 Keratin, type II cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6	K2C1_CON-HUMAN	66 kDa	18	12	43	33	93	57	34							
16786	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16786 PE=3 SV=1	B7GDN1_PHATC	82 kDa	23	16	43	41	39	27	22							
	0 Heat shock protein Hsp90 OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP90 PE=3 SV=1	B7G6F7_PHATC	87 kDa	23	13	40	42	38	28	13							
50804	Cycloate oxidase OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50804 PE=3 SV=1	B7FUG8_PHATC	55 kDa	12	17	74	14	14	14	14							
	0 ATP synthase subunit alpha, chloroplastic OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=atpA PE=3 SV=1	ATPA_PHATC	55 kDa	14	10	24	123	23	43	18							
	0 Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT10 PE=1 SV=6	K1C10_CON-HUMAN	59 kDa	13	10	38	32	66	48	26							
	0 Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3	K1C9_CON-HUMAN	62 kDa	12	6	24	24	68	36	20							
	0 ATP synthase subunit beta OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1	B7F546_PHATC	54 kDa	10	19	39	49	39	30	29							
	0 Plasma membrane ATPase OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=ATP2A PE=3 SV=1	B7G5E3_PHATC	105 kDa	22	19	45	19	43	18	11							
43841	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43841 PE=4 SV=1	B5Y411_PHATC	41 kDa	22	18	33	41	33	19	9							
22873	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_22873 PE=3 SV=1	B7GBY4_PHATC	33 kDa	17	13	30	32	28	27	20							
	0 Clathrin heavy chain OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=CHC PE=3 SV=1	B7G4Y3_PHATC	191 kDa	22	14	34	32	33	19	10							
	0 Cytochrome b559 subunit alpha OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psbE PE=3 SV=1	PSB5_PHATC	10 kDa	17	18	40	21	27	21	21							
47667	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47667 PE=4 SV=1	B7G4H1_PHATC	19 kDa	19	19	43	24	19	41	19							
	0 Photosystem I reaction center subunit IV OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=psaE PE=3 SV=1	PSAE_PHATC	8 kDa	15	16	43	9	34	23	25							
	0 Triose phosphate/phosphate translocator OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=Tpt1 PE=4 SV=1	B7FPD9_PHATC	41 kDa	13	16	18	32	20	33	26							
43302	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43302 PE=4 SV=1	B7FR11_PHATC	65 kDa	15	17	27	31	26	17	15							
23497	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23497 PE=4 SV=1	B7G8K2_PHATC	208 kDa	19	12	55	9	38	12	5							
	0 Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcF13 PE=4 SV=1	B7G5T1_PHATC	22 kDa	11	15	33	22	24	23	18							
31433	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31433 PE=4 SV=1	B7FR86_PHATC	71 kDa	10	12	58	16	37	23	11							
20787	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_20787 PE=3 SV=1	B7G1S0_PHATC	53 kDa	19	23	23	25	32	14	9							
	0 ATP synthase subunit b, chloroplastic OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=atpF PE=3 SV=1	ATPF_PHATC	20 kDa	17	16	33	22	25	20	14							
bd1806	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1806 PE=4 SV=1	B7S435_PHATC	62 kDa	17	16	21	53	26	28	26							
	0 Green fluorescent protein OS=Acetabularia victoria GN= GFP PE=3 SV=1	GFP_CON-AGENT (+)	27 kDa	11	15	27	27	27	17	19							GFP-Tag von Fusionsprotein
	0 Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein, lhc type OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcF4 PE=4 SV=1	B7G955_PHATC	21 kDa	17	16	25	22	19	12	11							
	0 Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, lhc type OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcF14 PE=4 SV=1	B5Y5L4_PHATC	21 kDa	11	16	27	26	25	19	17							
	0 ATP-dependent ctp protease OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=lcpC PE=3 SV=1	A0T0K8_PHATC	104 kDa	13	10	24	30	24	23	14							
	0 Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcF6 PE=4 SV=1	B7G5S7_PHATC	22 kDa	17	15	26	26	22	18	14							
21122	Tubulin beta chain OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=TB2 PE=3 SV=1	B5Y3W7_PHATC	50 kDa	11	15	25	26	23	17	12							
47403	Predicted protein OS=Pheoactylum tricructum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47403 PE=4 SV=1	B7G395_PHATC	54 kDa	11	9	43											

0	Coatomer subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=COPbeta PE=4 SV=1	B7FZV8_PHATC	108 kDa	0	5	18	18	13	5	1
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sec4 PE=4 SV=1	B7G0J9_PHATC	23 kDa	0	5	15	17	13	8	10
0	Delta 3-proline-5-carboxylate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PP5C PE=3 SV=1	B7G0H2_PHATC	79 kDa	5	7	15	6	15	9	13
0	ITSS component of chloroplast import machinery OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ITSS5 PE=4 SV=1	B7GEP3_PHATC	57 kDa	3	4	6	31	4	5	vierte Plastidenmembran, Translokation
13682	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13682 PE=3 SV=1	B7G2B6_PHATC	25 kDa	6	6	11	10	11	9	6
13951	Glutamate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13951 PE=3 SV=1	B7G3X3_PHATC	49 kDa	7	6	11	12	11	6	5
46427	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46427 PE=4 SV=1	B7G163_PHATC	32 kDa	8	6	16	5	12	5	
0	Gamma-glutamyl-glutamate synthase, fusion of large and small subunits OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GGX PE=4 SV=1	B7G5A25_PHATC	174 kDa	2	2	4	4	6	3	
0	Photosystem II reaction center protein H OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbH PE=3 SV=1	PSBH_PHATC	7 kDa	2	5	9	14	6	4	7
33463	Short-chain alcohol dehydrogenase with NAD or NADP as acceptor OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33463 PE=4 SV=1	BSY5C8_PHATC	30 kDa	8	4	9	15	9	8	3
25856	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25856 PE=3 SV=1	BSY5U5_PHATC	112 kDa	9	4	13	14	13	6	2
bd913	S-adenosylmethionine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd913 PE=3 SV=1	B7S466_PHATC	42 kDa	6	4	11	12	13	8	5
18202	Long protease homolog, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18202 PE=3 SV=1	LONH_PHATC	98 kDa	6	1	10	11	20	10	6
42659	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42659 PE=4 SV=1	B7F3P5_PHATC	30 kDa	8	5	12	9	10	7	5
44596	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44596 PE=4 SV=1	B7FUM1_PHATC	30 kDa	8	4	6	22	5	5	6
25714	Ribosomal protein L15 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25714 PE=3 SV=1	BSY502_PHATC	24 kDa	7	4	11	11	10	6	5
25379	Pyruvate-5-carboxylate reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_25379 PE=3 SV=1	B7F5S9_PHATC	30 kDa	5	3	2	14	8	12	11
13154	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13154 PE=4 SV=1	B7G1S5_PHATC	96 kDa	7	4	15	10	9	5	3
33660	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_33660 PE=4 SV=1	B7F7T0_PHATC	28 kDa	4	8	11	11	8	7	4
45017	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45017 PE=4 SV=1	B7FV48_PHATC	89 kDa	5	2	11	11	14	7	2
17545	40S ribosomal protein S3a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17545 PE=3 SV=1	B7FPM3_PHATC	29 kDa	5	4	10	12	11	5	5
32803	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32803 PE=4 SV=1	B7FSN9_PHATC	86 kDa	6	1	14	13	7	7	4
0	UDP-Glucose-6-phosphoglucose 1-phosphoglucomutase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UGP/PGM PE=4 SV=1	B7GFS1_PHATC	115 kDa	4	4	12	11	13	6	2
49056	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49056 PE=4 SV=1	B7GFC6_PHATC	55 kDa	2	0	8	3	4	21	12
24978	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24978 PE=3 SV=1	B7GQ8B_PHATC	56 kDa	6	5	7	12	10	5	4
1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCase_1 PE=3 SV=1	B7G1G6_PHATC	112 kDa	3	2	11	14	7	7	4
51066	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51066 PE=4 SV=1	B7G3G6_PHATC	17 kDa	5	5	9	10	8	7	5
0	Ubiquitin extension protein 1/2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UBI1/2 PE=4 SV=1	B7G5H7_PHATC	14 kDa	4	6	8	8	6	9	ERAD
28222	transaldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_28222 PE=3 SV=1	BSY536_PHATC	35 kDa	4	5	11	10	10	7	4
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AT1 PE=3 SV=1	B7F950_PHATC	21 kDa	5	2	11	10	10	6	4
44756	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44756 PE=4 SV=1	B7FV18_PHATC	71 kDa	0	2	11	2	23	11	2
13078	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13078 PE=4 SV=1	B7G1X1_PHATC	52 kDa	7	4	5	12	6	6	5
26029	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26029 PE=4 SV=1	B7FV16_PHATC	52 kDa	4	3	2	8	2	18	10
46018	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46018 PE=4 SV=1	B7G0Z2_PHATC	66 kDa	0	0	10	4	10	7	3
20755	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20755 PE=3 SV=1	B7G0Y5_PHATC	28 kDa	2	5	7	13	10	6	5
0	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FabG PE=4 SV=1	B7G1R8_PHATC	27 kDa	7	4	7	8	9	8	5
0	Cytochrome b559 subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbB PE=3 SV=1	PSB PHATC	5 kDa	4	6	10	7	7	6	4
0	Cluster of Triosephosphate isomerase/glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TriP/GapC3 PE=3 SV=1 (B7F5I3_PHATC)	B7F5I3_PHATC [2]	65 kDa	1	1	11	19	7	4	2
0	Subsidiary expression protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbP PE=3 SV=1	AOT0M5_PHATC	55 kDa	2	4	5	13	4	12	4
45443	Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45443 PE=3 SV=1	B7FXP8_PHATC	30 kDa	3	3	14	21	8	25	16
48850	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48850 PE=4 SV=1	B7G8K7_PHATC	55 kDa	8	0	9	9	6	7	6
52619	Purine permease (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_52619 PE=4 SV=1	B7GBV6_PHATC	64 kDa	3	2	1	24	3	7	6
17671	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17671 PE=4 SV=1	B7FQ48_PHATC	45 kDa	6	4	11	8	14	2	0
42718	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42718 PE=4 SV=1	B7F7F9_PHATC	54 kDa	5	0	11	8	14	14	8
12233	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12233 PE=4 SV=1	B7F7B7_PHATC	20 kDa	5	5	11	7	8	5	4
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab11 PE=4 SV=1	B7GDZ3_PHATC	24 kDa	4	4	8	7	9	7	4
0	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc3 PE=4 SV=1	B7F5P4_PHATC	21 kDa	4	11	6	11	6	2	2
11305	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11305 PE=4 SV=1	B7F900_PHATC	9 kDa	7	6	9	5	11	2	0
54466	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54466 PE=4 SV=1	B7F514_PHATC	75 kDa	1	2	2	2	18	18	2
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TuTa PE=3 SV=1	B7GA11_PHATC	47 kDa	4	4	9	7	10	9	5
46950	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46950 PE=4 SV=1	BSY481_PHATC	76 kDa	3	4	8	9	7	9	5
44902	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44902 PE=4 SV=1	B7FW24_PHATC	43 kDa	4	4	10	9	11	4	1
13398	UDP-glucose 6-dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UGDH1 PE=3 SV=1	BSY516_PHATC	53 kDa	3	1	11	8	9	6	4
28921	Succinate-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28921 PE=3 SV=1	B7F7E2_PHATC	33 kDa	4	1	10	8	9	7	3
29885	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29885 PE=3 SV=1	B7FXA2_PHATC	48 kDa	3	4	9	0	5	3	3
23552	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23552 PE=4 SV=1	B7G8H7_PHATC	36 kDa	5	4	9	0	22	2	0
5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Helicase_5 PE=4 SV=1	B7G6M2_PHATC	110 kDa	5	2	12	11	9	4	2
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=alpha PE=4 SV=1	B7GEM2_PHATC	48 kDa	5	3	9	7	9	6	3
24186	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24186 PE=4 SV=1	B7F7F5_PHATC	112 kDa	6	3	11	6	14	6	4
45624	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45624 PE=4 SV=1	B7GEG3_PHATC	123 kDa	0	0	10	11	4	7	7
50500	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50500 PE=3 SV=1	B7F7B3_PHATC	32 kDa	1	1	2	19	4	7	4
0	Biotin carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACC2 PE=4 SV=1	B7GEA6_PHATC	39 kDa	4	3	11	8	9	4	1
0	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PKK PE=3 SV=1	B7GEB5_PHATC	250 kDa	0	0	13	0	14	3	0
0	Cluster of Keratin, type II cytoskeletal 5 OS=Homo sapiens (NCBI:taxon:9606) (K2C5_CON-HUMAN)	B7G8B9_PHATC	60 kDa	4	4	13	8	4	2	0
41850	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41850 PE=4 SV=1	KZC5_CON-HUMAN [6]	62 kDa	4	5	12	14	12	48	17
26290	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26290 PE=4 SV=1	B7FUCB_PHATC	75 kDa	1	3	9	13	7	4	1
26970	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26970 PE=4 SV=1	B7FUR4_PHATC	107 kDa	1	3	6	12	8	6	1
47869	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47869 PE=4 SV=1	B7FXG3_PHATC	72 kDa	4	2	7	9	8	5	2
27039	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27039 PE=4 SV=1	B7G571_PHATC	77 kDa	5	2	9	7	8	4	2
0	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OGD1 PE=4 SV=1	B7F9K6_PHATC	97 kDa	6	7	9	9	6	7	3
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PP4K PE=4 SV=1	B7G4T8_PHATC	121 kDa	2	3	8	7	8	5	4
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Ra2b PE=4 SV=1	B7G585_PHATC	110 kDa	3	0	10	12	7	3	1
0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3046 PE=4 SV=1	B7G5M5_PHATC	23 kDa	6	3	10	5	8	1	3
13030	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13030 PE=3 SV=1	B7F7B8_PHATC	17 kDa	4	7	6	8	4	3	4
26176	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26176 PE=4 SV=1	B7F9B3_PHATC	45 kDa	2	1	4	2	13	4	2
0	Histone H4 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H4-1b PE=3 SV=1	B7FUD3_PHATC	45 kDa	5	3	8	7	6	2	3
56583	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56583 PE=4 SV=1	B7F6E8_PHATC	11 kDa	4	6	6	8	4	4	4
0	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PKK PE=3 SV=1	B7FXS9_PHATC [+1]	38 kDa	9	6	13	15	7	7	2
2907	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_2907 PE=3 SV=1	B7FZG7_PHATC	58 kDa	2	1	7	12	6	7	1
52412	Chloride channel protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_52412 PE=3 SV=1	B7G544_PHATC	76 kDa	5	3	16	1	9	0	1
29633	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29633 PE=4 SV=1	B7G775_PHATC	76 kDa	5	3	16	1	9	0	1
16798	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16798 PE=4 SV=1	B7G717_PHATC	107 kDa	2	1	4	16	5	5	3
2	Nuclear-encoded-like protein of chloroplast gro OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPN60_2 PE=3 SV=1	B7G0G1_PHATC	17 kDa	1	2	6	10	5	7	4
45465	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45465 PE=4 SV=1	B7F9S0_PHATC	62 kDa	2	1	6	7	6	7	4
35304	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35304 PE=4 SV=1	B7F9C3_PHATC	109 kDa	0	0	13	0	13	0	0
54536	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54536 PE=4 SV=1	B7FXS8_PHATC	38 kDa	10	6	14	11	12	8	3
36312	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36312 PE=4 SV=1	B7FYS0_PHATC	18 kDa	4	3	9	5	9	3	2
51082	Situmane synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51082 PE=3 SV=1	B7G0E9_PHATC	94 kDa	0	2	3	10	3	13	4
14990	Nad-dependent epimerase/dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14990 PE=4 SV=1	B7G0Z8_PHATC	82 kDa	3	2	13	2	10	2	1
41531	Nad-dependent epimerase/dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41531 PE=4 SV=1	B7G5A11_PHATC	65 kDa	6	1	11	13	6	1	2
43532	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43532 PE=4 SV=1	B7G1A0_PHATC	53 kDa	2	1	10	13	6	1	1
16540	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16540 PE=3 SV=1	B7GEG7_PHATC	57 kDa	5	3	10	6	6	3	2
43934	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43934 PE=4 SV=1	B7FSJ4_PHATC	82 kDa	4	1	9	6	8	5	0
45935	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45935 PE=4 SV=1	B7G0N0_PHATC	47 kDa	4	4	6	9	5	3	2
0	Glyceroldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GapC2a PE=3 SV=1	BSY514_PHATC	39 kDa	2	5	12	5	12	5	3
56468	Plastidic enolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56468 PE=3 SV=1	B7FZ76_PHATC	57 kDa	3	3	7	6	7	4	2
0	ATP synthase subunit delta, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpD PE=3 SV=1	B7G6K6_PHATC	35 kDa	3						

0 Cytosolic aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Fba4 PE=4 SV=1	B7FR11_PHATC	33 kDa	1	3	6	5	5	3	1
29702 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29702 PE=3 SV=1	B7G7W5_PHATC	94 kDa	2	2	5	9	3	0	0
0 Fructose 1,6-bisphosphate aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Fba2 PE=4 SV=1	B7G909_PHATC	48 kDa	0	2	4	5	4	0	3
23164 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23164 PE=4 SV=1	B7G94C_PHATC	54 kDa	3	1	8	5	3	4	0
23324 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23324 PE=3 SV=1	B7G809_PHATC	20 kDa	2	3	3	4	5	3	1
50026 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50026 PE=3 SV=1	B7GC8N_PHATC	80 kDa	0	1	1	6	1	10	5
13662 Transmembrane 9 superfamily member (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13662 PE=3 SV=1	B7GV26_PHATC	66 kDa	2	0	4	4	3	6	5
15548 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15548 PE=4 SV=1	B7G7AT6_PHATC	28 kDa	1	4	1	1	1	1	4
23236 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23236 PE=4 SV=1	B7FQV1_PHATC	33 kDa	2	2	5	4	6	3	5
25218 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_25218 PE=4 SV=1	B7F534_PHATC	60 kDa	0	0	5	14	3	10	7
44489 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44489 PE=4 SV=1	B7FUAS_PHATC	14 kDa	3	4	7	0	7	1	1
44603 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44603 PE=3 SV=1	B7FUM8_PHATC	24 kDa	4	2	5	4	5	3	0
46077 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46077 PE=4 SV=1	B7V2Z2_PHATC	37 kDa	5	1	2	2	5	2	2
46366 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46366 PE=4 SV=1	B7G0Z4_PHATC	58 kDa	3	2	7	3	5	3	1
27923 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_27923 PE=3 SV=1	B7G162_PHATC	68 kDa	5	2	5	4	7	0	0
0 Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20C PE=3 SV=1	B5V472_PHATC	20 kDa	3	3	4	3	4	3	2
43061 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43061 PE=4 SV=1	B7FQ48_PHATC	39 kDa	2	1	3	7	2	4	3
11373 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11373 PE=4 SV=1	B7F769_PHATC	49 kDa	0	3	3	4	4	6	3
26762 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_26762 PE=4 SV=1	B7F749_PHATC	106 kDa	3	1	4	1	4	5	0
3046 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_3046 PE=4 SV=1	B7FWQ7_PHATC	33 kDa	1	0	6	7	1	6	7
0 Iron starvation induced protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ISP2A PE=4 SV=1	B7FYL2_PHATC	57 kDa	0	0	0	4	1	10	7
28979 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_28979 PE=3 SV=1	B7G4K6_PHATC	18 kDa	3	1	4	7	5	1	1
22909 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_22909 PE=3 SV=1	B7G559_PHATC	48 kDa	2	1	2	3	5	2	3
0 Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20C PE=3 SV=1	B5V4C1_PHATC	39 kDa	1	1	2	5	3	2	3
25752 Transmembrane 9 superfamily member OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25752 PE=3 SV=1	B5V536_PHATC	74 kDa	2	0	0	7	2	6	4
10581 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10581 PE=4 SV=1	B5V5A5_PHATC	57 kDa	1	2	6	5	4	1	1
25217 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_25217 PE=4 SV=1	B7F533_PHATC	71 kDa	0	0	7	15	4	6	5
0 Cation-transporting ATPase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ATPase1-P9 PE=3 SV=1	B7F1U6_PHATC	126 kDa	3	2	6	2	5	1	2
0 Protein fucosyltransferase a1c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Uctf16 PE=4 SV=1	B7F742_PHATC	22 kDa	2	2	2	2	2	3	3
50006 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50006 PE=4 SV=1	B7GC11_PHATC	82 kDa	0	1	2	9	2	3	3
0 30S ribosomal protein S3, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp3 PE=3 SV=1	RR3_PHATC	24 kDa	2	2	5	3	4	3	2
17846 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17846 PE=4 SV=1	B7FQQA_PHATC	17 kDa	1	4	4	4	4	2	2
6062 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_6062 PE=4 SV=1	B7G659_PHATC	22 kDa	0	2	5	5	3	0	2
1 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SLCA_1 PE=4 SV=1	B7F711_PHATC	64 kDa	0	1	2	1	1	7	1
36906 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36906 PE=4 SV=1	B5V4D1_PHATC	33 kDa	3	2	2	2	4	1	1
42675 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42675 PE=4 SV=1	B7F9S2_PHATC	77 kDa	0	0	7	6	6	0	0
31906 Aldehyde dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31906 PE=4 SV=1	B7FPN7_PHATC	61 kDa	0	0	2	10	2	4	2
46608 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46608 PE=4 SV=1	B7G1U8_PHATC	157 kDa	0	0	3	8	5	2	0
47413 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47413 PE=4 SV=1	B7G2A6_PHATC	44 kDa	1	5	1	1	1	2	3
0 Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK1 PE=3 SV=1	B7G629_PHATC	64 kDa	0	0	0	17	0	2	1
2 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCase_2 PE=3 SV=1	B7G725_PHATC	98 kDa	0	0	5	4	7	3	1
31339 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31339 PE=3 SV=1	B7GE8B_PHATC	55 kDa	0	0	2	4	5	6	2
46735 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46735 PE=4 SV=1	B5V319_PHATC	19 kDa	2	2	4	3	5	2	2
6847 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_6847 PE=3 SV=1	B7F9D2_PHATC	19 kDa	1	2	3	4	3	2	4
48680 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48680 PE=4 SV=1	B7G833_PHATC	64 kDa	2	2	5	4	3	2	2
39772 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_39772 PE=4 SV=1	B7G9K5_PHATC	45 kDa	1	3	3	5	3	3	1
0 Cluster of Keratin 77 OS=Mus musculus GN=Krt77 PE=2 SV=1 (QDBEK5_CON-MOUSE)	QDBEK5_CON-MOUSE [3]	61 kDa	3	4	8	6	16	12	6
43106 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43106 PE=4 SV=1	B7F0M8_PHATC	60 kDa	2	2	4	5	2	1	2
33768 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_33768 PE=3 SV=1	B7F7T6_PHATC	31 kDa	0	0	3	1	0	11	7
0 p2B, P type ATPase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ATPase1-2B PE=3 SV=1	B7FUB8_PHATC	120 kDa	0	1	4	0	7	4	3
45239 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45239 PE=4 SV=1	B7FWY4_PHATC	122 kDa	3	0	7	4	4	0	0
27166 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_27166 PE=3 SV=1	B7FV73_PHATC	51 kDa	0	1	9	6	8	0	0
47492 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47492 PE=4 SV=1	B7G314_PHATC	71 kDa	1	1	5	4	5	1	0
48661 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48661 PE=4 SV=1	B7G654_PHATC	37 kDa	1	1	2	3	1	4	3
0 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPS-II PE=3 SV=1	B7G8W8_PHATC	170 kDa	0	0	3	7	6	1	0
49665 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49665 PE=4 SV=1	B7G8D6_PHATC	71 kDa	1	2	5	5	2	2	2
55198 STT3 subunit-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_55198 PE=4 SV=1	B7GE39_PHATC	101 kDa	3	2	3	6	4	4	2
3639 Myo-inositol 2-dehydrogenase putative (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_3639 PE=4 SV=1	B5V3B2_PHATC	38 kDa	1	1	4	6	4	0	0
12732 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12732 PE=3 SV=1	B7G015_PHATC	25 kDa	1	3	3	3	3	2	2
0 Cluster of Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab6 PE=4 SV=1 (BTG312_PHATC)	B7G312_PHATC [2]	26 kDa	0	0	6	6	7	7	0
13511 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13511 PE=4 SV=1	B5V3G8_PHATC	102 kDa	0	2	4	4	4	1	4
3241 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_3241 PE=4 SV=1	B7FNV0_PHATC	30 kDa	0	1	3	5	1	5	2
31846 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31846 PE=4 SV=1	B7FP12_PHATC	60 kDa	0	0	3	4	2	5	4
25375 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_25375 PE=3 SV=1	B7F5S8_PHATC	23 kDa	0	1	2	3	1	3	3
44479 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44479 PE=4 SV=1	B7F9R4_PHATC	50 kDa	0	0	0	0	0	12	5
44879 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44879 PE=4 SV=1	B7FVZ2_PHATC	60 kDa	2	0	4	4	4	2	0
11674 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11674 PE=4 SV=1	B7FWA2_PHATC	65 kDa	2	3	6	3	5	1	1
36311 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_36311 PE=4 SV=1	B7G0Z7_PHATC	15 kDa	3	3	5	1	5	1	0
21667 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_21667 PE=4 SV=1	B7G310_PHATC	109 kDa	1	0	6	5	5	1	0
0 Rab GDP dissociation inhibitor OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RABGDI PE=3 SV=1	B7G6F6_PHATC	49 kDa	0	0	6	0	0	5	3
50168 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50168 PE=4 SV=1	B7G0D4_PHATC	87 kDa	0	0	9	1	5	0	3
0 ADP-ATP carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NTT3 PE=3 SV=1	B7G089_PHATC	73 kDa	1	2	5	5	2	3	0
0 30S ribosomal protein S7, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp7 PE=3 SV=1	RR7_PHATC	18 kDa	1	2	5	3	4	1	1
32929 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_32929 PE=3 SV=1	B7F715_PHATC	89 kDa	0	2	3	4	2	5	2
38794 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_38794 PE=4 SV=1	B7G0V4_PHATC	60 kDa	0	0	0	0	0	4	0
0 Acetyl-coa carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACCL PE=4 SV=1	B7G754[B7G754_PHATC-Det]	7	2	3	2	3	4	1	1
41790 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_41790 PE=4 SV=1	B5V4Z9_PHATC	50 kDa	1	1	4	5	3	2	1
45886 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45886 PE=4 SV=1	B7FZ17_PHATC	64 kDa	1	1	1	5	3	4	2
51018 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51018 PE=4 SV=1	B7G1Y6_PHATC (+1)	43 kDa	2	1	5	3	2	2	2
47027 Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47027 PE=3 SV=1	B7G274_PHATC	33 kDa	1	3	1	1	1	2	3
0 Ubiquitin-activating enzyme E1, protein 2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HUBa1 PE=3 SV=1	B7G321_PHATC	116 kDa	1	0	3	8	4	1	0
14260 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_14260 PE=3 SV=1	B7G4H7_PHATC	19 kDa	3	1	4	5	4	0	0
37959 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_37959 PE=4 SV=1	B7G411_PHATC	34 kDa	3	2	4	4	2	1	2
51134 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51134 PE=3 SV=1	B7G7D4_PHATC	98 kDa	0	2	6	4	4	0	1
30810 Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_30810 PE=4 SV=1	B7G6P5_PHATC	39 kDa	0	2	3	3	3	3	2
0 Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=yef39 PE=4 SV=1	A0T0M4_PHATC	3 kDa	3	1	5	4	3	1	0
0 Nucleoside diphosphate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NDK3 PE=3 SV=1	B7FR80_PHATC	24 kDa	3	2	3	3	3	2	3
44296 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44296 PE=4 SV=1	B7FTL8_PHATC	32 kDa	1	0	3	2	5	1	2
0 Protein fucosyltransferase chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Uctf17 PE=4 SV=1	B7G039_PHATC	22 kDa	3	2	2	3	3	3	3
46770 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46770 PE=4 SV=1	B5V3Z7_PHATC	45 kDa	0	0	6	0	1	1	1
18533 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18533 PE=4 SV=1	B5V4T0_PHATC	20 kDa	1	1	5	2	3	1	6
24772 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_24772 PE=3 SV=1	B7FPZ8_PHATC	87 kDa	1	2	5	3	3	1	0
42949 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42949 PE=4 SV=1	B7FQ44_PHATC	18 kDa	3	0	3	5	2	2	0
32401 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_32401 PE=4 SV=1	B7FZ26_PHATC	57 kDa	1	1	5	5	2	1	1
43657 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43657 PE=3 SV=1	B7G5E3_PHATC	60 kDa	0	0	1	1	1	5	3
43694 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43694 PE=3 SV=1	B7F1S4_PHATC	71 kDa	0	1	5	0	0	5	3
44382 ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44382 PE=3 SV=1	B7FTX1_PHATC	28 kDa	1	3	2	6	2	1	1
18945 Transport protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_18945 PE=4 SV=1	B7FTZ4_PHATC	60 kDa	1	1	5	1	4	1	2
44535 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44535 PE=4 SV=1	B7FUF5_PHATC	143 kDa	0	0	1	7	0	4	4
45513 Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45513 PE=4 SV=1	B7G5S5_PHATC	57 kDa	1	1	1	1	1	1	1
42018 Ferredoxin-NADP reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42018 PE=3 SV=1	B7G0M5_PHATC (+1)	36 kDa	0	1	2	3	1	5	2
36226 60S ribosomal protein L18a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_36226 PE=3 SV=1	B7G0R5_PHATC	21 kDa	1						

15815	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15815 PE=3 SV=1	B7G9Z6_PHATC	66 kDa	0	0	3	11	0	6	3
49793	Beta-glucosidase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49793 PE=3 SV=1	B7G9X3_PHATC	96 kDa	0	0	1	2	2	5	2
24119	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, variant OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24119 PE=4 SV=1	B7G5D0_PHATC	26 kDa	1	1	0	1	1	3	1
bd1680	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1680 PE=3 SV=1	B7S441_PHATC	71 kDa	0	0	0	1	2	8	0
32443	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32443 PE=4 SV=1	B7FR67_PHATC	30 kDa	2	2	3	1	2	1	2
45813	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45813 PE=4 SV=1	B7FYR9_PHATC	34 kDa	0	0	3	5	3	2	0
48822	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48822 PE=4 SV=1	B7G8H9_PHATC	28 kDa	1	0	3	2	5	2	0
25577	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25577 PE=4 SV=1	B5Y4G9_PHATC	15 kDa	2	1	3	2	4	1	1
3120	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3120 PE=4 SV=1	B7FQZ7_PHATC	26 kDa	1	1	1	5	2	2	0
44889	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44889 PE=4 SV=1	B7FW09_PHATC	98 kDa	2	1	2	3	1	2	2
54855	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54855 PE=4 SV=1	B7G5Z1_PHATC	29 kDa	0	1	4	1	3	3	1
47080	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47080 PE=3 SV=1	B7G2D6_PHATC	38 kDa	1	2	1	2	2	1	3
45408	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45408 PE=4 SV=1	B7F4U0_PHATC	23 kDa	0	0	1	3	3	2	1
10593	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10593 PE=3 SV=1	B5VQ12_PHATC	21 kDa	1	0	4	4	3	2	0
16962	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16962 PE=4 SV=1	B7GE66_PHATC	23 kDa	2	1	3	3	2	1	1
25360	Short-chain dehydrogenase/reductase acting with NAD or NADP as acceptor OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_25360 PE=3 SV=1	B7FSQ7_PHATC	36 kDa	0	1	4	2	3	3	0
42506	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42506 PE=4 SV=1	B7FR18_PHATC	42 kDa	2	1	2	2	2	3	1
42997	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42997 PE=4 SV=1	B7FGA2_PHATC	37 kDa	0	2	2	4	0	4	0
37971	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37971 PE=4 SV=1	B7FR56_PHATC	79 kDa	0	0	1	1	0	5	0
15186	Alanine-tRNA ligase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15186 PE=3 SV=1	B7G7D0_PHATC	105 kDa	0	1	4	4	2	1	0
49791	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49791 PE=4 SV=1	B7GB11_PHATC	62 kDa	1	0	2	2	5	1	0
50642	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50642 PE=4 SV=1	B7GES9_PHATC	164 kDa	0	0	1	10	0	0	1
13602	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13602 PE=4 SV=1	B7G2U0_PHATC	69 kDa	0	1	4	4	2	0	1
47384	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47384 PE=4 SV=1	B7G370_PHATC	54 kDa	0	0	1	4	2	4	0
14762	Isocitrate dehydrogenase (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14762 PE=4 SV=1	B7G620_PHATC	40 kDa	0	1	3	2	4	2	0
56243	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56243 PE=3 SV=1	B7GDG0_PHATC	50 kDa	1	0	2	2	3	2	1
55197	Oligosaccharyl transferase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55197 PE=4 SV=1	B7GE3B_PHATC	103 kDa	0	0	2	4	3	6	1
31322	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31322 PE=3 SV=1	B7G2H1_PHATC	60 kDa	0	0	1	4	0	4	3
26256	Adenylosuccinate lyase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26256 PE=3 SV=1	B7P1A4_PHATC	57 kDa	0	0	1	1	1	1	0
19586	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19586 PE=4 SV=1	B7FWF5_PHATC	77 kDa	1	1	3	2	1	3	2
13361	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13361 PE=3 SV=1	B5Y4O5_PHATC	44 kDa	1	0	5	2	3	0	1
0 Pyrophosphate-dependent phosphofructose kinase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PFK1 PE=4 SV=1	B7G4I8_PHATC	62 kDa	1	1	2	3	3	1	1	1
43052	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43052 PE=4 SV=1	B7FG65_PHATC	78 kDa	1	1	2	3	2	2	1
49264	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49264 PE=4 SV=1	B7G613_PHATC	264 kDa	1	1	1	1	1	1	2
0 Enoyl-acyl reductase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=FAB1 PE=4 SV=1	B7FS72_PHATC	33 kDa	1	0	4	2	4	0	0	0
0 Magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=hHM PE=4 SV=1	B7FTQ8_PHATC	28 kDa	0	0	2	5	2	2	2	0
10747	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10747 PE=4 SV=1	B7FUD8_PHATC	26 kDa	0	0	1	5	1	4	0
46126	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46126 PE=3 SV=1	B7G054_PHATC	19 kDa	0	0	2	5	1	2	0
46448	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46448 PE=3 SV=1	B7G370_PHATC	54 kDa	0	0	1	4	3	2	0
47152	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47152 PE=4 SV=1	B7G2N7_PHATC	50 kDa	0	1	2	1	5	2	0
47193	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47193 PE=4 SV=1	B7G2T6_PHATC	79 kDa	0	0	1	6	0	2	1
30246	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30246 PE=3 SV=1	B7GAB5_PHATC	38 kDa	0	1	1	4	3	2	0
16334	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16334 PE=4 SV=1	B7G2C3_PHATC	24 kDa	0	0	2	1	6	0	2
16375	Proline-5-carboxylase (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/2) GN=PHATRDRAFT_16375 PE=3 SV=1	B7GCG5_PHATC	29 kDa	1	0	1	2	1	2	0
0 S65 ribosomal protein L1, chloroplastic OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=rpl1 PE=3 SV=1	RK1_PHATC	25 kDa	1	0	5	2	1	1	1	1
35949	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35949 PE=3 SV=1	B7FZV8_PHATC	32 kDa	0	0	2	3	3	2	1
bd1499	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1499 PE=4 SV=1	B7S4H1_PHATC	45 kDa	1	0	0	8	0	1	0
48151	Metacaspase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48151 PE=4 SV=1	B7G659_PHATC	41 kDa	0	0	3	2	3	2	0
0 OS-phospholipase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PLS1 PE=3 SV=1	B7G5C0_PHATC	28 kDa	0	0	1	1	1	0	3	1
0 Regulatory proteasome non-atpase subunit 3 (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=RPN3 PE=4 SV=1	B7FPP8_PHATC	57 kDa	0	0	2	3	2	3	1	0
9199	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9199 PE=3 SV=1	B7FNV4_PHATC	17 kDa	1	1	0	4	2	1	1
0 Coatomer subunit delta OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=COPIIDelta PE=3 SV=1	B7GAV9_PHATC	55 kDa	1	0	2	3	2	1	0	0
45073	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45073 PE=4 SV=1	B7FW05_PHATC	122 kDa	1	1	2	3	2	1	0
45016	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45016 PE=4 SV=1	B7G1A7_PHATC	34 kDa	0	0	1	1	1	2	2
7237	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/2) GN=PHATRDRAFT_7237 PE=4 SV=1	B7G0N5_PHATC	14 kDa	1	1	2	2	1	3	2
48524	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48524 PE=4 SV=1	B7G7J9_PHATC	32 kDa	2	0	1	2	2	2	0
0 Photosystem I assembly protein Ycf4 OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=ycf4 PE=3 SV=1	YCF4_PHATC	20 kDa	2	1	2	1	2	1	2	1
48085	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48085 PE=4 SV=1	B7G5X8_PHATC	46 kDa	0	0	1	4	1	2	3
0 Histone H3 OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=h3 L1 PE=3 SV=1	B7FR39_PHATC	15 kDa	3	0	1	1	1	1	1	1
0 Transmembrane 9 superfamily member (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=RabX1 PE=3 SV=1	B7G0A0_PHATC	70 kDa	2	0	1	1	4	2	2	1
0 Uncharacterized protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=ycF90 PE=4 SV=1	A0T0L6_PHATC	50 kDa	0	0	2	1	1	4	1	1
42051	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_42051 PE=3 SV=1	B5Y3F5_PHATC	65 kDa	0	1	2	2	4	1	0
46875	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46875 PE=4 SV=1	B5Y4Z2_PHATC	50 kDa	0	0	0	9	0	1	0
50723	Delta-aminolevulinic acid dehydratase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50723 PE=3 SV=1	B7F9A7_PHATC	44 kDa	0	0	1	9	0	0	1
43746	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43746 PE=4 SV=1	B7FR76_PHATC	108 kDa	0	0	0	1	0	7	2
45081	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45081 PE=4 SV=1	B7FWEA_PHATC	122 kDa	1	1	5	0	3	0	0
14301	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14301 PE=4 SV=1	B7G4G2_PHATC	38 kDa	0	0	1	2	0	4	2
50723	Delta-aminolevulinic acid dehydratase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50723 PE=3 SV=1	B7G6C5_PHATC	112 kDa	3	0	2	0	5	0	0
39432	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39432 PE=4 SV=1	B7G6M5_PHATC	86 kDa	0	0	1	5	1	1	0
0 S65 ribosomal protein L5, chloroplastic OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=rpl5 PE=3 SV=1	RK5_PHATC	44 kDa	1	0	1	1	1	1	1	1
43225	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43225 PE=4 SV=1	B7FR19_PHATC	31 kDa	1	1	0	3	1	4	1
10824	Methyltransferase (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10824 PE=3 SV=1	B7FU36_PHATC	34 kDa	2	2	3	2	1	0	0
35240	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35240 PE=3 SV=1	B7FYV5_PHATC	75 kDa	0	0	0	3	1	3	1
49822	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49822 PE=4 SV=1	B7G8R8_PHATC	39 kDa	0	0	0	3	1	4	2
29117	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29117 PE=3 SV=1	B7G5T7_PHATC	21 kDa	0	0	0	1	0	2	0
50525	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50525 PE=4 SV=1	B7GED7_PHATC	76 kDa	0	0	3	2	2	2	0
41645	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41645 PE=3 SV=1	B7G5S5_PHATC	18 kDa	1	0	1	5	2	1	0
0 30S ribosomal protein S8, chloroplastic OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=rps8 PE=3 SV=1	R88_PHATC	15 kDa	1	0	2	2	3	1	1	0
38015	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38015 PE=4 SV=1	B7GA7P_PHATC	43 kDa	1	0	1	2	5	1	0
46664	0 Ribulose biphosphate large chain OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=rbcL PE=3 SV=1	RBL_PHATC	54 kDa	0	0	1	2	4	1	1
22774	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22774 PE=4 SV=1	B7G8D0_PHATC	27 kDa	0	1	4	2	3	0	0
10260	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10260 PE=4 SV=1	B5Y5A6_PHATC	49 kDa	0	3	4	0	4	0	1
0 S65 ribosomal protein L6, chloroplastic OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=rpl6 PE=3 SV=1	RK6_PHATC	20 kDa	0	0	3	2	2	2	2	1
44478	0 Regulatory proteasome non-atpase subunit 1 OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=RPN1 PE=4 SV=1	B7G5J7_PHATC	101 kDa	1	0	1	1	1	1	0
49509	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49509 PE=4 SV=1	B7FU93_PHATC	61 kDa	1	1	3	1	2	1	1
40880	Agmatinase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40880 PE=3 SV=1	B7GAU8_PHATC	85 kDa	1	0	4	2	3	0	0
0 Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=SDH1 PE=3 SV=1	B7GCN5_PHATC	45 kDa	0	0	2	3	2	0	1	0
44343	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44343 PE=4 SV=1	B5Y5N6_PHATC	70 kDa	0	0	2	2	2	2	2
46281	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46281 PE=4 SV=1	B7F755_PHATC	42 kDa	1	1	1	1	1	2	1
36600	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36600 PE=3 SV=1	B7GLT6_PHATC	16 kDa	1	0	1	4	2	1	1
0 Photosystem II protein Y OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=psbY-A PE=3 SV=1	PSB_Y_PHATC	4 kDa	1	1	1	2	1	3	0	0
16982	Cluster of Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16982 PE=4 SV=1 (B7GEA9_PHATC)	B7GEA9_PHATC	33 kDa	1	0	2	4	2	0	0
18524	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18524 PE=4 SV=1	B5Y1W5_PHATC	10 kDa	0	0	1	2	1	1	1
42872	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42872 PE=4 SV=1	B7FFV1_PHATC	92 kDa	0	0	4	2	3	0	0
4402	Predicted protein (Fragment) OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_4402 PE=4 SV=1	B7G8Y9_PHATC	31 kDa	0	0	1	4	2	1	1
39627	Predicted protein OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39627 PE=4 SV=1	B7G968_PHATC	45 kDa	0	0	0	7	1	0	0
38433	0 Fructose-1,6-bisphosphatase OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=FBP PE=3 SV=1	B7G4R0_PHATC	37 kDa	0	1	3	4	1	0	0
22896	ATPase ASNA1 homolog OS=Pheoactylum tricoratum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22896 PE=3 SV=1	B7G5V4_PHATC	39 kDa	0	0	4	2	2	0	

0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ARL1 PE=3 SV=1	B7FPR2_PHATC	21 kDa	0	0	2	2	1	1	1
44748	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44748 PE=4 SV=1	B7FPH9_PHATC	14 kDa	0	1	1	1	1	2	2
7528	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_7528 PE=4 SV=1	B7F58_PHATC	13 kDa	0	0	1	3	2	1	0
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sec13 PE=4 SV=1	B7G70_PHATC	36 kDa	0	1	0	2	2	1	0
232	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_232 PE=4 SV=1	B7F507_PHATC	110 kDa	0	0	1	4	2	0	0
12420	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12420 PE=4 SV=1	B7Z42_PHATC	69 kDa	0	0	1	1	1	1	4
48885	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48885 PE=4 SV=1	B7G0Q5_PHATC	170 kDa	0	1	5	0	0	1	0
0	Protein factor with 3 superfamily members OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hrp10 PE=4 SV=1	B7G5V9_PHATC	25 kDa	0	0	1	3	0	3	0
13418	Ammonium transporter (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13418 PE=3 SV=1	B5Y3C5_PHATC	47 kDa	2	1	3	0	0	0	0
33523	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33523 PE=3 SV=1	B5Y3I6_PHATC	26 kDa	0	0	2	4	1	0	0
13396	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13396 PE=4 SV=1	B5Y3H2_PHATC	75 kDa	0	0	2	2	3	0	0
38174	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_38174 PE=4 SV=1	B7G553_PHATC	79 kDa	0	0	2	3	2	0	0
2	Glutamate synthase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=glr3_2 PE=4 SV=1	B7G7C6_PHATC	4 kDa	1	0	2	4	1	0	0
8760	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_8860 PE=4 SV=1	B7C7Q9_PHATC	58 kDa	0	0	2	0	4	0	0
36721	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36721 PE=4 SV=1	B5Y3H7_PHATC	37 kDa	0	0	2	1	3	1	0
11088	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_11088 PE=3 SV=1	B7FUC3_PHATC	123 kDa	0	0	3	2	2	0	0
46332	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46332 PE=4 SV=1	B7G0V2_PHATC	23 kDa	0	0	1	1	1	4	0
50388	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50388 PE=4 SV=1	B7G0D7_PHATC	39 kDa	0	0	2	0	2	3	2
44305	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44305 PE=4 SV=1	B7F7T0_PHATC	30 kDa	1	0	0	2	1	2	0
30461	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_30461 PE=4 SV=1	B7G843_PHATC	52 kDa	1	1	1	2	1	1	0
23547	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23547 PE=3 SV=1	B7G2C1_PHATC	54 kDa	0	0	1	2	3	0	0
12601	Alanine glyoxylate aminotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49601 PE=4 SV=1	B7G8B4_PHATC	51 kDa	0	1	3	1	2	0	0
49587	Transmembrane 9 superfamily member (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12587 PE=3 SV=1	B7G9B3_PHATC	69 kDa	0	1	1	3	1	1	0
10848	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_10848 PE=4 SV=1	B7F9D0_PHATC	1 kDa	1	0	0	2	1	0	0
46976	Endo-1,3-beta-glucosidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46976 PE=4 SV=1	B7G207_PHATC	102 kDa	0	0	0	3	0	3	1
0	Protein translocase subunit SecY OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=secY PE=3 SV=1	A0T0I6_PHATC	47 kDa	0	0	0	3	0	3	1
50047	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50047 PE=4 SV=1	B7G2B2_PHATC	14 kDa	0	1	1	2	0	1	2
46903	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46903 PE=4 SV=1	B5Y54_PHATC	76 kDa	0	0	1	3	3	0	0
13912	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13912 PE=4 SV=1	B7G2B1_PHATC	13 kDa	0	0	2	1	0	1	0
43727	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43727 PE=4 SV=1	B7F7B9_PHATC	35 kDa	0	1	1	1	2	1	1
0	CRIS105 carotenoid isomerase 5,phytoene dehydrogenase-related protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CRIS105 PE=4 SV=1	B7FCF7_PHATC	58 kDa	0	0	2	2	2	1	0
11883	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11883 PE=4 SV=1	B7FW22_PHATC	39 kDa	0	0	1	2	2	1	0
29911	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29911 PE=4 SV=1	B7G7X7_PHATC	25 kDa	0	0	2	2	1	1	0
37658	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_37658 PE=4 SV=1	B7G5B0_PHATC	26 kDa	0	0	1	2	1	1	0
10757	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_10757 PE=3 SV=1	B7FUX7_PHATC	37 kDa	0	0	2	2	2	1	0
54873	Metacaspase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_54873 PE=4 SV=1	B7G6D3_PHATC	45 kDa	0	1	2	2	2	0	0
10284	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10284 PE=4 SV=1	B5Y5B2_PHATC	20 kDa	1	1	2	0	1	1	1
48999	LCTP1 lactate permease OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48999 PE=4 SV=1	B7G9S8_PHATC	74 kDa	2	0	1	0	3	1	0
0	Winged enhancer protein 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEL2 PE=4 SV=1	B7F9B6_PHATC	29 kDa	0	0	2	1	1	1	0
46461	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46461 PE=3 SV=1	B7G1B0_PHATC	46 kDa	2	0	2	2	0	0	0
48010	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48010 PE=4 SV=1	B7G5N4_PHATC	43 kDa	0	0	2	1	3	1	0
23485	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_21485 PE=3 SV=1	B7G3T4_PHATC	50 kDa	0	0	2	2	2	1	0
47461	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47461 PE=4 SV=1	B7G3G2_PHATC	36 kDa	2	0	2	1	1	1	0
43885	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43885 PE=4 SV=1	B5Y8N4_PHATC	41 kDa	0	0	1	3	1	2	0
23908	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23908 PE=3 SV=1	B7G0I7_PHATC	34 kDa	0	0	1	2	1	3	0
48694	Homoserine dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48694 PE=3 SV=1	B7G7E3_PHATC	46 kDa	0	0	3	2	1	1	0
42871	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42871 PE=4 SV=1	B7F7V0_PHATC	68 kDa	0	1	1	1	2	1	1
0	S65 ribosomal protein L11, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpl11 PE=3 SV=1	RK11_PHATC	15 kDa	0	0	2	1	2	1	1
0	POS-like 1, phytoene desaturase-like protein, phytoene dehydrogenase-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PDS-like1 PE=4 SV=1	B5Y5B0_PHATC	59 kDa	0	0	1	2	1	1	1
50701	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50701 PE=3 SV=1	B7F8B3_PHATC	16 kDa	0	0	1	2	1	1	1
31620	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31620 PE=4 SV=1	B7FNV7_PHATC	21 kDa	0	1	1	1	1	1	1
3267	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_3267 PE=4 SV=1	B7G3D2_PHATC	34 kDa	0	1	0	1	2	0	0
0	Cytochrome c biogenesis protein CcsA OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ccsA PE=3 SV=1	A0T0R9_PHATC	35 kDa	0	1	1	2	1	1	1
42538	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42538 PE=3 SV=1	B7F7R0_PHATC	32 kDa	1	0	1	2	0	2	0
12379	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12379 PE=3 SV=1	B7FYD0_PHATC	20 kDa	0	0	0	1	0	2	0
15145	V-type proton ATPase proteolipid subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15145 PE=3 SV=1	B7G7Z7_PHATC	17 kDa	2	0	1	1	1	1	0
23706	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23706 PE=3 SV=1	B7GCT0_PHATC	15 kDa	2	1	1	0	2	1	0
40933	ATP-dependent Ctp protease proteolytic subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40933 PE=3 SV=1	B7GCT9_PHATC	21 kDa	1	1	1	1	1	1	1
50885	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50885 PE=3 SV=1	B7F9E5_PHATC	15 kDa	0	0	1	2	1	1	0
49202	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49202 PE=4 SV=1	B7G9T6_PHATC	24 kDa	1	1	1	1	1	1	1
44659	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44659 PE=4 SV=1	B7F7U4_PHATC	41 kDa	1	1	1	1	1	1	1
40325	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40325 PE=4 SV=1	B7G8A5_PHATC	261 kDa	1	1	1	0	1	1	1
0	ATP synthase epsilon chain, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpE PE=3 SV=1	ATPE_PHATC	14 kDa	0	0	4	0	0	2	0
0	Transmembrane 9 superfamily member (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=VTE1 PE=3 SV=1	B7G4H4_PHATC	71 kDa	0	0	1	0	0	4	0
39093	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_39093 PE=4 SV=1	B7G7T4_PHATC	62 kDa	0	0	6	0	0	0	0
0	Dihydrolypol dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHDH PE=3 SV=1	B7FVM3_PHATC	53 kDa	0	1	0	0	2	3	0
46750	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46750 PE=4 SV=1	B5Y3N8_PHATC	28 kDa	0	1	4	0	1	0	0
54834	Dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54834 PE=4 SV=1	B7G8R1_PHATC	41 kDa	0	0	3	1	2	0	0
46097	Chloride channel protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46097 PE=3 SV=1	B7G0J1_PHATC	108 kDa	0	1	3	0	2	1	0
42820	0 Protoporphyrin IX magnesium chelate, subunit H OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CHLH PE=4 SV=1	B5Y3F4_PHATC	148 kDa	0	0	0	1	0	2	0
46281	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46281 PE=4 SV=1	B7FR03_PHATC	56 kDa	0	0	1	2	3	0	0
37368	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_37368 PE=4 SV=1	B7G2W3_PHATC	28 kDa	0	0	0	5	0	1	0
17885	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17885 PE=3 SV=1	B7FCV9_PHATC	8 kDa	0	0	0	1	0	3	2
50464	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50464 PE=4 SV=1	B7G0T7_PHATC	53 kDa	0	1	1	0	3	0	1
54681	Endo-1,3-beta-glucosidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_54681 PE=4 SV=1	B7G5S9_PHATC	112 kDa	0	0	1	2	1	1	0
0	Diphosphomalonate decarboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MPDC PE=3 SV=1	B7S422_PHATC	45 kDa	0	0	2	3	2	0	0
42962	2-phosphoglycerate dehydratase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42962 PE=4 SV=1	B7FQ57_PHATC	60 kDa	0	0	2	3	1	0	0
31718	Inosine 5'-monophosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31718 PE=3 SV=1	B7F9S5_PHATC	51 kDa	0	0	0	4	0	1	0
49114	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49114 PE=3 SV=1	B7G9U0_PHATC	57 kDa	0	0	2	2	1	0	0
42808	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_2808 PE=4 SV=1	B7F9W3_PHATC	29 kDa	0	0	2	1	1	1	0
46215	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46215 PE=3 SV=1	B7G0H1_PHATC	35 kDa	0	0	2	1	1	1	1
0	Delta-3,5-delta-2,4-dienyl-CoA isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DEI1 PE=4 SV=1	B7G2M4_PHATC	31 kDa	0	1	1	2	1	1	0
43140	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43140 PE=4 SV=1	B7FQ52_PHATC	40 kDa	1	1	1	2	1	0	0
46602	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46602 PE=4 SV=1	B7G1T9_PHATC	28 kDa	1	1	0	2	1	1	0
46389	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46389 PE=3 SV=1	B7G5D2_PHATC	71 kDa	0	0	0	1	0	3	0
45780	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45780 PE=4 SV=1	B7F7P0_PHATC	63 kDa	0	0	0	1	0	3	2
26980	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_26980 PE=3 SV=1	B7F9H5_PHATC	59 kDa	0	0	2	2	2	0	0
22666	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_22666 PE=3 SV=1	B7G8S3_PHATC	59 kDa	0	0	2	1	1	1	1
13741	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13741 PE=4 SV=1	B7F7A9_PHATC	48 kDa	0	0	2	1	2	0	0
49301	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49301 PE=4 SV=1	B7G5A1_PHATC	25 kDa	2	2	1	1	1	1	1
23429	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23429 PE=3 SV=1	B7G8N9_PHATC	67 kDa	0	0	1	3	1	1	0
40158	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40158 PE=4 SV=1	B7GAM6_PHATC	68 kDa	0	0	2	2	1	1	0
44434	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44434 PE=3 SV=1	B7F7U3_PHATC	49 kDa	1	0	2	1	1	1	0
45895	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45895 PE=4 SV=1	B7FZ27_PHATC	100 kDa	0	0	1	1	1	3	0
34853	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34853 PE=3 SV=1	B5Y9C1_PHATC	25 kDa	0	0	1	1	1	1	0
2037	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_2037 PE=4 SV=1	B7G344_PHATC	38 kDa	0	1	2	3	0	0	0
25956	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25956 PE=4 SV=1	B5Y5U1_PHATC	31 kDa	1						

21789	T-complex protein 1 subunit gamma OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_21789 PE=3 SV=1	B7G4D0_PHATC	61 kDa	0	0	1	1	2	1	0
522	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_522 PE=3 SV=1	B7G7V4_PHATC	85 kDa	0	0	2	1	1	0	1
47804	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47804 PE=3 SV=1	B7G7A0_PHATC	11 kDa	0	0	2	1	1	1	0
0	ATP-citrate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACL PE=3 SV=1	B7F7Y1_PHATC	119 kDa	0	0	1	2	2	0	0
45621	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45621 PE=3 SV=1	B7F7B0_PHATC	47 kDa	1	0	1	2	1	0	0
1	Glutathione-disulfide reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Gsr_1 PE=3 SV=1	B7G9Q1_PHATC	54 kDa	0	0	3	2	0	0	0
6052	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_6052 PE=4 SV=1	B7F7M2_PHATC	24 kDa	0	0	0	2	1	2	0
0	Protein farnesyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hb12 PE=4 SV=1	B7G7C2_PHATC	21 kDa	0	0	1	14	1	25	0
49190	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49190 PE=4 SV=1	B7G9S5_PHATC	44 kDa	0	0	2	1	1	1	0
46321	PRA1 family protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46321 PE=3 SV=1	B7G019_PHATC	25 kDa	0	0	0	2	1	1	1
21660	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_21660 PE=3 SV=1	B7G3H7_PHATC	268 kDa	1	0	2	0	2	0	0
0	S65 ribosomal protein L19, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp19 PE=3 SV=1	RK19_PHATC	14 kDa	0	0	1	2	1	1	0
45592	Hydroxyacid dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45592 PE=3 SV=1	B7F772_PHATC	48 kDa	0	0	2	3	5	0	0
50796	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50796 PE=4 SV=1	B7F7U0_PHATC	52 kDa	0	0	1	1	1	0	0
45689	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45689 PE=4 SV=1	B7F7H4_PHATC	75 kDa	0	0	1	1	1	2	0
bd1023	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1023 PE=3 SV=1	B7S491_PHATC	29 kDa	0	0	1	2	1	1	0
18489	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18489 PE=3 SV=1	B5Y4K7_PHATC	31 kDa	0	0	1	1	1	1	1
45622	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45622 PE=4 SV=1	B7F7B1_PHATC	32 kDa	0	0	0	4	0	1	0
21147	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21147 PE=4 SV=1	B5Y4O3_PHATC	35 kDa	0	0	1	1	1	1	1
0	Dystrophin OS=Homo sapiens GN=DMD PE=1 SV=3	DMO_CON-HUMAN	427 kDa	0	1	1	0	1	0	0
23691	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23691 PE=3 SV=1	B7G9C9_PHATC	15 kDa	1	1	0	0	1	0	0
50191	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50191 PE=4 SV=1	B7G9D91_PHATC	15 kDa	1	0	2	1	0	1	0
42753	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42753 PE=4 SV=1	B7F9E5_PHATC	182 kDa	0	0	0	4	0	0	0
48865	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48865 PE=4 SV=1	B7G8B0_PHATC	57 kDa	0	0	0	0	0	0	0
49610	Exo-1,3-beta-glucosidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49610 PE=4 SV=1	B7G876_PHATC	70 kDa	0	0	0	0	0	4	0
47742	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47742 PE=4 SV=1	B7G4R1_PHATC	15 kDa	0	0	0	0	0	3	1
26190	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_26190 PE=3 SV=1	B7F7U0_PHATC	78 kDa	0	3	0	7	0	0	0
12620	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12620 PE=3 SV=1	B7G0J9_PHATC	59 kDa	0	0	1	3	0	0	0
0	Synthesis of glutamate OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GDH PE=4 SV=1	B7F7B0_PHATC	105 kDa	0	0	0	3	0	0	0
17238	Anthranilate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17238 PE=4 SV=1	B7FRLO_PHATC	105 kDa	0	0	0	3	0	0	0
23371	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23371 PE=4 SV=1	B7G8B5_PHATC	47 kDa	0	0	2	0	2	0	0
44871	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44871 PE=3 SV=1	B7F7Y0_PHATC	29 kDa	0	0	1	3	0	0	0
51720	Fumarate reductase flavoprotein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51720 PE=4 SV=1	B7F7F5_PHATC	71 kDa	0	0	3	0	1	0	0
56613	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_56613 PE=3 SV=1	B5Y7W1_PHATC	55 kDa	0	0	1	1	0	0	0
56595	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_56595 PE=3 SV=1	B7G5F6_PHATC	48 kDa	0	0	3	1	0	0	0
50996	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_50996 PE=3 SV=1	B5Y3P1_PHATC	48 kDa	0	0	0	2	2	0	0
50146	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50146 PE=4 SV=1	B7G0A0_PHATC	62 kDa	0	0	0	1	0	2	1
37283	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_37283 PE=4 SV=1	B7G7N1_PHATC	114 kDa	0	0	3	1	0	0	0
23639	Precursor of phosphoglucoisomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23639 PE=4 SV=1	B7G6B01_PHATC	78 kDa	0	0	2	1	0	0	0
44546	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44546 PE=4 SV=1	B7F7G6_PHATC	35 kDa	0	0	1	2	1	0	0
0	Protoporphyrinogen oxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PPDO PE=3 SV=1	B7GDU9_PHATC	57 kDa	0	0	0	1	0	3	0
36104	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_36104 PE=4 SV=1	B7G0E2_PHATC	13 kDa	0	0	1	0	1	2	0
43922	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43922 PE=4 SV=1	B5Y4S4_PHATC	106 kDa	0	0	0	2	0	2	0
43037	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43037 PE=4 SV=1	B5Y3Z7_PHATC	118 kDa	0	0	0	0	2	0	0
46690	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46690 PE=4 SV=1	B5Y3G9_PHATC	31 kDa	0	0	0	2	2	0	0
49836	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49836 PE=4 SV=1	B7G0C6_PHATC	74 kDa	0	0	2	1	1	0	0
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP1mu PE=3 SV=1	B7FKX1_PHATC	50 kDa	0	0	0	2	1	0	1
48699	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48699 PE=4 SV=1	B7G7F1_PHATC	25 kDa	2	0	0	2	0	0	0
8686	45S ribosomal protein S12 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_8686 PE=3 SV=1	B7F9F1_PHATC	13 kDa	0	0	2	0	1	1	0
1129	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_1129 PE=3 SV=1	B7G6S5_PHATC	62 kDa	0	0	0	2	0	1	1
31367	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31367 PE=4 SV=1	B7G7E5_PHATC	89 kDa	0	0	0	2	0	1	0
26387	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_26387 PE=4 SV=1	B7F7E6_PHATC	118 kDa	0	0	1	1	2	0	0
49071	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49071 PE=4 SV=1	B7G7E1_PHATC	81 kDa	0	0	2	1	0	1	0
45133	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45133 PE=4 SV=1	B7G533_PHATC	14 kDa	0	0	0	0	2	2	0
45995	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45995 PE=4 SV=1	B7F7F3_PHATC	61 kDa	0	0	0	2	0	1	0
29340	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29340 PE=3 SV=1	B7G630_PHATC	55 kDa	0	0	3	1	0	0	0
7639	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_7639 PE=4 SV=1	B7F7Z8_PHATC	13 kDa	0	0	2	1	1	0	0
34888	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34888 PE=4 SV=1	B7F7O4_PHATC	28 kDa	0	0	2	1	1	0	0
45057	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45057 PE=4 SV=1	B7G0B8_PHATC	70 kDa	0	0	1	1	2	0	0
24238	Carbonate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_24238 PE=3 SV=1	B7G6M7_PHATC	36 kDa	0	0	2	0	1	1	0
42754	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42754 PE=4 SV=1	B7F7E9_PHATC	96 kDa	0	0	0	1	2	0	0
42638	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42638 PE=4 SV=1	B7F7P10_PHATC	53 kDa	0	0	0	2	1	1	0
50645	Serine/threonine-protein phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50645 PE=3 SV=1	B7F7F11_PHATC	37 kDa	0	0	0	1	2	0	1
bd1784	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1784 PE=4 SV=1	B7F4K5_PHATC	69 kDa	0	0	1	1	1	0	0
45223	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45223 PE=4 SV=1	B7F7W6_PHATC	45 kDa	0	1	0	0	0	0	0
37579	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_37579 PE=4 SV=1	B7G3B2_PHATC	39 kDa	0	0	2	1	1	0	0
42981	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42981 PE=4 SV=1	B7FQ81_PHATC	63 kDa	0	0	1	1	1	0	0
42897	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42897 PE=4 SV=1	B7F7P6_PHATC	48 kDa	0	0	1	1	1	2	0
26157	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_26157 PE=4 SV=1	B7F7B4_PHATC	31 kDa	0	0	0	0	0	3	1
0	Regulatory protein 6 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RPNG PE=4 SV=1	B7G5S4_PHATC	45 kDa	0	0	1	1	0	0	0
0	S05 ribosomal protein L20, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp20 PE=3 SV=1	RK20_PHATC	13 kDa	0	0	1	1	2	0	0
45319	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45319 PE=4 SV=1	B7F9X9_PHATC	112 kDa	0	0	0	2	0	2	0
47412	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47412 PE=4 SV=1	B7G3A5_PHATC	142 kDa	0	0	2	1	0	0	0
42289	Lysine-RNA ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42289 PE=3 SV=1	B7G0A4_PHATC	61 kDa	0	0	1	1	1	0	0
48353	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48353 PE=4 SV=1	B7G5S7_PHATC	75 kDa	0	0	0	0	1	0	0
45110	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45110 PE=4 SV=1	B7F7W7_PHATC	40 kDa	0	0	0	1	0	1	1
44806	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44806 PE=4 SV=1	B7F7Q2_PHATC	64 kDa	0	0	0	1	1	1	1
48263	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48263 PE=4 SV=1	B7G6I3_PHATC	43 kDa	0	0	0	0	1	1	1
48446	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48446 PE=4 SV=1	B7G746_PHATC	36 kDa	0	0	1	1	1	1	0
bd1471	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1471 PE=4 SV=1	B7S4E5_PHATC	21 kDa	0	0	1	1	0	0	0
12254	Peptidylglyoxyl isomerase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12254 PE=4 SV=1	B7F7Y9_PHATC	12 kDa	0	0	1	1	1	0	0
48896	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48896 PE=4 SV=1	B7G8S1_PHATC	31 kDa	0	1	1	1	1	0	0
19805	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_19805 PE=4 SV=1	B7F7X81_PHATC	31 kDa	0	1	1	1	1	0	0
17860	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17860 PE=4 SV=1	B7FQ54_PHATC	28 kDa	0	0	1	0	1	1	0
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SyE PE=3 SV=1	B7F7R3_PHATC	26 kDa	0	0	1	1	1	1	0
4937	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_4937 PE=4 SV=1	B7F7R8_PHATC	24 kDa	1	1	1	0	1	0	0
0	COP9 Signaling subunit 6 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CSN6 PE=3 SV=1	B7F7V7_PHATC	31 kDa	0	0	1	1	1	1	0
47062	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47062 PE=4 SV=1	B7G2B4_PHATC	41 kDa	0	1	1	1	1	1	0
51058	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51058 PE=3 SV=1	B7G360_PHATC	28 kDa	0	0	1	1	1	0	0
34681	0 3-oxoacyl-CoA synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FAH8 PE=3 SV=1	B7G0H0_PHATC	45 kDa	0	0	1	0	0	0	0
50588	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50588 PE=4 SV=1	B7F7W7_PHATC	36 kDa	0	1	1	0	0	1	0
0	Imitation switch isoform 1, alias nucleosome remodeling factor 140 kDa subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NURF-140 PE=4 SV=1	B7G2T7_PHATC	117 kDa	0	0	1	1	1	1	0
30572	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_30572 PE=4 SV=1	B7G0Q6_PHATC	52 kDa	0	0	1	1	1	1	0
bd2138	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd2138 PE=4 SV=1	B7S3X0_PHATC	13 kDa	1	0	1	1	0	1	0
44999	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44999 PE=4 SV=1	B7G0A51_PHATC	22 kDa	0	0	1	1	2	0	0
1	Dihydroalloamide acetyltransferase component of yuvate dehydrogenase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DH1A_1 PE=3 SV=1	B7F7F11_PHATC	52 kDa	1	0	1	1	1	0	0
16490	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16490 PE=4 SV=1	B7G9C2_PHATC	31 kDa	0	0	1	1	1	1	0
44507	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum									

15329	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15329 PE=4 SV=1	B7G85_PHATC	61 kDa	0	0	0	1	0	1	1	
0	Regulatory proteasome non-atpase subunit 5 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RPN5 PE=4 SV=1	B7F0A9_PHATC	51 kDa	0	0	1	0	1	1	0	
32316	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_32316 PE=4 SV=1	B7G011_PHATC	14 kDa	0	0	1	1	0	1	0	
45617	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45617 PE=4 SV=1	B7F5A5_PHATC	12 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
46323	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46323 PE=4 SV=1	B7G0U2_PHATC	35 kDa	0	1	0	1	0	0	1	
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp12 PE=4 SV=1	B5Y3U9_PHATC	28 kDa	0	1	1	0	1	0	0	
46867	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46867 PE=4 SV=1	B5Y414_PHATC	101 kDa	0	0	1	1	1	1	1	
42882	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42882 PE=4 SV=1	B7F9W3_PHATC	15 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
43162	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43162 PE=3 SV=1	B7G0U7_PHATC	16 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
43249	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43249 PE=3 SV=1	B7FR48_PHATC	34 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
5104	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_5104 PE=4 SV=1	B7F722_PHATC	29 kDa	0	0	0	1	1	0	1	ER-lumen retaining receptor, nicht lokalisiert
11441	DNA-directed RNA polymerase subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11441 PE=3 SV=1	B7F7G3_PHATC	137 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
45870	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45870 PE=4 SV=1	B7F7Z3_PHATC	28 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
0	Derlin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Der1-2 PE=3 SV=1	B7G0D4_PHATC	39 kDa	0	0	0	1	1	1	1	keine orthologische Translokation
46085	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46085 PE=4 SV=1	B7G006_PHATC	46 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
37131	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_37131 PE=3 SV=1	B7G279_PHATC	62 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
47067	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47067 PE=3 SV=1	B7G289_PHATC	130 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
15138	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15138 PE=4 SV=1	B7G7Z2_PHATC	36 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
15613	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15613 PE=3 SV=1	B7G099_PHATC	14 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
16944	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16944 PE=4 SV=1	B7G655_PHATC	49 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
17166	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17166 PE=4 SV=1	B7FRC3_PHATC	55 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
43541	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43541 PE=4 SV=1	B7F5K5_PHATC	69 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
25334	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_25334 PE=4 SV=1	B7F5I6_PHATC	35 kDa	0	1	1	0	1	0	0	
43763	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43763 PE=4 SV=1	B7F7D7_PHATC	52 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
51088	Isocitrate lyase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51088 PE=3 SV=1	B7G518_PHATC	65 kDa	1	0	1	0	1	0	0	
48723	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48723 PE=4 SV=1	B7G855_PHATC	58 kDa	0	0	1	1	0	0	0	
48876	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48876 PE=4 SV=1	B7G8P3_PHATC	163 kDa	0	0	1	1	0	1	0	
16430	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16430 PE=4 SV=1	B7G7C3_PHATC	52 kDa	0	0	1	0	1	1	0	
0	DNA-directed RNA polymerase subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ppa4 PE=3 SV=1	B7G0C4_PHATC	25 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
18458	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18458 PE=3 SV=1	B5Y4H4_PHATC	21 kDa	0	0	0	1	0	1	0	
43498	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43498 PE=4 SV=1	B7F5F5_PHATC	89 kDa	0	0	1	0	1	0	1	
11022	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11022 PE=4 SV=1	B7FU48_PHATC	39 kDa	0	0	1	2	0	0	0	
47999	Alanine-tRNA ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47999 PE=3 SV=1	B7G5M3_PHATC	105 kDa	0	0	1	0	1	0	1	
49819	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49819 PE=4 SV=1	B7G5C5_PHATC	47 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
15125	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15125 PE=3 SV=1	B7G7K4_PHATC	35 kDa	0	0	1	2	0	0	0	
0	S05 ribosomal protein L4, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpL4 PE=3 SV=1	RK4_PHATC	24 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
42646	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42646 PE=4 SV=1	B7F7P17_PHATC	29 kDa	0	0	1	1	0	1	0	putative cER-Lokalisation
47346	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47346 PE=4 SV=1	B7G515_PHATC	86 kDa	0	0	1	0	1	1	0	
0	Methionine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MTM1 PE=4 SV=1	B7G867_PHATC	128 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
18572	Catalase-peroxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18572 PE=3 SV=1	B5Y4V9_PHATC	82 kDa	0	0	0	1	1	0	0	
46526	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46526 PE=4 SV=1	B7G151_PHATC	35 kDa	1	0	0	1	1	0	0	
0	Regulatory proteasome non-atpase subunit 9 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RPN9 PE=4 SV=1	B7F6X8_PHATC	44 kDa	0	1	0	1	1	0	0	
1358	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_1358 PE=4 SV=1	B7F9H4_PHATC	53 kDa	0	0	1	0	1	1	0	
0	S05 ribosomal protein S2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpS2 PE=4 SV=1	RK2_PHATC	28 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
13150	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13150 PE=4 SV=1	B7G1H7_PHATC	58 kDa	0	0	1	1	0	1	0	
14756	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_14756 PE=4 SV=1	B7G690_PHATC	34 kDa	0	0	1	1	0	1	0	
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Albino3 PE=3 SV=1	B7G144_PHATC	52 kDa	0	1	0	1	0	1	0	
22113	Bifunctional aspartokinase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_22113 PE=4 SV=1	B7G5P2_PHATC	94 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
14623	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_14623 PE=4 SV=1	B7G5Q3_PHATC	28 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
25331	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_25331 PE=4 SV=1	B7F5L5_PHATC	57 kDa	0	0	0	1	1	0	0	
35647	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35647 PE=4 SV=1	B7F5V6_PHATC	30 kDa	0	0	0	1	0	1	1	
43938	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43938 PE=4 SV=1	B5Y4U3_PHATC	62 kDa	0	1	1	1	0	0	0	
32656	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_32656 PE=4 SV=1	B7F9S5_PHATC	70 kDa	0	1	0	0	0	2	0	
14427	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_14427 PE=4 SV=1	B7G5E7_PHATC	15 kDa	0	0	1	1	1	1	0	
16509	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16509 PE=3 SV=1	B7GCL4_PHATC	8 kDa	0	0	0	3	0	0	0	
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP2sigma PE=4 SV=1	B7G7W3_PHATC	18 kDa	0	0	1	1	1	0	0	
48955	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48955 PE=4 SV=1	B7G9O5_PHATC	203 kDa	0	0	2	0	0	1	0	
43138	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43138 PE=4 SV=1	B7F0R9_PHATC	30 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
13552	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13552 PE=4 SV=1	B7F9P2_PHATC	58 kDa	0	0	0	0	0	2	0	
49943	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49943 PE=4 SV=1	B7GCE0_PHATC	47 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
46317	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46317 PE=4 SV=1	B7G0T5_PHATC	44 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
41778	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_41778 PE=3 SV=1	B5Y4I5_PHATC	31 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
16222	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16222 PE=4 SV=1	B7F8U3_PHATC	56 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
49718	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_49718 PE=4 SV=1	B7G8N5_PHATC	41 kDa	0	0	0	0	0	2	0	
34884	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34884 PE=4 SV=1	B7F9V9_PHATC	45 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
43658	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43658 PE=4 SV=1	B7F711_PHATC	37 kDa	0	0	0	0	2	0	0	
0	Precursor of carboxylase pyruvate carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PYC2 PE=4 SV=1	B7GA98_PHATC	138 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
31544	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31544 PE=4 SV=1	B7FRM1_PHATC	113 kDa	0	0	2	0	0	0	0	
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RADX2 PE=4 SV=1	B5Y9R2_PHATC	24 kDa	0	0	0	3	0	0	0	
43611	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43611 PE=4 SV=1	B7F9P9_PHATC	51 kDa	0	0	0	0	0	1	0	
0	Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=DSP PE=1 SV=3	DESP_CON_HUMAN	332 kDa	0	0	0	0	0	2	0	
44391	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44391 PE=4 SV=1	B7F7Y0_PHATC	55 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
bd748	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd748 PE=4 SV=1	B7F488_PHATC	81 kDa	0	0	0	0	2	0	0	
42483	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42483 PE=4 SV=1	B7FRG1_PHATC	42 kDa	0	0	0	0	0	2	0	
11792	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_11792 PE=4 SV=1	B7F9G1_PHATC	21 kDa	0	0	0	0	0	0	0	
34028	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_34028 PE=4 SV=1	B7FUI8_PHATC	33 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
1884	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_1884 PE=4 SV=1	B7FVX9_PHATC	46 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
29260	Transketolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29260 PE=4 SV=1	B7G5R3_PHATC	74 kDa	0	0	2	0	0	0	0	
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TP0 PE=4 SV=1	B7G8D2_PHATC	41 kDa	0	0	0	0	0	2	0	
43939	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43939 PE=4 SV=1	B5Y4U4_PHATC	27 kDa	0	0	0	1	0	0	0	
45917	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45917 PE=4 SV=1	B7FZ55_PHATC	57 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
35442	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_35442 PE=4 SV=1	B7F7Y7_PHATC	86 kDa	0	0	0	0	2	0	0	
42446	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42446 PE=4 SV=1	B7FRB8_PHATC	35 kDa	0	0	0	0	0	2	0	
27709	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_27709 PE=4 SV=1	B7G0G3_PHATC	71 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
0	Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PGK PE=3 SV=1	B7G9J8_PHATC	47 kDa	0	0	0	2	0	0	0	
0	Sumo-activating enzyme 2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SAE2 PE=4 SV=1	B7FVU0_PHATC	70 kDa	0	0	0	1	0	0	0	
47783	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47783 PE=4 SV=1	B7G4W4_PHATC	20 kDa	0	0	0	0	1	0	1	
39827	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_39827 PE=4 SV=1	B7G9Q7_PHATC	34 kDa	0	0	0	0	0	1	1	keine Lokalisation, keine signifikanten PMS
31963	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31963 PE=4 SV=1	B7F7U2_PHATC	28 kDa	0	0	0	0	1	1	0	
4266	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_4266 PE=4 SV=1	B7F0Z9_PHATC	28 kDa	0	0	0	0	0	0	0	
44465	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44465 PE=4 SV=1	B7FU75_PHATC	146 kDa	0	0	0	0	0	1	1	
44873	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_44873 PE=4 SV=1	B7FVY4_PHATC	60 kDa	0	0	0	1	0	0	0	
48402	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48402 PE=4 SV=1	B7G7D3_PHATC	46 kDa	0	0	0	0	1	1	0	
50071	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50071 PE=4 SV=1	B7GCU0_PHATC	52 kDa	0	0	0	0	0	1	1	

44399	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44399 PE=4 SV=1	B7FTY9_PHATC	152 kDa	0	0	0	1	1	0	0
35050	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35050 PE=4 SV=1	B7FK3_PHATC	12 kDa	0	0	1	0	1	0	0
46676	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46676 PE=4 SV=1	B5Y1F1_PHATC	158 kDa	0	0	0	0	0	0	0
28833	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28833 PE=4 SV=1	B7GM33_PHATC	53 kDa	0	0	0	0	0	1	1
44796	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44796 PE=4 SV=1	B7FV90_PHATC	13 kDa	0	0	1	0	0	1	0
43748	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43748 PE=3 SV=1	B7FTB9_PHATC	27 kDa	0	0	0	0	0	1	1
34990	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34990 PE=4 SV=1	B7FK3_PHATC	27 kDa	0	1	1	0	0	0	0
46438	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46438 PE=4 SV=1	B7G579_PHATC	65 kDa	0	0	0	0	0	0	1
44393	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44393 PE=4 SV=1	B7FTY3_PHATC	66 kDa	0	0	1	0	0	0	0
41511	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41511 PE=3 SV=1	B7GEF0_PHATC	25 kDa	0	0	1	0	1	0	0
37419	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37419 PE=4 SV=1	B7G386_PHATC	58 kDa	0	0	1	1	0	0	0
38724	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_38724 PE=3 SV=1	B7G6N7_PHATC	26 kDa	0	0	0	1	1	0	0
40329	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40329 PE=4 SV=1	B7G6H9_PHATC	33 kDa	0	0	1	1	0	0	0
3	Dihydrolysoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHLTA_3 PE=3 SV=1	B7GD49_PHATC (+1)	49 kDa	0	0	0	0	0	1	0
56624	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56624 PE=4 SV=1	B7F522_PHATC	143 kDa	0	0	1	1	0	0	0
bd1572	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1572 PE=3 SV=1	B7S3N7_PHATC (+1)	50 kDa	0	0	0	1	1	0	0
48445	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48445 PE=4 SV=1	B7G757_PHATC	54 kDa	0	0	0	1	0	0	1
47998	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47998 PE=4 SV=1	B7G5M2_PHATC	85 kDa	0	0	1	1	0	0	0
0	Defin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHLTA_1 PE=3 SV=1	B7F936_PHATC	36 kDa	0	0	0	1	0	0	0
0	p18, P type ATPase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ATPase1-1B PE=3 SV=1	B7FUI0_PHATC	95 kDa	0	0	1	0	0	1	0
17332	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_17332 PE=4 SV=1	B7FNZ1_PHATC	42 kDa	0	0	1	0	1	0	0
15393	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15393 PE=4 SV=1	B7G884_PHATC	21 kDa	0	0	0	0	1	0	0
6587	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_6587 PE=4 SV=1	B7F9B0_PHATC	14 kDa	1	0	0	1	0	0	0
2	Dihydrolysoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHLTA_2 PE=3 SV=1	B7G377_PHATC	46 kDa	0	0	0	0	0	1	0
0	Plasma membrane ATPase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ATPase_3A PE=3 SV=1	B7FZC8_PHATC	88 kDa	0	0	0	1	0	1	0
45586	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45586 PE=4 SV=1	B7FV66_PHATC	76 kDa	0	0	0	1	0	1	0
45902	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45902 PE=4 SV=1	B7FZ35_PHATC	32 kDa	0	0	0	0	0	2	0
48864	Reductase with NAD+ NADP as acceptor OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48864 PE=3 SV=1	B7G6M9_PHATC	44 kDa	0	0	0	1	1	0	0
20812	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_20812 PE=4 SV=1	B7G137_PHATC	147 kDa	0	0	0	0	0	1	0
9400	Peptidylprolyl isomerase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_9400 PE=4 SV=1	B7FPT3_PHATC	14 kDa	0	0	1	0	1	0	0
15977	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15977 PE=4 SV=1	B7GAN3_PHATC	12 kDa	0	0	0	0	1	1	0
46780	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46780 PE=4 SV=1	B5Y3R5_PHATC	44 kDa	0	0	1	1	0	0	0
48325	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48325 PE=3 SV=1	B7G6R2_PHATC	72 kDa	0	0	0	0	1	1	0
12868	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12868 PE=4 SV=1	B7G639_PHATC	13 kDa	0	0	0	0	1	1	0
23557	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23557 PE=4 SV=1	B7G639_PHATC	43 kDa	0	0	0	0	0	2	0
50631	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50631 PE=3 SV=1	B7GER7_PHATC	66 kDa	0	0	0	1	0	0	1
39648	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_39648 PE=4 SV=1	B7G988_PHATC	34 kDa	0	0	1	0	0	1	0
38916	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_38916 PE=4 SV=1	B7G773_PHATC	38 kDa	0	0	0	1	0	1	0
43063	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43063 PE=4 SV=1	B7G613_PHATC	29 kDa	0	0	0	0	0	0	0
43463	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43463 PE=4 SV=1	B7F5B2_PHATC	63 kDa	0	0	0	0	0	1	0
13167	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_13167 PE=4 SV=1	B7G1C6_PHATC	23 kDa	0	0	0	0	0	0	0
47141	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47141 PE=4 SV=1	B7G2M3_PHATC	43 kDa	0	0	0	0	0	1	0
48173	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48173 PE=4 SV=1	B7G684_PHATC	82 kDa	0	0	0	0	0	0	0
49985	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49985 PE=4 SV=1	B7G6C5_PHATC	52 kDa	0	0	0	0	0	1	0
11901	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_11901 PE=4 SV=1	B7FK13_PHATC	19 kDa	0	0	1	0	0	0	0
0	Unknown decoy protein for peptide #17551	Unknown #17551-DECOY	?	0	1	0	0	0	0	0
46670	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46670 PE=4 SV=1	B5Y3E3_PHATC	51 kDa	0	0	0	0	1	0	0
46673	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46673 PE=4 SV=1	B5Y3E8_PHATC	47 kDa	0	0	0	0	1	0	0
0	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=6PGDH PE=3 SV=1	B7F9B5_PHATC (+1)	57 kDa	0	0	0	0	0	0	0
45711	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45711 PE=4 SV=1	B7FZB8_PHATC	106 kDa	0	0	0	0	1	0	0
14688	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_14688 PE=4 SV=1	B7G6H6_PHATC	45 kDa	0	0	0	0	0	0	0
0	Unknown decoy protein for peptide #35512	Unknown #35512-DECOY (+2)	?	0	0	0	0	1	0	0
21181	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21181 PE=4 SV=1	B5Y453_PHATC	35 kDa	0	0	1	0	0	0	0
10319	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10319 PE=4 SV=1	B5Y418_PHATC	114 kDa	0	0	0	0	0	0	0
18559	40S ribosomal protein S6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18559 PE=3 SV=1	B5Y4X4_PHATC	28 kDa	0	0	1	0	0	0	0
42736	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42736 PE=4 SV=1	B7FPC8_PHATC	40 kDa	0	0	1	0	0	0	0
0	Coumaryl-coa ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CCL1 PE=4 SV=1	B7FT13_PHATC	57 kDa	0	0	1	0	0	0	0
43760	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43760 PE=4 SV=1	B7FT04_PHATC	35 kDa	0	0	0	1	0	0	0
3298	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_3298 PE=4 SV=1	B7FT74_PHATC	42 kDa	0	0	0	0	0	0	0
44585	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44585 PE=3 SV=1	B7FUK7_PHATC	18 kDa	0	0	1	0	0	0	0
48279	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48279 PE=4 SV=1	B7G6K9_PHATC (+1)	96 kDa	0	0	1	0	0	0	0
15844	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15844 PE=4 SV=1	B7G957_PHATC	14 kDa	0	0	1	0	0	0	0
41238	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41238 PE=4 SV=1	B7G6D1_PHATC	80 kDa	0	0	0	1	0	0	0
bd1252	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1252 PE=4 SV=1	B7S3S6_PHATC	67 kDa	0	0	1	0	0	0	0
44798	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44798 PE=4 SV=1	B7F9P2_PHATC	51 kDa	0	0	0	0	1	0	0
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=5YB PE=3 SV=1	B5Y407_PHATC	29 kDa	0	0	0	1	0	0	0
46869	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46869 PE=4 SV=1	B5Y417_PHATC	106 kDa	0	0	0	1	0	0	1
51604	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_51604 PE=4 SV=1	B5Y557_PHATC	58 kDa	0	0	0	1	0	0	0
17408	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_17408 PE=4 SV=1	B7F973_PHATC	140 kDa	0	0	0	1	0	0	0
8910	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_8910 PE=3 SV=1	B7F962_PHATC	45 kDa	0	0	0	0	0	0	0
46089	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46089 PE=4 SV=1	B7G011_PHATC	14 kDa	0	0	0	1	0	0	0
0	Fumarate hydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Fum PE=3 SV=1	B7G0H8_PHATC	49 kDa	0	0	0	1	0	0	0
56588	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56588 PE=4 SV=1	B7G187_PHATC	61 kDa	0	0	0	1	0	0	0
22353	Sodium/hydrogen exchanger (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_22353 PE=3 SV=1	B7G8P9_PHATC	51 kDa	0	0	0	1	0	0	0
48575	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48575 PE=4 SV=1	B7G7D9_PHATC	28 kDa	0	0	0	0	0	0	0
39274	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_39274 PE=4 SV=1	B7G686_PHATC	75 kDa	0	0	0	1	0	0	0
15632	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15632 PE=3 SV=1	B7G981_PHATC	12 kDa	0	0	0	1	0	0	0
49657	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49657 PE=4 SV=1	B7G6C8_PHATC	104 kDa	0	0	0	1	0	0	0
10649	Hydroxymethylglutaryl-CoA synthase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_10649 PE=3 SV=1	B7G6D5_PHATC	50 kDa	0	0	0	1	0	0	0
50372	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50372 PE=4 SV=1	B7G672_PHATC	113 kDa	0	0	0	0	0	0	0
36081	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_36081 PE=3 SV=1	B7G6B8_PHATC	40 kDa	0	0	0	1	0	0	0
37749	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37749 PE=4 SV=1	B7G3N0_PHATC	64 kDa	0	0	0	1	0	0	0
6254	Golgi apparatus membrane protein TVP23 homolog (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_6254 PE=3 SV=1	B7FUI14_PHATC	20 kDa	0	0	0	0	1	0	0
36095	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_36095 PE=4 SV=1	B7G6D3_PHATC	24 kDa	1	0	0	0	0	0	0
31815	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31814 PE=4 SV=1	B7F344_PHATC	21 kDa	0	0	0	0	0	0	0
12373	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12373 PE=4 SV=1	B7FZ93_PHATC	23 kDa	0	0	0	1	0	0	0
0	Precursor of ligase long chain acyl-coa ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACL1 PE=4 SV=1	B7FQ93_PHATC	74 kDa	0	0	0	0	1	0	0
42799	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42799 PE=4 SV=1	B7FPL2_PHATC	152 kDa	0	0	1	0	0	0	0
47455	tRNA pseudouridine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47455 PE=3 SV=1	B7G314_PHATC	47 kDa	0	0	0	0	1	0	0
37349	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_37349 PE=4 SV=1	B5Y393_PHATC	56 kDa	0	0	0	0	1	0	0
37459	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37459 PE=4 SV=1	B7G3V6_PHATC	47 kDa	0	0	0	1	0	0	0
46446	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46446 PE=4 SV=1	B7G192_PHATC	74 kDa	0	0	0	1	0	0	0
44864	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44864 PE=4 SV=1	B7FVX5_PHATC	54 kDa	0	0	0	0	1	0	0
45401	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45401 PE=4 SV=1	B7FKA1_PHATC	91 kDa	0	0	0	1	0	0	0
0	alpha-tricalcium OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CATX PE=4 SV=1	B7G6B0_PHATC	22 kDa	0	0	0	0	0	1	0
48146	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48146 PE=4 SV=1	B7G654_PHATC	148 kDa	0	0	0	1	0	0	0
bd1636	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1636 PE=3 SV=1	B7S3Y3_PHATC	83 kDa	0	0	1	0	0	0	0
0	Precursor of synthase DXS 1-deoxy-d-xylulose-5-phosphate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DXS PE=3 SV=1	B7S452_PHATC	79							

ID	Optimize Description	Accession	Gelbande No 1		Gelbande No 2		Gelbande No 3		Gelbande No 4		Gelbande No 5		Gelbande No 6		Gelbande No 7		Gelbande No 8		Gelbande No 9	
			# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	# Peptides K2	# PSM K2
50236	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50236 PE=4 SV=1	B7GD66	10	16	14	24	14	20	13	21	14	21	14	18	12	17	15	20	13	19
42612	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42612 PE=4 SV=1	B7FNK7	1	1	2	2	1	1	3	3	2	2	2	2	3	3	2	2	2	
50019	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50019 PE=4 SV=1	B7GCM8	35	48	45	66	43	65	40	59	35	56	39	56	41	52	43	57	43	56
20787	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20787 PE=3 SV=1	B7G150	28	46	28	56	25	47	26	44	29	56	31	51	28	52	28	47	28	43
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sec4 PE=4 SV=1	B7G9I9	8	9	8	10	9	16	9	14	7	9	9	15	9	14	9	14	10	14
22873	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22873 PE=3 SV=1	B7G8Y4	13	15	14	19	14	20	13	19	12	15	13	18	13	18	13	18	13	18
1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_1 PE=3 SV=1	B7FPY8	10	11	14	16	20	23	22	26	12	15	23	29	22	26	21	25	19	23
26515	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26515 PE=4 SV=1	B7FVX0	9	25	8	32	10	38	11	36	11	39	11	29	9	22	12	31	10	25
54686	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54686 PE=4 SV=1	B7G2A6	40	54	46	63	47	71	48	63	46	67	45	60	45	62	47	68	43	62
42949	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42949 PE=4 SV=1	B7FQ44	1	1	2	2	1	1	2	2	2	2	2	3	3	1	1	2	2	
46336	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46336 PE=4 SV=1	B7GOV7	27	111	28	132	29	118	27	111	32	135	27	111	26	103	27	111	27	107
55230	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55230 PE=3 SV=1	B7GES3	28	38	29	43	31	44	32	44	27	38	35	47	31	40	34	43	26	34
43841	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43841 PE=4 SV=1	B5Y411	15	25	21	40	20	37	18	33	21	39	21	39	21	37	22	40	21	38
30660	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30660 PE=4 SV=1	B7GBL1	6	7	7	8	8	10	12	7	7	7	9	11	6	8	9	11	7	9
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab1a PE=4 SV=1	B7G6A9	5	5	5	5	5	5	4	4	3	3	4	4	5	5	4	4	4	4
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab2 PE=4 SV=1	B7G5M5	2	2	5	5	3	3	2	2	4	5	3	3	4	5	2	2	4	4
46612	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46612 PE=3 SV=1	B7G1V3			1	1	1	1									1	1		
46248	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46248 PE=4 SV=1	B7G0K8	6	8	8	10	7	8	7	8	10	12	8	9	6	7	9	11	9	10
19025	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19025 PE=4 SV=1	B7FUB2	6	6	6	6	7	7	6	6	5	5	5	5	6	6	7	7	5	5
49151	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49151 PE=4 SV=1	B7G9N5	17	22	16	27	19	25	17	22	20	30	16	22	18	26	19	25	16	23
bd1023	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1023 PE=3 SV=1	B7S491	1	1			1	1												
26635	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26635 PE=4 SV=1	B7FV45	23	62	28	106	25	84	25	78	30	95	25	78	24	72	26	82	25	76
45887	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45887 PE=4 SV=1	B7FZ18	11	15	10	15	7	11	10	14	8	11	9	12	8	13	8	11	8	12
47612	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47612 PE=4 SV=1	B7G4A0	26	43	26	51	26	58	25	50	27	50	26	47	25	46	26	59	26	44
51066	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51066 PE=4 SV=1	B7G3G6	7	8	6	6	6	6	8	8	5	7	5	5	5	5	6	6	6	6
30486	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30486 PE=3 SV=1	B7G8B6	6	6	6	7	6	7	7	8	7	8	8	10	6	6	6	8	6	7
29885	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29885 PE=3 SV=1	B7G8H7	6	8	10	14	10	14	11	14	9	12	8	10	12	15	9	12	8	11
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Arl1 PE=3 SV=1	B7FR50	6	6	2	2	2	2	3	3	2	2	2	2	2	2	1	1	2	2
44804	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44804 PE=4 SV=1	B7FVP9	3	3	5	5	8	10	9	10	6	6	8	9	6	7	8	9	7	7
48507	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48507 PE=4 SV=1	B7G7I0	3	4	6	9	7	9	6	9	6	7	8	11	6	8	8	11	8	11
16334	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16334 PE=4 SV=1	B7GC23	5	6	7	10	6	10	6	10	5	7	6	10	4	8	5	9	5	9
33768	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_33768 PE=3 SV=1	B7FTT6	5	7	7	12	5	7	6	7	4	5	6	8	7	10	5	6	5	8
11014	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11014 PE=4 SV=1	B7FRF6	17	24	16	21	12	15	15	19	9	10	14	20	17	22	14	18	17	24
49764	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49764 PE=3 SV=1	B7GBT9			1	1			1	2			2	3	1	1	1	1	2	2
44980	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44980 PE=4 SV=1	B7FV55	16	28	21	42	21	46	17	41	20	36	16	39	15	33	18	41	16	37
48511	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48511 PE=4 SV=1	B7G7I4	11	18	15	29	13	21	12	19	13	23	14	24	12	23	17	28	11	20
51291	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51291 PE=3 SV=1	B7GED8	4	5	3	4	4	4	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3
22819	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22819 PE=3 SV=1	B7G8P1	1	1	2	2	2	2	3	3	1	1	3	4	3	4	3	3	3	4
32326	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32326 PE=4 SV=1	B7FQV1	4	4	4	4	3	3	1	1	2	2	4	4	3	3	5	5	3	3
47403	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47403 PE=4 SV=1	B7G395	10	11	11	14	10	11	11	14	10	14	13	17	11	14	13	15	13	14
19030	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19030 PE=3 SV=1	B7FUB3	4	5	4	5	6	7	5	6	2	3	4	5	5	7	5	7	5	6
3120	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3120 PE=4 SV=1	B7FQ87	5	5	4	4	4	5	5	5	3	3	5	5	4	4	5	5	4	4
11373	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11373 PE=4 SV=1	B7FV69	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1
44596	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44596 PE=4 SV=1	B7FUM1	7	11	8	12	9	15	9	16	8	14	9	15	9	16	9	15	9	14
50191	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50191 PE=4 SV=1	B7GD91	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
39237	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39237 PE=4 SV=1	B7G7G1	6	7	8	12	8	10	10	12	7	9	10	12	8	10	11	15	9	12
6847	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_6847 PE=3 SV=1	B7FXJ2	3	3	1	1	1	1	2	2	1	1	4	4	2	2	2	2	2	2
28979	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28979 PE=3 SV=1	B7G4K6	1	1	2	3	5	6	5	5	2	2	5	5	5	5	5	5	5	6
16798	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16798 PE=4 SV=1	B7GDG1	7	14	7	13	5	11	6	15	6	9	6	12	6	15	6	11	5	11
1884	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_1884 PE=4 SV=1	B7FVX9																		
46133	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46133 PE=4 SV=1	B7G0G3	1	1	1	2	2	2	1	1	3	5	1	1	2	2	1	1	1	1
1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCase_1 PE=3 SV=1	B7G1G6	12	12	12	14	16	23	17	21	12	15	16	20	10	14	16	19	15	18
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab11 PE=4 SV=1	B7GDZ3	1	1	2	2	4	4	4	4	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2
29097	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29097 PE=3 SV=1	B7G544	1	1	2	2	4	4	4	4	1	1	4	4	3	3	3	3	3	3
45335	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45335 PE=4 SV=1	B7FXB8			2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
23497	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23497 PE=4 SV=1	B7GBX2	68	152	74	199	76	167	72	161	73	165	70	150	68	141	72	167	71	154
50650	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50650 PE=4 SV=1	B7FP19																		
42434	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42434 PE=4 SV=1	B7FR99	3	3	5	5	6	6	4	4	4	4	5							

33660	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_33660 PE=4 SV=1	B7FT10	5	5	7	8	9	10	9	11	6	7	8	9	6	7	9	11	7	9
12346	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12346 PE=4 SV=1	B7FYN5	7	11	8	10	5	8	6	7	6	7	7	9	6	9	7	11	7	8
12379	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12379 PE=3 SV=1	B7FYN0	3	4	2	2	2	2	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1
46735	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_46735 PE=4 SV=1	B5Y319	3	3	3	3	4	5	5	8	2	2	4	4	4	4	6	5	6	6
29177	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29177 PE=3 SV=1	B7G5I7	5	6	4	5	4	5	7	9	5	6	4	7	5	6	4	5	5	6
40433	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40433 PE=4 SV=1	B7GBF0	19	44	18	48	17	48	19	47	19	50	19	46	17	50	21	48	18	47
24978	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24978 PE=3 SV=1	B7FQ08	8	8	5	5	7	7	6	6	5	5	8	8	7	7	8	8	5	5
11673	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11673 PE=4 SV=1	B7FWC4	4	4	1	2	3	3	5	5	1	2	5	6	4	5	4	6	4	5
43671	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43671 PE=3 SV=1	B7FTZ5	4	4	4	4	6	7	6	7	7	11	5	6	6	7	6	7	4	6
bd1677	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1677 PE=4 SV=1	B7S437	17	32	18	36	18	32	17	32	15	31	19	33	18	35	19	35	16	34
35378	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35378 PE=4 SV=1	B7FYC4	2	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	3	3	3	3	1	1
31073	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31073 PE=4 SV=1	B7GDN5	2	2	1	1	1	1	2	2	1	1	2	2	2	2	2	2	1	1
23079	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23079 PE=4 SV=1	B7GA10	2	2	3	3	3	3	2	2	5	6	4	4	4	4	4	4	4	4
43302	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43302 PE=4 SV=1	B7FRT1	10	25	15	33	15	42	15	27	14	36	17	31	13	18	14	29	13	18
48850	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48850 PE=4 SV=1	B7G8K7	2	2	2	4	3	3	5	5	2	2	2	2	5	5	5	2	2	2
42659	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42659 PE=4 SV=1	B7FPJ5	5	6	4	3	3	3	4	5	1	1	6	6	5	5	2	2	5	5
44639	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44639 PE=4 SV=1	B7FUS2	15	21	12	19	14	22	16	22	13	25	13	20	17	22	12	16	15	19
11305	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11305 PE=4 SV=1	B7FV90	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	2	1	1
44357	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44357 PE=4 SV=1	B7FTU6	3	3	3	5	3	4	4	6	4	4	3	6	3	6	4	5	5	7
45921	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45921 PE=4 SV=1	B7FZ61	2	2																
42911	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42911 PE=4 SV=1	B7FQ00	1	1	1	1	2	2	3	3	2	2	3	3	5	5	3	3	3	3
1341	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_1341 PE=4 SV=1	B7FSU6	6	6	6	6	7	7	7	7	7	7	9	9	5	5	9	9	6	6
46126	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46126 PE=3 SV=1	B7G054	3	4	2	3	2	3	3	5	2	4	3	4	4	5	3	4	4	5
35304	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35304 PE=4 SV=1	B7FY50	4	4	3	6	4	6	3	4	3	4	3	4	4	5	3	4	3	5
50701	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50701 PE=3 SV=1	B7FRR3	1	1	3	3	1	1	2	3	2	2	2	2	1	1	1	1	2	2
43162	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43162 PE=3 SV=1	B7FQU7	1	1	2	2	3	3	2	2	2	2	2	2	1	1	2	4	4	4
23324	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23324 PE=3 SV=1	B7GB09	3	3	3	4	3	4	3	4	3	4	3	3	3	3	4	4	4	5
44756	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44756 PE=4 SV=1	B7FV18	4	5	6	6	5	5	7	7	2	3	5	5	7	8	6	7	8	8
54855	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54855 PE=4 SV=1	B7G5Z1	2	2	3	3	3	3	5	5	1	1	4	4	5	5	4	4	3	3
56583	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56583 PE=4 SV=1	B7FXS9	3	4	6	6	3	3	5	6	4	5	4	5	3	4	4	4	3	3
46098	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46098 PE=4 SV=1	B7G0Z2	2	2	5	5	7	7	4	4	4	4	4	4	3	3	5	7	5	6
45813	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45813 PE=4 SV=1	B7FYR9																		
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MDH PE=3 SV=1	B7GEG9							1	1			1	1				2	2	
26970	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26970 PE=4 SV=1	B7FXG3			1	1	1	1	2	2	2	2	3	3	2	2	3	3	2	2
20755	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20755 PE=3 SV=1	B7G0Y5	3	8	3	9	3	9	3	10	4	8	4	8	4	7	3	8	2	6
22183	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_22183 PE=3 SV=1	B5Y460	10	21	14	34	15	33	15	29	13	27	15	36	14	32	15	47	13	33
49189	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49189 PE=4 SV=1	B7G9S4	2	2	3	3	3	4	2	3	2	2	2	3	2	3	2	3	2	3
17885	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17885 PE=3 SV=1	B7FQV9	1	1													1	1		
bd176	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd176 PE=4 SV=1	B7S4Z3							1	2			1	1			1	1	1	1
45385	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45385 PE=4 SV=1	B7FXH8	1	1	3	3	2	2	4	5	1	1	4	4	4	4	6	6	2	2
47811	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47811 PE=4 SV=1	B7G500															1	1		
15138	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15138 PE=4 SV=1	B7G7Z2	1	1	2	3	3	3	4	4	2	3	4	5	2	2	3	3	3	4
13167	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13167 PE=4 SV=1	B7G1C6																		
21548	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21548 PE=4 SV=1	B7G341	14	16	18	25	18	25	24	28	19	23	16	20	23	29	25	30	19	23
45465	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45465 PE=4 SV=1	B7FXS8	4	5	6	6	4	4	5	6	5	6	5	6	3	4	6	6	3	3
48767	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48767 PE=4 SV=1	B7G8A8	3	3	7	7	7	8	6	7	6	7	6	6	6	8	7	8	7	8
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TuFA PE=3 SV=1	B7GA11	8	8	6	7	7	8	8	9	7	7	6	7	6	7	6	7	6	7
23629	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23629 PE=3 SV=1	B7GCD8	19	24	17	19	16	25	20	26	15	22	19	24	23	30	17	23	20	29
43694	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43694 PE=3 SV=1	B7FT54	10	15	9	12	9	11	7	8	8	11	6	8	8	13	8	11	7	9
43939	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_43939 PE=4 SV=1	B5Y4U4			2	2	2	2	4	4	3	3	2	2	2	2	2	2	2	2
23552	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23552 PE=4 SV=1	B7GC36	13	15	13	14	17	20	13	13	12	13	17	18	17	17	12	14	18	19
18398	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18398 PE=3 SV=1	B7FTE2	5	5	4	4	6	6	5	5	4	5	4	4	4	4	4	4	4	4
31433	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31433 PE=4 SV=1	B7FRB6	13	15	12	15	7	10	8	10	6	8	6	8	9	12	10	13	8	11
28359	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28359 PE=4 SV=1	B7G216	3	3	4	4	2	2	4	4	3	3	3	3	5	5	2	2	3	3
35766	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35766 PE=4 SV=1	B7FZ72	3	3	5	6	5	5	4	4	6	7	5	6	4	4	6	6	5	5
9046	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9046 PE=4 SV=1	B7FP18	2	2	2	2	2	2	2	3	3	3	2	2	2	2	2	2	2	2
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RabX2 PE=4 SV=1	B5YSR2	2	2	3	3	4	5	4	5	2	2	4	4	2	2	3	4	3	3
1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SLCAA_1 PE=4 SV=1	B7FYF1	5	6	8	11	8	11	6	7	7	8	8	13	9	11	8	14	8	10
5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=helicase_5 PE=4 SV=1	B7GEM2	5	5	5	5	5	5	5	5	5	6	7	7	4	4	4	4	6	6
23281	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23281 PE=4 SV=1	B7GAV2	2	2	3	3	3	3	3	3	3	3	2	2	4	4	2	2	3	3
26382	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26382 PE=4 SV=1	B7FE33	3	3	1	1	2	2	2	2	1	1	2	2	2	2	3	3	3	3
44450	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44450 PE=4 SV=1	B7FUS7			2	2	3	4	2	2	2	2	3	4	2	3	2	3	3	3
54536	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54536 PE=4 SV=1	B7G0E9	5	5	7	8	7	8	5	5	8	9	7	8	6	7	5	6	8	9
49056	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49056 PE=4 SV=1	B7G9C6	1	1	1	1							1	1	2	2	1	1	1	1
36600	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36600 PE=3 SV=1	B7G1T6	1	2	2	3	1	3	1	3	1	2	1	3	2	4	2	4	1	3
31919	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31919 PE=3 SV=1	B7FPQ0	5	6	3	5	3	4	5	6	3	5	3	5	4	5	4	5	3	6
47843	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47843 PE=3 SV=1	B7G539			1	1							1	1	1	1	1	1	1	1
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp2 PE=4 SV=1	B5Y3U9	3	3	5	6	4	5	4	4	6	7	5	5	5	5	5	5	4	4
45947	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45947 PE=3 SV=1	B7FZ92	1	1			2	2	1	1	3	4	1	1	2	2	2	2	1	1
42790	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum																			

19805	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19805 PE=4 SV=1	B7FXB1	1	1	3	3	2	3	3	4	2	2	4	5	4	5	3	4	4	5
45653	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45653 PE=4 SV=1	B7FYE8	6	8	7	9	8	10	8	10	10	13	9	11	7	9	10	13	6	8
42728	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42728 PE=4 SV=1	B7FPB9	4	4	4	5	4	4	5	6	4	6	4	4	2	2	4	4	4	4
45223	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45223 PE=4 SV=1	B7FWW6	5	6	5	7	4	5	5	6	5	7	4	5	6	8	4	5	5	6
44488	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44488 PE=4 SV=1	B7FUA4	8	19	8	16	8	15	8	19	8	16	7	14	7	18	8	16	8	16
37959	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37959 PE=4 SV=1	B7G4J1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1	1
6062	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_6062 PE=4 SV=1	B7G6S9	2	2			1	1			1	1								
43718	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43718 PE=4 SV=1	B7FT79					2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
13361	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_13361 PE=3 SV=1	B5Y405	2	2	3	3	4	4	7	7	3	4	6	6	4	4	6	6	4	4
36906	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_36906 PE=4 SV=1	B5Y401	2	2	4	7	5	6	4	4	3	3	4	5	4	4	4	6	5	6
47590	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47590 PE=4 SV=1	B7G469	14	16	15	22	16	25	17	27	14	16	15	22	14	20	14	22	15	22
43856	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_43856 PE=4 SV=1	B5Y417	16	23	17	23	19	28	18	23	15	19	18	25	17	20	17	21	15	22
54466	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54466 PE=4 SV=1	B7FYL4	2	2	5	5	4	4	4	4	5	5	2	2	3	3	3	3	2	2
42675	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42675 PE=4 SV=1	B7FP52	3	3	4	5	7	8	7	8	7	7	5	6	7	8	5	5	4	5
28562	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28562 PE=3 SV=1	B7G2U6	2	2	1	1	2	2	3	3	1	1	2	2	3	3	2	2	2	2
11674	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11674 PE=4 SV=1	B7FWA2	5	5	5	5	7	7	6	7	6	7	8	9	7	7	7	9	5	6
50500	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50500 PE=3 SV=1	B7GEA6	4	5	4	6	5	8	4	5	3	6	5	8	4	5	4	7	4	5
15815	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15815 PE=3 SV=1	B7G9Z6	8	11	12	15	11	15	10	13	9	12	11	13	9	11	12	16	9	13
47193	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47193 PE=4 SV=1	B7G2T6	1	1	1	1	1	1	4	4	1	1	1	1	4	5	5	5	5	5
43657	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43657 PE=3 SV=1	B7FT10	2	2	1	1	1	3	4	4	5	3	3	5	6	3	4	3	4	4
32316	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32316 PE=4 SV=1	B7FQU1	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	2	3	2	2
48085	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48085 PE=4 SV=1	B7G5X8	3	3	1	1	1	1	2	2	3	3	1	1	1	1	2	2	1	1
36311	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36311 PE=4 SV=1	B7G0Z7	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	3	3	2	2	2	2
47657	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47657 PE=4 SV=1	B7G4F8	2	2	3	3	4	4	4	4	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4
19901	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19901 PE=4 SV=1	B7FXQ3	1	1	7	8	6	6	6	6	4	5	8	9	2	2	5	6	3	3
45835	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45835 PE=4 SV=1	B7FVY4	16	22	15	22	17	23	17	21	15	23	17	23	16	21	18	23	17	24
45624	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45624 PE=4 SV=1	B7FYB3	1	1	3	3	3	3	3	3	2	3	4	4	3	3	5	5	3	3
48524	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48524 PE=4 SV=1	B7G7J9	5	5	7	8	7	7	5	6	6	6	7	7	4	4	7	7	7	7
16540	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16540 PE=3 SV=1	B7GCN0	5	9	5	8	5	6	7	11	4	9	7	11	8	11	8	9	7	10
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHAP1/2beta PE=4 SV=1	B7S4C6	6	7	6	6	8	8	5	5	5	5	7	7	6	6	7	7	7	7
31322	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31322 PE=3 SV=1	B7GEH1	1	1	3	3	2	2	1	1	2	2	2	2	1	1	2	2	1	1
44489	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44489 PE=4 SV=1	B7FUA5					1	1					1	1			1	1		
25218	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_25218 PE=4 SV=1	B7FS34	2	2	2	2	2	2	3	4	3	4	3	3	4	4	3	3	2	2
3241	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3241 PE=4 SV=1	B7FNW0																		
1372	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_1372 PE=3 SV=1	B7GA46	1	1	1	2	1	2	1	1			1	2			2	3	3	4
43225	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43225 PE=4 SV=1	B7FR19											1	1	2	2				
2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCae_2 PE=3 SV=1	B7G7J5	2	2	5	6	5	5	6	6	4	7	5	6	4	4	5	5	6	6
0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=chk2 PE=3 SV=1	B7FUM9	1	1			3	3	3	3	1	1	1	1	2	2	2	2	3	3
45016	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45016 PE=4 SV=1	B7FVA7					1	1	1	1							1	1		
21323	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21323 PE=3 SV=1	B7G2B5	2	2	1	1	2	2	1	1	1	1	2	2	1	1	2	2	1	1
48010	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48010 PE=4 SV=1	B7GSN4	1	1	3	4	5	5	4	4	3	3	4	5	1	1	3	5	3	3
45017	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45017 PE=4 SV=1	B7FVA8	2	2	7	7	5	5	5	7	8	8	7	7	4	5	6	7	5	6
34681	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34681 PE=4 SV=1	B7FWD7			1	1	1	1	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1
30394	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30394 PE=3 SV=1	B7GAU1			1	1			1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
48909	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48909 PE=4 SV=1	B7GB77	1	1	1	1	2	2	3	3	1	1	3	3	3	3	3	3	3	3
48411	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48411 PE=3 SV=1	B7G7J5	1	1	1	1	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	1	1
47742	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47742 PE=4 SV=1	B7G4R1	1	1	1	1	1	1	1	1			1	2	2	2				
46664	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_46664 PE=4 SV=1	B5Y3D6	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
47141	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47141 PE=4 SV=1	B7G2M3															1	1		
47804	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47804 PE=3 SV=1	B7G4Z0	1	1	1	1	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
37388	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37388 PE=4 SV=1	B7G2W3			2	2	3	3	2	2	2	2	5	5	1	1	4	4	3	3
48573	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48573 PE=4 SV=1	B7G7O5	1	1	2	2	4	7	6	8	1	1	5	8	5	5	4	7	4	7
25217	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_25217 PE=4 SV=1	B7FS33	2	2	4	4	5	6	4	5	2	3	4	5	3	4	3	5	6	6
48699	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48699 PE=4 SV=1	B7G7F1	3	3	4	4	3	3	4	4	4	4	4	4	3	3	4	4	3	3
46071	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46071 PE=4 SV=1	B7FZV4																		
42538	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42538 PE=3 SV=1	B7FRM9	1	1	1	1	2	3	2	3	1	1	2	2	2	3	2	3	2	3
46131	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46131 PE=4 SV=1	B7G0S9	2	4	3	5	4	6	3	5	4	6	3	5	2	4	4	6	4	6
50966	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50966 PE=3 SV=1	B7G134	1	1	8	9	6	6	6	6	3	3	7	7	3	3	6	6	5	5
47080	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47080 PE=3 SV=1	B7G2D6																		
29702	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29702 PE=3 SV=1	B7G7W5	4	4	5	6	8	9	10	10	6	7	8	8	8	8	8	9	7	7
40052	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40052 PE=4 SV=1	B7GAC5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
43061	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43061 PE=4 SV=1	B7FQH8	2	2	3	4	2	3	4	4	1	2	4	4	2	2	4	4	3	4
43352	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43352 PE=4 SV=1	B7FRY8	1	1	1	1	1	1	1	1			2	2	1	1	1	1		
42504	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42504 PE=4 SV=1	B7FRIS																		
45886	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45886 PE=4 SV=1	B7FZ17	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	3	3	2	2	3	3	1	1
bd192	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd192 PE=4 SV=1	B7S410	1	1			2	2	3	3			3	3	2	2	3	3	2	2
7528	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_7528 PE=4 SV=1	B7FSI8							1	1										
21116	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_21116 PE=3 SV=1	B5Y3V3	2	2	2	2	3	3	4	4	4	4	4	4	4	5	3	3	5	5
40063	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40063 PE=4 SV=1	B7GAD5			2	2	1	1												
47413	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47413 PE=4 SV=1	B7G3A6			1	1							1	1			1	1		
14260	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14260 PE=3 SV=1																			

Digitaler Anhang D3__LC-MS eGFP-pulldown mit dem Fusionsprotein

BTSsHp70dReGFP

GFP-PD_01_Lmsf Kontrolle = zytoplasmisches GFP						hair Protein-PD_01_2_msf						hair Protein-PD_01_3_msf											
Accession	Description	Score	Coverage	# Unique Peptides	# Peptides	# PSMs	MW [kDa]	Accession	Description	Score	Coverage	# Unique Peptides	# Peptides	# PSMs	MW [kDa]	Accession	Description	Score	Coverage	# Unique Peptides	# Peptides	# PSMs	MW [kDa]
P42212	Green fluorescent protein OS=Aequorea victoria GN=GFP PE=1 SV=1 - [GFP_CON_AEQV]	41159,98	98,74%	34	35	1543	26,9	P04264	Keratin, type II cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6 - [K2C1_CON-HUMAN]	35852,69	67,55%	61	74	1338	66	P04264	Keratin, type II cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6 - [K2C1_CON-HUMAN]	40765,36	73,45%	61	74	1390	66
P04264	Keratin, type II cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6 - [K2C1_CON-HUMAN]	27633,14	72,83%	68	76	1063	66	P13645	Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT10 PE=1 SV=6 - [K1C10_CON-HUMAN]	30941,59	66,44%	51	62	1246	58,8	P13645	Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT10 PE=1 SV=6 - [K1C10_CON-HUMAN]	36146,88	66,44%	50	62	1488	58,8
P13645	Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT10 PE=1 SV=6 - [K1C10_CON-HUMAN]	21624,31	67,47%	55	65	1104	58,8	P35527	Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3 - [K1C9_CON-HUMAN]	22558,41	98,07%	63	64	1211	62	P35527	Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3 - [K1C9_CON-HUMAN]	34576,74	97,27%	65	68	1661	62
P35527	Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3 - [K1C9_CON-HUMAN]	18882,74	98,72%	68	69	1170	62	P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K2E_CON-HUMAN]	22248,82	92,33%	53	74	971	65,4	P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K2E_CON-HUMAN]	31224,21	92,33%	60	80	1185	65,4
P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K2E_CON-HUMAN]	12864,33	89,83%	52	72	648	65,4	P02533	Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Homo sapiens GN=KRT14 PE=1 SV=4 - [K1C14_CON-HUMAN]	10392,64	80,51%	20	54	427	51,5	P02533	Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Homo sapiens GN=KRT14 PE=1 SV=4 - [K1C14_CON-HUMAN]	11734,88	79,66%	19	53	427	51,5
P02533	Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Homo sapiens GN=KRT14 PE=1 SV=4 - [K1C14_CON-HUMAN]	12625,81	83,90%	23	60	515	51,5	P00761	Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1 - [TRYP_CON-PIG]	6964,87	54,55%	9	10	398	24,4	P13647	Keratin, type II cytoskeletal 5 OS=Homo sapiens GN=KRT5 PE=1 SV=3 - [K1C5_CON-HUMAN]	7810,74	63,90%	35	60	359	62,3
P00761	Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1 - [TRYP_CON-PIG]	10229,56	84,78%	11	55	402	51,2	P08779	Keratin, type I cytoskeletal 16 OS=Homo sapiens GN=KRT16 PE=1 SV=4 - [K1C16_CON-HUMAN]	6907,97	76,11%	8	44	327	51,2	P08779	Keratin, type I cytoskeletal 16 OS=Homo sapiens GN=KRT16 PE=1 SV=4 - [K1C16_CON-HUMAN]	7686,4	76,11%	19	47	327	51,2
P08779	Keratin, type I cytoskeletal 16 OS=Homo sapiens GN=KRT16 PE=1 SV=4 - [K1C16_CON-HUMAN]	7718,92	76,60%	22	26	399	31	P13647	Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42406 PE=3 SV=1 - [B7FNLU_PHATC]	6490,24	62,71%	37	60	301	62,3	P00761	Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1 - [TRYP_CON-PIG]	7489,48	56,28%	10	10	424	24,4
B7FNLU	Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42406 PE=3 SV=1 - [B7FNLU_PHATC]	6960,79	68,60%	6	61	306	57,8	P15924	Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=KRT5 PE=1 SV=3 - [K2C5_CON-HUMAN]	5865,03	52,66%	149	153	245	331,6	P04259	Keratin, type II cytoskeletal 6B OS=Homo sapiens GN=KRT6B PE=1 SV=5 - [K2C6B_CON-HUMAN]	6811,92	59,93%	2	47	287	60
B4DRRO	cDNA FLJ53910, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 6A OS=Homo sapiens GN=KRT6A PE=1 SV=1 - [B4DRRO_CON-HUMAN]	6741,7	63,48%	4	56	300	60	P04259	Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=KRT6B PE=1 SV=5 - [K2C6B_CON-HUMAN]	5698,23	57,09%	3	45	244	60	P48668	Keratin, type II cytoskeletal 6C OS=Homo sapiens GN=KRT6C PE=1 SV=3 - [K2C6C_CON-HUMAN]	6502,24	60,99%	2	51	279	60
P04259	Keratin, type II cytoskeletal 6B OS=Homo sapiens GN=KRT6B PE=1 SV=5 - [K2C6B_CON-HUMAN]	6669,58	64,89%	2	58	303	60	B4DRRO	cDNA FLJ53910, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 6A OS=Homo sapiens GN=KRT6A PE=1 SV=1 - [B4DRRO_CON-HUMAN]	5481,85	62,06%	6	49	239	57,8	B4DRW1	cDNA FLJ5805, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 4 OS=Homo sapiens GN=KRT4 PE=2 SV=1 - [B4DRW1_CON-HUMAN]	6441,98	66,24%	26	36	190	51,7
P48668	Keratin, type II cytoskeletal 6C OS=Homo sapiens GN=KRT6C PE=1 SV=3 - [K2C6C_CON-HUMAN]	6609,96	61,60%	8	8	391	24,4	B4DRW1	cDNA FLJ5805, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 4 OS=Homo sapiens GN=KRT4 PE=2 SV=1 - [B4DRW1_CON-HUMAN]	3999,28	47,05%	14	22	137	51,7	B4DRRO	cDNA FLJ53910, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 6A OS=Homo sapiens GN=KRT6A PE=2 SV=1 - [B4DRRO_CON-HUMAN]	6355,34	60,93%	3	47	272	57,8
P00761	Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1 - [TRYP_CON-PIG]	6177,09	62,03%	32	58	300	62,3	Q04695	Keratin, type I cytoskeletal 17 OS=Homo sapiens GN=KRT17 PE=1 SV=2 - [K1C17_CON-HUMAN]	3888,07	80,32%	20	48	178	48,1	QBH2R5	Keratin, type II cytoskeletal 9 OS=Potororus tridactylus GN=KRT7 PE=2 SV=1 - [K2C7_CON-PTTR]	5073,51	11,80%	1	9	154	53,3
P13647	Keratin, type II cytoskeletal 5 OS=Homo sapiens GN=KRT5 PE=1 SV=3 - [K2C5_CON-HUMAN]	4932,55	75,82%	15	20	334	30,1	Q6K866	Keratin, type I cytoskeletal 8 OS=Homo sapiens GN=KRT8 PE=1 SV=2 - [K2C8_CON-HUMAN]	3632,81	57,74%	21	25	118	50,5	Q6K866	Keratin, type I cytoskeletal 8 OS=Homo sapiens GN=KRT8 PE=1 SV=2 - [K2C8_CON-HUMAN]	4951,73	49,78%	19	22	131	50,5
B7FXPB	Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45443 PE=3 SV=1 - [B7FXPB_PHATC]	4587,74	52,65%	33	34	196	54	Q4F2U2	Keratin, type II cytoskeletal 6A OS=Rattus norvegicus GN=Krt6A PE=1 SV=1 - [K2C6A_CON-RAT]	3614,52	25,91%	1	20	141	59,2	Q9Z331	Keratin, type II cytoskeletal 6B OS=Mus musculus GN=Krt6B PE=1 SV=3 - [K2C6B_CON-MOUSE]	3920,71	36,48%	2	29	150	60,3
Q9TKS2	Ribulose biphosphate carboxylase large chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rbcl PE=3 SV=1 - [RBL_PHATC]	4442,29	84,95%	25	48	202	48,1	AK8UB6	Zgc:158846 OS=Danio rerio GN=zgc:158846 PE=2 SV=1 - [AK8UB6_CON-DANRE]	3423,87	7,41%	1	6	107	55,2	QD0IN1	Keratin 77 OS=Homo sapiens GN=KRT77 PE=1 SV=1 - [QD0IN1_CON-HUMAN]	3867,86	56,75%	26	34	158	61,8
Q04695	Keratin, type I cytoskeletal 17 OS=Homo sapiens GN=KRT17 PE=1 SV=2 - [K1C17_CON-HUMAN]	4124,3	85,66%	1	26	163	27,6	Q9Z331	Keratin 77 OS=Homo sapiens GN=KRT77 PE=1 SV=1 - [QD0IN1_CON-HUMAN]	3153,13	32,21%	1	25	120	60,3	Q0BEK5	Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=DSP PE=1 SV=3 - [Q0BEK5_CON-MOUSE]	3776,54	24,30%	1	15	181	61,3
Q16195	Keratin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=Keratn PE=2 SV=1 - [Q16195_CON-HUMAN]	3859,98	36,48%	4	29	154	60,3	Q0IN1	Keratin 77 OS=Homo sapiens GN=KRT77 PE=1 SV=1 - [Q0IN1_CON-HUMAN]	3037,22	48,96%	21	29	128	61,8	P15924	Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=DSP PE=1 SV=3 - [K2C5_CON-HUMAN]	3763,3	41,55%	110	115	178	316,1
Q9Z331	Keratin, type II cytoskeletal 6B OS=Mus musculus GN=Krt6B PE=1 SV=3 - [K2C6B_CON-MOUSE]	3737,05	52,33%	44	45	136	80,5	Q35YPS	Keratin 16 OS=Mus musculus GN=Krt16 PE=2 SV=1 - [Q35YPS_CON-MOUSE]	2943,16	29,00%	1	17	127	51,6	Q35YPS	Keratin 16 OS=Mus musculus GN=Krt16 PE=2 SV=1 - [Q35YPS_CON-MOUSE]	3715,43	29,42%	1	18	134	51,6
B7GES3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55230 PE=3 SV=1 - [B7GES3_PHATC]	3594,45	14,49%	1	10	134	53,7	Q01546	Keratin, type II cytoskeletal 2 oral OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K220_CON-HUMAN]	2450,69	30,56%	5	25	134	65,8	A1A4E9	Keratin 13 OS=Homo sapiens GN=KRT13 PE=2 SV=1 - [A1A4E9_CON-HUMAN]	3683,6	62,01%	15	31	142	49,6
Q9Z331	Keratin, type II cytoskeletal 6B OS=Mus musculus GN=Krt6B PE=1 SV=3 - [K2C6B_CON-MOUSE]	3561,79	75,16%	27	29	107	51,6	B1AQ76	Keratin 13 OS=Mus musculus GN=Krt13 PE=4 SV=1 - [B1AQ76_CON-MOUSE]	2428,41	25,86%	1	15	141	47,7	Q04695	Keratin, type I cytoskeletal 17 OS=Homo sapiens GN=KRT17 PE=1 SV=2 - [K1C17_CON-HUMAN]	3608,3	73,61%	19	43	157	48,1
A070D2	ATP synthase subunit beta, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1 - [ATPB_PHATC]	3247,11	36,46%	3	20	120	51,6	Q3TTY5	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=KRT15 PE=4 SV=1 - [E0CX14_CON-HUMAN]	2222,79	37,58%	3	21	121	49,1	Q04104	Keratin, type II cytoskeletal 17 OS=Homo sapiens GN=KRT17 PE=1 SV=2 - [K1C17_CON-HUMAN]	3584,34	8,01%	1	9	125	65,6
Q35YPS	Keratin 16 OS=Mus musculus GN=Krt16 PE=2 SV=1 - [Q35YPS_CON-MOUSE]	3228,42	65,80%	40	41	113	60,9	E0CX14	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=KRT15 PE=4 SV=1 - [E0CX14_CON-HUMAN]	2180,54	18,32%	2	16	104	57,8	B1AQ76	Keratin, type II cytoskeletal 2 oral OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K220_CON-HUMAN]	3267,61	28,60%	1	17	155	47,7
B7FQ72	Mitochondria-targeted chaperonin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPN60_1 PE=3 SV=1 - [B7FQ72_PHATC]	3157,38	80,20%	28	29	141	44,5	Q5XKE5	Keratin, type I cytoskeletal 79 OS=Homo sapiens GN=KRT79 PE=1 SV=2 - [K2C79_CON-HUMAN]	1929,42	16,67%	1	8	64	49,3	Q01546	Keratin, type II cytoskeletal 2 oral OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K220_CON-HUMAN]	3049,89	25,08%	3	22	155	65,8
A070K6	Elongation factor Tu, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=tufA PE=3 SV=1 - [EFTU_PHATC]	3145,48	81,44%	28	32	101	53,6	A1A4E9	Keratin 13 OS=Homo sapiens GN=KRT13 PE=2 SV=1 - [A1A4E9_CON-HUMAN]	1940,45	48,25%	6	20	89	49,6	Q5XKE5	Keratin, type II cytoskeletal 79 OS=Homo sapiens GN=KRT79 PE=1 SV=2 - [K2C79_CON-HUMAN]	2862,77	23,36%	4	19	127	57,8
B7FS46	ATP synthase subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1 - [B7FS46_PHATC]	3139,42	41,98%	13	21	91	51,7	Q9BGM5	Keratin, type I cytoskeletal 25 OS=Ovis aries GN=KRT25 PE=2 SV=1 - [K1C25_CON-SHEEP]	1929,42	16,67%	1	8	64	49,3	P12035	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=KRT15 PE=4 SV=1 - [E0CX14_CON-HUMAN]	2480,33	27,03%	2	19	123	49,1
B4DRW1	cDNA FLJ5805, highly similar to Keratin, type II cytoskeletal 4 OS=Homo sapiens GN=KRT4 PE=2 SV=1 - [B4DRW1_CON-HUMAN]	2919,14	63,56%	27	31	125	54,6	C9JM50	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=KRT19 PE=4 SV=1 - [C9JM50_CON-HUMAN]	1922,71	53,06%	1	17	116	20,8	E0CX14	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=KRT15 PE=4 SV=1 - [E0CX14_CON-HUMAN]	2480,33	27,03%	2	19	123	49,1
Q6K866	Keratin, type II cytoskeletal 8 OS=Homo sapiens GN=KRT8 PE=1 SV=2 - [K2C8_CON-HUMAN]	2913,57	46,24%	15	17	83	50,5	Q7Z3Y8	Keratin, type I cuticular HB4 OS=Homo sapiens GN=KRT7 PE=1 SV=2 - [K1C27_CON-HUMAN]	1888,89	12,64%	1	7	64	49,8	Q7Z3Y8	Keratin, type I cytoskeletal 27 OS=Homo sapiens GN=KRT27 PE=1 SV=2 - [K1C27_CON-HUMAN]	2441,85	14,60%	2	8	77	49,8
B7FYPB	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_1 PE=3 SV=1 - [B7FYPB_PHATC]	2830	63,74%	44	45	90	72,7	B1AQ78	Keratin 19 OS=Mus musculus GN=Krt19 PE=2 SV=1 - [B1AQ78_CON-MOUSE]	1813,49	29,53%	2	16	111	44,5	AS46M2	Keratin, type I cytoskeletal 25 OS=Pan troglodytes GN=KRT25 PE=2 SV=1 - [AS46M2_CON-HUMAN]	2360,87	14,89%	1	7	76	49,3
B7GE61	Heat shock protein Hsp70 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70 PE=3 SV=1 - [B7GE61_PHATC]	2817,08	60,64%	44	44	127	91,6	Q16195	Keratin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=keratin PE=2 SV=1 - [Q16195_CON-HUMAN]	1664,85	72,54%	2	21	76	27,6	B1AQ78	Keratin 19 OS=Mus musculus GN=Krt19 PE=2 SV=1 - [B1AQ78_CON-MOUSE]	2223,23	31,76%	2	16	126	44,5
B7FQ84	Protein heat shock protein Hsp70 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70A PE=3 SV=1 - [B7FQ84_PHATC]	2613,38	61,56%	42	43	96	70,9	Q8M1N4	Keratin, type II cytoskeletal 78 OS=Homo sapiens GN=KRT78 PE=1 SV=2 - [K2C78_CON-HUMAN]	1417,31	61,15%	29	35	57	56,8	C9JM50	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=KRT19 PE=4 SV=1 - [C9JM50_CON-HUMAN]	2145,96	53,06%	1	17	125	20,8
B7G6Q6	GLNA, glutamine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GLNA PE=3 SV=1 - [B7G6Q6_PHATC]	2501,42	61,45%	39	39	108	79,6	B7G754	Acetyl-coa carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=acc1 PE=4 SV=1 - [B7G754_PHATC]	1306,48	26,15%	46	48	58	229,4	B7GES3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55230 PE=3 SV=1 - [B7GES3_PHATC]	2102,82	44,15%	28	30	78	80,5
P12035	Keratin, type II cytoskeletal 3 OS=Homo sapiens GN=KRT3 PE=1 SV=3 - [K2C3_CON-HUMAN]	2424,37	22,13%	2	20	125	64,4	AS46M5	Keratin, type I cuticular Ha1 OS=Pan troglodytes GN=KRT3 PE=2 SV=1 - [K1H1_CON-PANTR]	1212,35	50,48%	6	16	48	47,2	AS46M5	Keratin, type I cuticular Ha1 OS=Pan troglodytes GN=KRT3 PE=2 SV=1 - [K1H1_CON-PANTR]	1771,61	61,06%	8	26	73	47,2
P15924	Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=DSP PE=1 SV=3 - [DESP_CON-HUMAN]	2387,57	37,48%	89	91	124	331,6	A070B2	Photosystem II CP47 reaction center protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbB PE=3 SV=1 - [A070B2_PHATC]	1201,94	32,61%	16	16	40	56,4	Q9TKS2	Ribulose biphosphate carboxylase large chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rbcl PE=3 SV=1 - [RBL_PHATC]	1643,25	39,18%	17	18	69	54
Q01546	Keratin, type II cytoskeletal 2 oral OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 - [K220_CON-HUMAN]	2268,61	19,12%	1	19	138	65,8	P42212	Green fluorescent protein OS=Aequorea victoria GN=GFP PE=1 SV=1 - [GFP_CON_AEQV]	1193,64	56,30%	12	13	53	26,								

87FU00	Transketolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TKI PE=4 SV=1 - [87FU00_PHATC]	1108,75	49,23%	30	32	56	77,1	Q99456	Keratin, type I cytoskeletal 12 OS=Homo sapiens GN=KRT12 PE=1 SV=1 - [K1C21_CON-HUMAN]	382,39	13,16%	1	5	16	53,5	A0TK6	Elongation factor Tu, chloroplasti OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=tuFA PE=3 SV=1 - [EFTU_PHATC]	459,82	43,28%	9	10	28	44,5
87GEF7	Heat shock protein Hsp90 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP90 PE=3 SV=1 - [B7GEF7_PHATC]	1043,15	51,15%	26	28	53	87,4	A0T0M7	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaB PE=3 SV=1 - [PSAB_PHATC]	374,79	16,92%	9	10	17	81,8	BSY4I2	Elongation factor 1-alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=EF-1 PE=3 SV=1 - [BSY4I2_PHATC]	454,03	21,87%	8	8	18	48,1
87ZD7	Malic enzyme OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51970 PE=3 SV=1 - [B7ZD7_PHATC]	1007,05	50,99%	21	21	38	60,5	B7S3I7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd977 PE=4 SV=1 - [B7S3I7_PHATC]	363,82	37,72%	9	11	16	36,3	B7GCE9	Protein heat shock protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70G PE=3 SV=1 - [B7GCE9_PHATC]	435,07	17,63%	12	14	21	103,2
A0T0H7	Chaperone protein dnaK OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=dnaK PE=3 SV=1 - [DNAK_PHATC]	1000,1	36,54%	21	21	42	66,7	P78386	Keratin, type II cuticular HBS OS=Homo sapiens GN=KRT85 PE=1 SV=1 - [KRT85_CON-HUMAN]	343,93	33,33%	1	17	28	55,8	B7G704	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51134 PE=3 SV=1 - [B7G704_PHATC]	425,84	24,80%	18	18	20	98,4
87GDW4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50366 PE=4 SV=1 - [B7GDW4_PHATC]	987,94	42,37%	17	17	34	42,3	BSY4X4	45S ribosomal protein S6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18559 PE=3 SV=1 - [BSY4X4_PHATC]	342,73	22,86%	5	7	11	27,8	B7FPY8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_1 PE=3 SV=1 - [B7FPY8_PHATC]	419,56	33,43%	14	16	21	72,7
87GA37	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49286 PE=4 SV=1 - [B7GA37_PHATC]	978,02	53,47%	7	12	64	32,1	B7FPD9	Triose phosphate/phosphate translocator OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Tp1 PE=4 SV=1 - [B7FPD9_PHATC]	339,63	17,40%	8	9	15	40,8	B7FQQ8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24978 PE=3 SV=1 - [B7FQQ8_PHATC]	405,65	32,81%	13	13	14	55,9
AS46N2	Keratin, type I cytoskeletal 25 OS=Pan troglodytes GN=KRT25 PE=2 SV=1 - [K1C25_CON-PANTR]	975,76	4,22%	1	3	29	49,3	B7G532	ATP synthase subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpA PE=3 SV=1 - [B7G532_PHATC]	337,29	37,33%	11	13	16	54,5	B7G4V3	Clathrin heavy chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CHC PE=3 SV=1 - [B7G4V3_PHATC]	393,92	13,57%	15	16	25	191,3
87FUR4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26290 PE=4 SV=1 - [B7FUR4_PHATC]	946,47	38,52%	30	30	38	106,6	BSY4J2	Elongation factor 1-alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=EF-1 PE=3 SV=1 - [BSY4J2_PHATC]	323,81	17,08%	7	8	11	48,1	B7G0T6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27838 PE=4 SV=1 - [B7G0T6_PHATC]	384,2	18,08%	12	13	14	114,7
87FRS0	Nuclear-encoded-like protein of chloroplast pro OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPNG2_2 PE=3 SV=1 - [B7FRS0_PHATC]	946,31	46,21%	25	25	37	62	B7GBK6	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc11 PE=4 SV=1 - [B7GBK6_PHATC]	317,01	26,40%	2	4	12	21,3	B7G341	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21548 PE=4 SV=1 - [B7G341_PHATC]	379,21	16,18%	13	17	18	148
87G0B2	Homeobox protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20547 PE=3 SV=1 - [B7G0B2_PHATC]	932,59	62,16%	21	22	52	59,8	BSY5L4	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, lhc1 type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc14 PE=4 SV=1 - [BSY5L4_PHATC]	314,5	45,64%	7	8	14	21	B7GA11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TuFA PE=3 SV=1 - [B7GA11_PHATC]	372,9	24,88%	4	5	31	46,9
87GGH0	Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51125 PE=3 SV=1 - [B7GGH0_PHATC]	918,52	42,43%	15	15	32	46	B7G5C0	Actin/actin like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Act2 PE=3 SV=1 - [B7G5C0_PHATC]	313,65	35,28%	10	11	18	41,8	B7G754	Acetyl-coa carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACC1 PE=4 SV=1 - [B7G754_PHATC]	344,59	12,91%	19	22	23	229,4
87GGK6	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GapC2a PE=3 SV=1 - [B7GGK6_PHATC]	911,84	59,88%	11	12	33	35,4	B7FU44	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44488 PE=4 SV=1 - [B7FU44_PHATC]	311,14	24,91%	5	5	15	55,1	B7G5C0	Actin/actin like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Act2 PE=3 SV=1 - [B7G5C0_PHATC]	343,29	32,10%	9	10	19	41,8
87FWC4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11673 PE=4 SV=1 - [B7FWC4_PHATC]	883,1	35,96%	10	10	20	31,9	B7G0T6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27838 PE=4 SV=1 - [B7G0T6_PHATC]	310,14	16,63%	10	10	12	114,7	B7G0M9	Precursor of ATPase ATPase gamma subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpG PE=3 SV=1 - [B7G0M9_PHATC]	322,34	33,06%	9	9	9	40
87G5G4	Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29157 PE=3 SV=1 - [B7G5G4_PHATC]	875,22	62,13%	22	23	34	46,6	A0T096	Photosystem II CP43 reaction center protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbC PE=3 SV=1 - [A0T096_PHATC]	310,01	22,08%	8	8	16	51,6	BSY5I5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25856 PE=3 SV=1 - [BSY5I5_PHATC]	318,66	23,47%	19	19	22	111,6
A0T0H6	60 kDa chaperonin, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=grOl PE=3 SV=1 - [CH60_PHATC]	858,27	51,78%	23	24	39	57,7	AS46N5	Keratin, hair, basic, 5 OS=Pan troglodytes GN=krthb5 PE=2 SV=1 - [AS46N5_CON-PANTR]	305,71	30,77%	1	16	27	55,8	BSY5J3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25743 PE=3 SV=1 - [BSY5J3_PHATC]	285,16	35,99%	9	11	14	47,2
87FU48	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11022 PE=4 SV=1 - [B7FU48_PHATC]	844,28	63,39%	18	18	36	39,4	B7G341	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21548 PE=4 SV=1 - [B7G341_PHATC]	295,81	15,74%	14	16	18	148	B7FRW2	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc4 PE=4 SV=1 - [B7FRW2_PHATC]	282,77	34,85%	4	5	14	21,3
87FVX9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_1884 PE=4 SV=1 - [B7FVX9_PHATC]	832,02	47,36%	18	18	23	46,1	B7G0E6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50236 PE=4 SV=1 - [B7G0E6_PHATC]	295,16	34,85%	8	8	10	27,1	B7FZ72	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35766 PE=4 SV=1 - [B7FZ72_PHATC]	271,09	16,43%	10	10	13	90,9
87G0M9	Precursor of ATPase ATPase gamma subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpC PE=3 SV=1 - [B7G0M9_PHATC]	819,62	53,66%	16	18	28	40	B7FXP8	Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45443 PE=3 SV=1 - [B7FXP8_PHATC]	292,03	23,08%	1	4	20	30,1	B7GBY4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22873 PE=3 SV=1 - [B7GBY4_PHATC]	269,65	30,36%	7	7	10	32,7
87FRW2	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc4 PE=4 SV=1 - [B7FRW2_PHATC]	818,45	52,02%	8	9	27	21,3	B7FX68	Histone H4 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H4-1b PE=3 SV=1 - [B7FX68_PHATC]	290,22	46,60%	7	7	11	11,4	B7FSI3	Triphosphatase isomerase/glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TP1/GapC3 PE=3 SV=1 - [B7FSI3_PHATC]	259,94	21,99%	7	10	13	65,3
BSY3V3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21116 PE=3 SV=1 - [BSY3V3_PHATC]	806,84	59,09%	18	18	28	46,3	A0T0F2	ATP-dependent zinc metalloprotease FlaH OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FlaH PE=3 SV=1 - [A0T0F2_PHATC]	285,68	35,74%	15	15	16	68,4	B7FU44	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44488 PE=4 SV=1 - [B7FU44_PHATC]	259,92	16,60%	5	5	9	55,1
87G162	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27923 PE=3 SV=1 - [B7G162_PHATC]	796,98	56,34%	22	25	38	68,4	C4AMA3	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=KRT34 PE=4 SV=1 - [C4AMA3_CON-HUMAN]	279,13	32,74%	4	11	13	44,7	B7G0E6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50236 PE=4 SV=1 - [B7G0E6_PHATC]	254,81	25,00%	6	6	6	27,1
87GBX2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23497 PE=4 SV=1 - [B7GBX2_PHATC]	791,71	12,11%	18	19	27	207,9	B7FS46	ATP synthase subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1 - [B7FS46_PHATC]	278,86	21,76%	6	8	9	53,6	B7GBH2	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PSCS PE=3 SV=1 - [B7GBH2_PHATC]	254,7	17,94%	9	10	12	78,9
87S3Q6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCase_1 PE=3 SV=1 - [B7S3Q6_PHATC]	789	36,73%	13	13	33	48,3	B7GBK7	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc5 PE=4 SV=1 - [B7GBK7_PHATC]	272,7	28,43%	3	5	14	21,2	B7FSH4	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GapC4 PE=3 SV=1 - [B7FSH4_PHATC]	251,19	23,51%	3	6	9	35,8
87FZX8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35939 PE=4 SV=1 - [B7FZX8_PHATC]	785,73	72,49%	11	11	28	27,9	A0T0D2	ATP synthase subunit beta, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpB PE=3 SV=1 - [A0T0D2_PHATC]	268,2	25,68%	6	8	10	51,6	BSY3S6	Transaldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_28222 PE=3 SV=1 - [BSY3S6_PHATC]	237	35,44%	10	10	10	34,8
87FZ72	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35766 PE=4 SV=1 - [B7FZ72_PHATC]	783,24	38,29%	22	23	34	90,9	B7G440	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_47612 PE=4 SV=1 - [B7G440_PHATC]	268,06	18,92%	9	10	12	83,8	A0T0E2	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase small subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rbcS PE=4 SV=1 - [A0T0E2_PHATC]	226,61	75,54%	7	8	14	16
BSY3S6	Transaldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_28222 PE=3 SV=1 - [BSY3S6_PHATC]	776,19	56,65%	15	16	26	34,8	B7G0C3	Tubulin alpha chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54534 PE=3 SV=1 - [B7G0C3_PHATC]	267,18	26,61%	9	9	11	49,7	B7FX06	Long chain acyl-coa synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACS4 PE=4 SV=1 - [B7FX06_PHATC]	220,46	19,76%	9	10	11	72,7
87GCT8	Ferredoxin-NADP reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23717 PE=3 SV=1 - [B7GCT8_PHATC]	774,51	46,47%	12	13	29	37,9	B7G9S5	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc9 PE=4 SV=1 - [B7G9S5_PHATC]	262,33	57,07%	6	7	14	22,1	B7FU00	Transketolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TKI PE=4 SV=1 - [B7FU00_PHATC]	216,71	28,41%	12	14	16	77,1
87G3Y2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_2 PE=3 SV=1 - [B7G3Y2_PHATC]	769,84	35,93%	20	24	35	79,6	B7G871	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc13 PE=4 SV=1 - [B7G871_PHATC]	261,52	32,49%	4	4	8	21,5	B7GBX2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23497 PE=4 SV=1 - [B7GBX2_PHATC]	214,22	6,45%	10	10	10	207,9
87G4Y3	Clathrin heavy chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CHC PE=3 SV=1 - [B7G4Y3_PHATC]	755,91	16,92%	19	21	23	191,3	A0T0F1	ATP synthase subunit alpha, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpA PE=3 SV=1 - [A0T0F1_PHATC]	256,45	22,18%	7	9	17	54,6	B7FX68	Histone H4 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H4-1b PE=3 SV=1 - [B7FX68_PHATC]	207,43	47,75%	5	5	9	11,4
87GBG1	Precursor of carboxylase pyruvate carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PYC1 PE=4 SV=1 - [B7GBG1_PHATC]	752,66	27,24%	24	26	36	136	B7G5S7	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc6 PE=4 SV=1 - [B7G5S7_PHATC]	255,64	26,47%	5	5	10	21,9	P02769	Serum albumin OS=Bos taurus GN=ALB PE=1 SV=4 - [ALBU_CON-BOVIN]	197,48	22,90%	11	13	14	69,2
BSY5F0	Phosphoribulokinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PrK PE=3 SV=1 - [BSY5F0_PHATC]	750,59	35,61%	11	11	30	43,3	B7FQ22	Mitochondria-targeted chaperonin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPN60_1 PE=3 SV=1 - [B7FQ22_PHATC]	255,4	38,00%	13	15	17	60,9	B7GGK6	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GapC2a PE=3 SV=1 - [B7GGK6_PHATC]	195,96	31,14%	8	8	12	35,4
87GDK9	Glucose-6-phosphate isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GPI_1 PE=3 SV=1 - [B7GDK9_PHATC]	749,82	46,39%	15	16	37	61,5	B7G2A6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54686 PE=4 SV=1 - [B7G2A6_PHATC]	252,8	16,72%	13	15	16	136,4	B7G5G4	Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29157 PE=3 SV=1 - [B7G5G4_PHATC]	194,89	22,90%	5	7	8	46,6
87G0E6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50236 PE=4 SV=1 - [B7G0E6_PHATC]	749,03	72,35%	15	16	25	27,1	B7G0I8	Prohibitin-like protein (Fragment														

87FNK7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42612 PE=4 SV=1 - [B7FNK7_PHATC]	632.27	48,13%	12	12	24	24.9	87G502	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hchr13 PE=4 SV=1 - [B7G502_PHATC]	203.62	20,39%	3	3	8	22.3	87FS14	Lon protease homolog, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18202 PE=3 SV=1 - [LONM_PHATC]	151.75	10,32%	8	8	8	97.6
87FXA2	Succinate-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26921 PE=3 SV=1 - [B7FXA2_PHATC]	627.79	36,79%	10	11	16	47.6	87G1G6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCase_1 PE=3 SV=1 - [B7G1G6_PHATC]	201.36	11,20%	8	8	8	111.8	87GEF7	Heat shock protein Hsp90 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP90 PE=3 SV=1 - [B7GEF7_PHATC]	149.34	13,46%	7	7	8	87.4
85Y3R0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcCdk48 PE=4 SV=1 - [B5Y3R0_PHATC]	619.58	32,38%	18	21	31	89.1	87GA10	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23079 PE=4 SV=1 - [B7GA10_PHATC]	200.01	30,50%	8	9	11	28.6	87FRW4	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcF2 PE=4 SV=1 - [B7FRW4_PHATC]	148.83	15,66%	1	3	6	21.3
87FXS9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55583 PE=4 SV=1 - [B7FXS9_PHATC]	613.96	39,71%	6	10	38	37.8	87FUV3	60S ribosomal protein L6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34146 PE=3 SV=1 - [B7FUV3_PHATC]	198.43	32,16%	6	6	6	21.6	85Y3R0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcCdk48 PE=4 SV=1 - [B5Y3R0_PHATC]	147.91	13,15%	6	7	7	89.1
Q13835	Plakophilin-1 OS=Homo sapiens GN=PKP1 PE=1 SV=2 - [PKP1_CON-HUMAN]	604.88	27,84%	15	15	19	82.8	A0TK6	Elongation factor Tu, chloroglastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HuEa PE=3 SV=1 - [EFTU_PHATC]	194.12	17,85%	2	4	14	44.5	87FT86	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11014 PE=4 SV=1 - [B7FT86_PHATC]	143.65	14,77%	8	8	9	73.1
87S3L8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd348 PE=4 SV=1 - [B7S3L8_PHATC]	599.25	42,61%	15	16	28	57.5	87G195	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46448 PE=3 SV=1 - [B7G195_PHATC]	192.58	21,35%	4	4	5	31.7	87S423	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd176 PE=4 SV=1 - [B7S423_PHATC]	143.47	24,31%	4	4	6	24.9
AS46M5	Keratin, type I cuticular Ha1 OS=Pan troglodytes GN=KRT31 PE=2 SV=1 - [K1H1_CON-PANTR]	596.95	45,19%	9	15	24	47.2	87G8I0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22774 PE=4 SV=1 - [B7G8I0_PHATC]	192.48	23,43%	4	4	5	26.5	87GDW4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50366 PE=4 SV=1 - [B7GDW4_PHATC]	140.26	14,74%	3	4	5	42.3
87FWP5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19661 PE=4 SV=1 - [B7FWP5_PHATC]	596.81	62,70%	15	16	34	34.4	87FUB3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19030 PE=3 SV=1 - [B7FUB3_PHATC]	188.36	25,79%	6	6	7	32.9	P42212	Green fluorescent protein OS=Aequorea victoria GN=GFP PE=1 SV=1 - [GFP_CON-AEQVI]	139.13	45,80%	7	10	13	26.9
87GN55	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49151 PE=4 SV=1 - [B7GN55_PHATC]	591.28	40,29%	12	12	26	38.5	A0T097	Photosystem II D2 protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbD PE=3 SV=1 - [PSB_D_PHATC]	185.23	20,51%	5	5	10	39.1	87G8Z4	Aminopeptidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29758 PE=3 SV=1 - [B7G8Z4_PHATC]	138.73	10,50%	7	8	8	99.7
87GEI6	Acetylornithine aminotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50577 PE=3 SV=1 - [B7GEI6_PHATC]	571.4	41,39%	11	11	22	50.3	87GEF7	Heat shock protein Hsp90 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP90 PE=3 SV=1 - [B7GEF7_PHATC]	183.74	11,67%	7	7	8	87.4	87G0L4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27757 PE=4 SV=1 - [B7G0L4_PHATC]	134.32	17,07%	8	8	9	68.4
87GEE0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24161 PE=4 SV=1 - [B7GEE0_PHATC]	569.75	23,52%	16	16	22	91.5	87GBF0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40433 PE=4 SV=1 - [B7GBF0_PHATC]	183.51	12,99%	6	6	9	62.8	85Y14	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, lhcf type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcF14 PE=4 SV=1 - [B5Y14_PHATC]	132.5	16,41%	3	3	6	21
87GA05	Phosphoenolpyruvate carboxykinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCK1 PE=3 SV=1 - [B7GA05_PHATC]	569.57	42,48%	17	19	24	67.4	85Y3W7	Tubulin beta chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21122 PE=3 SV=1 - [B5Y3W7_PHATC]	183.05	24,38%	7	8	14	49.5	87FZ96	Oxygen-evolving enhancer protein 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PSBO PE=4 SV=1 - [B7FZ96_PHATC]	131.17	14,94%	3	4	4	32.6
87S487	Cysteine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CysK PE=3 SV=1 - [B7S487_PHATC]	567.65	54,46%	11	11	34	35.1	85Y5R0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18793 PE=3 SV=1 - [B5Y5R0_PHATC]	183.04	12,53%	6	7	7	84.4	A0T096	Photosystem II CP43 reaction center protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbC PE=3 SV=1 - [A0T096_PHATC]	127.67	12,31%	5	5	8	51.6
87FVU7	Elongation factor G, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11189 PE=3 SV=1 - [B7FVU7_PHATC]	565.11	31,82%	15	15	23	80.6	87GV07	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46336 PE=4 SV=1 - [B7GV07_PHATC]	181.89	18,24%	4	6	9	50.4	87GBL1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30660 PE=4 SV=1 - [B7GBL1_PHATC]	126.15	23,44%	5	5	7	29.8
87FZF3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45995 PE=4 SV=1 - [B7FZF3_PHATC]	560.02	15,03%	4	6	22	60.9	A0T0M1	Photosystem I protein F OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaf PE=4 SV=1 - [A0T0M1_PHATC]	181.08	47,03%	3	4	8	20.5	87FR86	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31433 PE=4 SV=1 - [B7FR86_PHATC]	125.93	11,86%	4	6	6	70.8
87G9P5	Citrate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30145 PE=3 SV=1 - [B7G9P5_PHATC]	542.9	35,67%	14	14	18	52.3	87FRW4	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcF2 PE=4 SV=1 - [B7FRW4_PHATC]	180.86	15,66%	1	3	8	21.3	85Y4Y7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43976 PE=4 SV=1 - [B5Y4Y7_PHATC]	125.46	11,59%	4	4	4	54.7
87G5R3	Transketolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29260 PE=4 SV=1 - [B7G5R3_PHATC]	540.34	34,21%	23	24	41	74	87FPM3	40S ribosomal protein S3a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17545 PE=3 SV=1 - [B7FPM3_PHATC]	180.04	32,18%	7	7	7	28.9	87FUR4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26290 PE=4 SV=1 - [B7FUR4_PHATC]	123.9	11,53%	9	9	9	106.6
87FU06	Phosphoglycerate mutase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PGAM_6 PE=3 SV=1 - [B7FU06_PHATC]	539.02	52,84%	10	10	19	31.9	87GB86	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30486 PE=3 SV=1 - [B7GB86_PHATC]	179.75	39,73%	7	8	17	17	87G855	Biotin carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACC2 PE=4 SV=1 - [B7G855_PHATC]	123.3	4,29%	7	7	7	249.7
87FS72	Enoyl-acyl reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FABI PE=4 SV=1 - [B7FS72_PHATC]	536.44	45,81%	8	8	18	32.8	87G8E5	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, deviant OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48798 PE=4 SV=1 - [B7G8E5_PHATC]	179.03	30,15%	3	3	3	21.6	87FR39	Histone H3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H3-1c PE=3 SV=1 - [B7FR39_PHATC]	121.13	10,29%	2	2	5	15.3
87G0T6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27838 PE=4 SV=1 - [B7G0T6_PHATC]	516.3	19,62%	16	16	21	114.7	A0T0G7	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ycf46 PE=4 SV=1 - [A0T0G7_PHATC]	176.63	18,31%	7	7	9	57	87G586	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcF10 PE=4 SV=1 - [B7G586_PHATC]	118.91	25,63%	3	4	7	21.3
87GED7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50525 PE=4 SV=1 - [B7GED7_PHATC]	515.26	23,11%	13	13	17	76	87G6Y1	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcFb PE=4 SV=1 - [B7G6Y1_PHATC]	174.47	30,50%	3	5	13	21.6	87G5E1	UDP-Glucose-Pyrophosphorylase/Phosphoglucomutase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UGP/PGM PE=4 SV=1 - [B7G5E1_PHATC]	115.83	5,11%	4	5	5	114.5
87FWR8	Histone H2B OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H2B-1b PE=3 SV=1 - [B7FWR8_PHATC]	509.14	31,90%	6	6	26	12.6	87S4Z3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd176 PE=4 SV=1 - [B7S4Z3_PHATC]	174.33	31,19%	5	5	7	24.9	87G128	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46395 PE=4 SV=1 - [B7G128_PHATC]	115.58	7,69%	1	1	3	22.5
87FUS2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44639 PE=4 SV=1 - [B7FUS2_PHATC]	506.47	32,33%	15	15	17	54.3	87FSI4	Glyceroldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GDH3 PE=3 SV=1 - [B7FSI4_PHATC]	173.02	6,25%	2	2	5	35.8	87FP98	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9046 PE=4 SV=1 - [B7FP98_PHATC]	114.99	28,83%	3	3	17	17
87GBE7	Dihydroipomadic succinyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40630 PE=4 SV=1 - [B7GBE7_PHATC]	502.03	35,54%	8	8	21	40	87G4H1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47667 PE=4 SV=1 - [B7G4H1_PHATC]	171.99	15,68%	6	7	10	65.7	87G162	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27923 PE=3 SV=1 - [B7G162_PHATC]	113.28	13,80%	4	6	7	68.4
87G1I1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46529 PE=4 SV=1 - [B7G1I1_PHATC]	500.36	37,16%	7	9	19	18.9	87G1E5	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ymyA1 PE=4 SV=1 - [B7G1E5_PHATC]	161.53	1,27%	1	1	38	97.7	87G1J1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46529 PE=4 SV=1 - [B7G1J1_PHATC]	109.27	22,40%	4	4	5	18.9
87G2A6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54686 PE=4 SV=1 - [B7G2A6_PHATC]	497.45	18,19%	16	18	23	136.4	87FVY4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45835 PE=4 SV=1 - [B7FVY4_PHATC]	161.38	10,88%	8	10	10	162.9	A0T0F2	ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FtsH PE=3 SV=1 - [A0T0F2_PHATC]	108.09	17,31%	5	8	9	68.4
87G386	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47395 PE=3 SV=1 - [B7G386_PHATC]	495.84	45,92%	11	11	16	35.7	87GA37	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49286 PE=4 SV=1 - [B7GA37_PHATC]	158.39	33,00%	3	5	9	32.1	87G715	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48411 PE=3 SV=1 - [B7G715_PHATC]	108.01	12,12%	3	3	4	28.4
85Y14	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, lhcf type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcF14 PE=4 SV=1 - [B5Y14_PHATC]	495.39	41,03%	8	8	24	21	87FTF6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11014 PE=4 SV=1 - [B7FTF6_PHATC]	157.42	11,23%	6	6	7	73.1	87FZ51	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hubi PE=4 SV=1 - [B7FZ51_PHATC]	107.97	61,68%	4	4	6	42.8
87FPG9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8670 PE=3 SV=1 - [B7FPG9_PHATC]	492.81	32,37%	16	17	22	81.3	87GBH2	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=P5CS PE=3 SV=1 - [B7GBH2_PHATC]	156.46	11,91%	7	8	8	78.9	87FYK0	Long chain acyl-coa synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACS1 PE=4 SV=1 - [B7FYK0_PHATC]	106.92	3,88%	2	2	2	79
Q8Y46	Keratin, type II cytoskeletal 73 OS=Homo sapiens GN=KRT73 PE=1 SV=1 - [K2C73_CON-HUMAN]	479.86	12,96%	2	10	19	58.9	87G8K0	Inhibitor-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54958 PE=4 SV=1 - [B7G8K0_PHATC]	155.89	17,61%	5	5	5	31.5	87FR50	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Arf1 PE=3 SV=1 - [B7FR50_PHATC]	106.74	34,78%	4	4	4	20.9
87G586	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HcF10 PE=4 SV=1 - [B7G586_PHATC]	478.54	51,26%	10	11	20	21.3	87G3I6	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, deviant (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47485 PE=4 SV=1 - [B7G3I6_PHATC]	151.47	22,98%	5	5	8	25.4	87FDQ6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24886 PE=4 SV=1 - [B7FDQ6_PHATC]	106.71	26,50%	5	5	5	23.4
A0T0F2	ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FtsH PE=3 SV=1 - [A0T0F2_PHATC]	477.79	26,60%	13	14	18	68.4	87FU94	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44479 PE=4 SV=1 - [B7FU94_PHATC]	149.62	5,74%	2	2	2	50.4	A0T0G9	Photosystem II protein D1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbA PE=3 SV=1 - [PSBA_PHATC]	104.59	6,67%	2	2	3	39.6
87G3A6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47413 PE=4 SV=1 - [B7G3A6_PHATC]	472.35	44,85%	12	14																		

87G0W9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46347 PE=4 SV=1 - [87G0W9_PHATC]	411.02	40,78%	6	6	16	27.3	87G3I2	V-type proton ATPase subunit a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28794 PE=3 SV=1 - [87G3I2_PHATC]	117.85	5,50%	2	3	3	92.6	87FR50	Nuclear-encoded-like protein of chloroplast gro OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPN60_2 PE=3 SV=1 - [87FR50_PHATC]	95.24	14,83%	7	7	8	62
87FRM6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24374 PE=4 SV=1 - [87FRM6_PHATC]	405.99	38,70%	15	17	24	71.4	87FE0E	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcr12 PE=4 SV=1 - [87FE0E_PHATC]	116.3	28,71%	4	4	8	21.7	87GA38	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49287 PE=4 SV=1 - [87GA38_PHATC]	94.83	6,60%	5	5	6	126.8
ASA6M9	Keratin, hair, acidic, 2 OS=Pan troglodytes verus GN=krth2a PE=2 SV=1 - [ASA6M9_CON-PANTR]	404.45	14,73%	4	6	15	50.3	87FT54	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43694 PE=3 SV=1 - [87FT54_PHATC]	115.02	15,69%	4	6	6	70.9	AOTDM1	Photosystem I protein F OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaf PE=4 SV=1 - [AOTDM1_PHATC]	94.82	29,19%	3	3	4	20.5
87G871	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcr11 PE=4 SV=1 - [87G871_PHATC]	399.7	32,49%	4	4	25	21.5	87G2T5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47192 PE=4 SV=1 - [87G2T5_PHATC]	114.11	10,26%	4	5	5	66.9	87G2A6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54686 PE=4 SV=1 - [87G2A6_PHATC]	93.25	8,32%	7	8	8	136.4
87S4B2	Alcohol dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1820 PE=4 SV=1 - [87S4B2_PHATC]	398.21	29,74%	8	8	15	36.1	87S437	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1677 PE=4 SV=1 - [87S437_PHATC]	112.65	8,99%	5	5	6	68.8	87FR99	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42434 PE=4 SV=1 - [87FR99_PHATC]	92.26	16,12%	5	5	5	52.4
87G8W8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPS-II PE=3 SV=1 - [87G8W8_PHATC]	394.32	15,76%	15	16	23	169.7	87GAT6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15948 PE=4 SV=1 - [87GAT6_PHATC]	111.96	10,31%	2	2	2	27.7	87GBK6	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcr11 PE=4 SV=1 - [87GBK6_PHATC]	92.11	26,40%	2	4	7	21.3
87G8A9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab1a PE=4 SV=1 - [87G8A9_PHATC]	394.03	35,47%	6	6	11	22.6	87G6Q6	GLNA, glutamine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GLNA PE=3 SV=1 - [87G6Q6_PHATC]	109.27	9,36%	5	5	5	79.6	87G121	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_13587 PE=4 SV=1 - [87G121_PHATC]	91.8	13,69%	3	5	5	48.9
A0T0L9	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaA PE=3 SV=1 - [PSAA_PHATC]	393.01	12,90%	8	8	18	83.5	87G0C23	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16334 PE=4 SV=1 - [87G0C23_PHATC]	109.18	17,04%	2	2	12	23.6	87S3L8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd348 PE=4 SV=1 - [87S3L8_PHATC]	90.56	14,20%	4	4	4	57.5
87G8Z0	2-hydroxyacid dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48946 PE=3 SV=1 - [87G8Z0_PHATC]	392.82	34,77%	11	12	16	46.4	87G5E3	Plasma membrane ATPase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ATPase2-3A PE=3 SV=1 - [87G5E3_PHATC]	107.59	5,88%	5	5	5	104.7	85V4C1	Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20B PE=3 SV=1 - [85V4C1_PHATC]	90.52	12,40%	4	4	4	38.7
Q8TC04	Keratin 23 (Histone deacetylase inducible) OS=Homo sapiens GN=KRT23 PE=2 SV=1 - [Q8TC04_CON-HUMAN]	381.49	39,57%	8	14	33	48.1	87GEM2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=helicase_5 PE=4 SV=1 - [87GEM2_PHATC]	106.87	6,78%	2	2	3	48.2	87FZ59	Customer subunit beta' OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CObeta2 PE=3 SV=1 - [87FZ59_PHATC]	89.48	4,47%	3	4	4	105.9
87G1R8	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FABG PE=4 SV=1 - [87G1R8_PHATC]	380.87	43,08%	8	8	17	26.6	87G5Y2	14-3-3-like protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_5651 PE=3 SV=1 - [87G5Y2_PHATC]	105.76	7,47%	2	2	2	27	87GEG9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MDH PE=3 SV=1 - [87GEG9_PHATC]	89.46	12,46%	3	3	3	35.9
87GCE9	Protein heat shock protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70G PE=3 SV=1 - [87GCE9_PHATC]	374.72	15,06%	14	14	19	103.2	87FW24	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44002 PE=4 SV=1 - [87FW24_PHATC]	105.47	9,95%	2	3	8	43.2	87FWQ2	Histone H2A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H2A-3a PE=3 SV=1 - [87FWQ2_PHATC]	88.03	25,40%	1	2	4	13.2
87G0C3	Tubulin alpha chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54534 PE=3 SV=1 - [87G0C3_PHATC]	368.43	29,27%	9	9	12	49.7	87G365	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28694 PE=4 SV=1 - [87G365_PHATC]	104.89	11,39%	2	2	6	34.5	87G360	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51058 PE=3 SV=1 - [87G360_PHATC]	87.71	12,94%	3	3	3	27.9
87G9G9	Fructose-1,6-bisphosphatase aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FbaC2 PE=4 SV=1 - [87G9G9_PHATC]	365.51	30,30%	8	9	16	47.9	87G9C6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49056 PE=4 SV=1 - [87G9C6_PHATC]	104.5	8,33%	3	3	3	55.1	87G3G6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51066 PE=4 SV=1 - [87G3G6_PHATC]	86.98	11,84%	2	2	2	17.1
87GE26	Hydratase enol-coa hydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_55192 PE=3 SV=1 - [87GE26_PHATC]	360.82	50,56%	10	10	13	28.9	87G9Z6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15815 PE=3 SV=1 - [87G9Z6_PHATC]	103.19	10,25%	3	5	5	66	87G6Y1	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcr18 PE=4 SV=1 - [87G6Y1_PHATC]	86.78	21,00%	2	4	7	21.6
87S466	S-adenosylmethionine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd913 PE=3 SV=1 - [87S466_PHATC]	360.64	27,72%	11	11	15	42.2	87FPK3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_17519 PE=3 SV=1 - [87FPK3_PHATC]	101.37	36,36%	3	4	8	16.2	87FZ94	Oxygen-evolving enhancer protein 3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DEE3 PE=4 SV=1 - [87FZ94_PHATC]	86.23	17,00%	2	2	3	21.6
87FQN7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_32261 PE=4 SV=1 - [87FQN7_PHATC]	357.56	33,22%	8	8	11	32.8	85V4C1	Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20B PE=3 SV=1 - [85V4C1_PHATC]	101.06	9,37%	3	3	3	38.7	87FQ81	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42981 PE=4 SV=1 - [87FQ81_PHATC]	85.23	7,33%	4	4	5	63
85YSR0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18793 PE=3 SV=1 - [85YSR0_PHATC]	356.14	22,40%	13	13	16	84.4	87GEE1	Heat shock protein Hsp70 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP70F PE=3 SV=1 - [87GEE1_PHATC]	100.7	10,94%	3	5	7	91.6	87FQ66	Serine hydroxymethyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SHMT2 PE=3 SV=1 - [87FQ66_PHATC]	80.97	17,17%	6	6	8	54.9
87FPJ3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56605 PE=4 SV=1 - [87FPJ3_PHATC]	355.11	10,84%	9	12	12	184.2	87FR50	Nuclear-encoded-like protein of chloroplast gro OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPN60_2 PE=3 SV=1 - [87FR50_PHATC]	100.7	16,03%	5	6	6	62	87GBW8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPS-II PE=3 SV=1 - [87GBW8_PHATC]	80.28	6,42%	3	5	9	169.7
87GCL6	Carboxylase propionyl-coa carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51245 PE=4 SV=1 - [87GCL6_PHATC]	354.53	23,04%	11	11	11	72.5	87G0D3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab11 PE=4 SV=1 - [87G0D3_PHATC]	100.68	26,64%	5	6	6	23.9	87G30	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_21667 PE=4 SV=1 - [87G30_PHATC]	79.89	4,51%	2	3	3	109.4
87FZ6	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PDHb1 PE=4 SV=1 - [87FZ6_PHATC]	351.17	52,22%	9	10	18	39	85V460	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21183 PE=3 SV=1 - [85V460_PHATC]	99.35	7,33%	3	4	4	78.8	87GEG3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24186 PE=4 SV=1 - [87GEG3_PHATC]	78.87	3,58%	3	3	3	123.4
87G0H9	Ornithine aminotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OAT PE=3 SV=1 - [87G0H9_PHATC]	351.14	25,00%	9	9	12	48.7	87GAS4	Protein fucoxanthin chl a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcr11 PE=4 SV=1 - [87GAS4_PHATC]	97.62	27,24%	6	6	8	26.2	87G2A5	Histone H2A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H2A-m1 PE=3 SV=1 - [87G2A5_PHATC]	77.97	11,59%	1	2	4	14.5
87FTR6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_11014 PE=4 SV=1 - [87FTR6_PHATC]	350.43	17,58%	9	9	12	73.1	87GA38	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49287 PE=4 SV=1 - [87GA38_PHATC]	97.51	7,37%	2	4	7	126.8	87FS94	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hcr12 PE=4 SV=1 - [87FS94_PHATC]	77.4	9,55%	2	2	2	21.1
87FS07	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_232 PE=4 SV=1 - [87FS07_PHATC]	350.18	17,24%	12	12	13	110	87G7V4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_522 PE=3 SV=1 - [87G7V4_PHATC]	97.51	5,25%	3	3	3	84.6	AOTM6	Photosystem I reaction center subunit 6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psal PE=3 SV=1 - [PSAL_PHATC]	77.25	29,80%	3	3	4	16.1
P05784	Keratin, type I cytoskeletal 18 OS=Mus musculus GN=K18 PE=1 SV=5 - [K18I8_CON-MOUSE]	349.66	9,69%	1	4	19	47.5	87G7I5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48411 PE=3 SV=1 - [87G7I5_PHATC]	96.26	12,50%	3	3	3	28.4	87FU83	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19030 PE=3 SV=1 - [87FU83_PHATC]	76.37	6,29%	1	1	2	32.9
043790	Keratin, type II cuticular Hb6 OS=Homo sapiens GN=KRT86 PE=1 SV=1 - [KRT86_CON-HUMAN]	348.03	24,69%	3	10	23	53.5	87G8A9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab1a PE=4 SV=1 - [87G8A9_PHATC]	96.12	20,20%	2	3	4	22.6	87GB86	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_30486 PE=3 SV=1 - [87GB86_PHATC]	75.74	28,08%	5	5	6	17
87FSF1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43495 PE=4 SV=1 - [87FSF1_PHATC]	345.81	15,49%	4	5	7	49.3	87G3C6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23552 PE=4 SV=1 - [87G3C6_PHATC]	95.72	3,49%	3	3	3	110.3	87GA25	Ferredoxin-dependent glutamate synthase, fusion of large and small subunits OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GDH PE=4 SV=1 - [87GA25_PHATC]	74.09	3,02%	3	3	3	174.1
87G872	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48735 PE=4 SV=1 - [87G872_PHATC]	344.02	2,68%	1	1	15	84.2	87FRR3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50701 PE=3 SV=1 - [87FRR3_PHATC]	95.35	12,59%	2	2	3	15.8	87GEF2	Plastidic enolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56468 PE=3 SV=1 - [87GEF2_PHATC]	73.15	7,04%	2	3	3	51.1
87G959	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_22909 PE=3 SV=1 - [87G959_PHATC]	337.76	30,47%	10	11	12	48	87G4Z7	Coatomer subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_21929 PE=4 SV=1 - [87G4Z7_PHATC]	93.28	2,91%	3	3	3	139.6	87G6H0	Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31125 PE=3 SV=1 - [87G6H0_PHATC]	72.84	8,94%	2	3	3	46
87S423	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd176 PE=4 SV=1 - [87S423_PHATC]	329.91	38,53%	6	6	10	24.9	85V3V3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21116 PE=3 SV=1 - [85V3V3_PHATC]	93.17	15,55%	5	6	6	46.3	87FSX7	Gdp-mannose 4,6-dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GM1D PE=3 SV=1 - [87FSX7_PHATC]	72.05	21,76%	4	5	5	41
87G8E5	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, deviant OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48798 PE=4 SV=1 - [87G8E5_PHATC]	329.1	44,22%	6	6	8	21.6	AOTDH6	60 kDa chaperonin, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=prol PE=3 SV=1 - [C60_PHATC]	92.87	16,32%	4	7	7	57.7	87GE46	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50440 PE=4 SV=1 - [87GE46_PHATC]	71.76	4,56%	4	4	4	104.3
87FP28	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24772 PE=3 SV=1 - [87FP28_PHATC]	328.89	24,59%	13	15	17	86.6	87G2U6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28562 PE=3 SV=1 - [87G2U6_PHATC]	92.66	25,30%	4	4	4	19.1	87FS59	Pyruvate-5-carboxylate reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_25379 PE=3 SV=1 - [87FS59_PHATC]	71.61	8,30%	1	2	2	29.9
85YS94	Serine hydroxymethyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SHMT PE=3 SV=1 - [85YS94_PHATC]	327.62	32,35%	9	10	13	52.2	AOT0C9	Cytochrome f OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=petA PE=3 SV=1 - [CYF_PHATC]</														

85YSN6	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SDH1 PE=3 SV=1 - [85YSN6_PHATC]	308.19	10,97%	5	5	7	69.7	87G1R8	3-oxoacyl-acyl-carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FPAB PE=4 SV=1 - [87G1R8_PHATC]	83.12	22,92%	4	4	4	26.6	87GS41	Glutamine synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51092 PE=3 SV=1 - [87GS41_PHATC]	63.18	6,49%	2	2	2	45.9
A0T0C9	Cytochrome f OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=pefA PE=3 SV=1 - [CYF_PHATC]	307.06	44,27%	8	8	11	34.2	87FUB2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_19025 PE=4 SV=1 - [87FUB2_PHATC]	82.85	26,83%	5	5	5	23	87S4C6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PIAP1/2beta PE=4 SV=1 - [87S4C6_PHATC]	62.74	4,83%	3	3	3	98.6
87G7D4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_51134 PE=3 SV=1 - [87G7D4_PHATC]	305.78	17,81%	12	12	13	98.4	87G9T0	4G5 ribosomal protein S26 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_30160 PE=3 SV=1 - [87G9T0_PHATC]	82.59	20,19%	2	2	2	12.3	87FXP8	Carbonic anhydrase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45443 PE=3 SV=1 - [87FXP8_PHATC]	62.36	25,27%	1	4	4	30.1
87FZB0	Synthase of glutamate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GHD PE=4 SV=1 - [87FZB0_PHATC]	303.04	31,90%	11	13	17	64.7	87FRS0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AtF1 PE=3 SV=1 - [87FRS0_PHATC]	81.95	19,02%	2	2	2	20.9	87GBE7	Dihydrolysozyme succinyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_40430 PE=4 SV=1 - [87GBE7_PHATC]	62.15	3,18%	1	1	1	40
87G8Z4	Aminopeptidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29758 PE=3 SV=1 - [87G8Z4_PHATC]	301.69	16,31%	10	12	14	99.7	87FY75	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP1alpha PE=4 SV=1 - [87FY75_PHATC]	81.39	4,32%	3	4	4	112.4	85YS40	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44077 PE=4 SV=1 - [85YS40_PHATC]	62	6,19%	1	1	1	24.2
87GBK6	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcL11 PE=4 SV=1 - [87GBK6_PHATC]	296.9	20,30%	1	3	8	21.3	87GE71	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50464 PE=4 SV=1 - [87GE71_PHATC]	79.56	4,73%	2	2	2	53.3	87FS34	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_25218 PE=4 SV=1 - [87FS34_PHATC]	61.84	4,04%	1	2	2	59.9
A0T0C6	Cytochrome c-550 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=pcv3 PE=3 SV=1 - [CY500_PHATC]	296.63	36,81%	5	5	11	17.7	87GB09	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23324 PE=3 SV=1 - [87GB09_PHATC]	79.22	13,07%	2	2	2	20.1	87FXS8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45465 PE=4 SV=1 - [87FXS8_PHATC]	61.59	19,14%	3	6	7	37.6
87GB44	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_30466 PE=4 SV=1 - [87GB44_PHATC]	296.59	28,53%	11	11	14	40.3	87FQ04	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17846 PE=4 SV=1 - [87FQ04_PHATC]	79.1	27,59%	3	4	5	16.5	87S466	S-adenosylmethionine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd913 PE=3 SV=1 - [87S466_PHATC]	60.93	11,66%	3	4	5	42.2
87G4P7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_38015 PE=4 SV=1 - [87G4P7_PHATC]	294.69	35,18%	12	12	15	43.2	87G6K6	Glyceroldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GapCz PE=3 SV=1 - [87G6K6_PHATC]	78.63	17,07%	4	4	6	35.4	85Y3F5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_42051 PE=3 SV=1 - [85Y3F5_PHATC]	60.9	10,54%	3	5	5	64.6
87G7G1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_39237 PE=4 SV=1 - [87G7G1_PHATC]	294.49	31,32%	8	8	10	37.3	87S4C6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PIAP1/2beta PE=4 SV=1 - [87S4C6_PHATC]	78.48	6,18%	4	4	4	98.6	87G5M4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29217 PE=4 SV=1 - [87G5M4_PHATC]	60.54	7,88%	3	3	3	43.9
87GS57	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcL6 PE=4 SV=1 - [87GS57_PHATC]	293.56	26,47%	5	5	9	21.9	87GZ18	Histone H3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H3 PE=3 SV=1 - [87GZ18_PHATC]	78.35	13,24%	2	3	6	15.3	87FQ04	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17846 PE=4 SV=1 - [87FQ04_PHATC]	60.08	13,79%	2	2	2	16.5
87FZ57	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45918 PE=3 SV=1 - [87FZ57_PHATC]	292.43	32,29%	5	6	6	31.1	A0T0E2	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase small subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rbcS PE=4 SV=1 - [A0T0E2_PHATC]	78.34	33,81%	4	4	4	16	87GS44	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29097 PE=3 SV=1 - [87GS44_PHATC]	59.41	9,78%	2	2	2	25.4
85Y512	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33342 PE=4 SV=1 - [85Y512_PHATC]	292.26	29,92%	7	9	9	42.2	85Y4G9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25577 PE=4 SV=1 - [85Y4G9_PHATC]	77.48	30,83%	4	4	4	15	87S3N8	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FBaC1 PE=4 SV=1 - [87S3N8_PHATC]	59.4	7,96%	2	2	2	43.6
A0T0M7	Photosystem 1 P700 chlorophyll a apoprotein A2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaB PE=3 SV=1 - [PSA8_PHATC]	290.78	12,55%	8	9	13	81.8	87G0Y5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_20755 PE=3 SV=1 - [87G0Y5_PHATC]	76.14	11,48%	2	2	2	28.3	87G0S4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_46126 PE=3 SV=1 - [87G0S4_PHATC]	58.91	5,49%	1	1	2	18.7
87G5M3	Alanine--tRNA ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47999 PE=3 SV=1 - [87G5M3_PHATC]	288.68	15,60%	10	10	12	105.1	87GCN0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_16540 PE=3 SV=1 - [87GCN0_PHATC]	75.51	7,18%	2	2	3	46.6	87G3A5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_47412 PE=4 SV=1 - [87G3A5_PHATC]	58.76	2,87%	3	3	4	141.8
87GCM8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_50019 PE=4 SV=1 - [87GCM8_PHATC]	288.35	21,33%	11	12	16	81.9	87FX66	Histone linker H1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H1 PE=3 SV=1 - [87FX66_PHATC]	74.81	10,92%	2	2	2	24.3	87G9Z6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15815 PE=3 SV=1 - [87G9Z6_PHATC]	58.68	8,54%	3	4	4	66
87FRC1	Cytosolic aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FBa4 PE=4 SV=1 - [87FRC1_PHATC]	287.74	33,44%	8	8	12	33.4	87G1Z1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13587 PE=4 SV=1 - [87G1Z1_PHATC]	74.35	6,84%	2	2	2	48.9	87FR60	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc2 PE=4 SV=1 - [87FR60_PHATC]	58.08	9,85%	1	1	1	21.2
87G7W5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_29702 PE=3 SV=1 - [87G7W5_PHATC]	287.65	20,96%	11	11	15	94	87FYK0	Long chain acyl-coa synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACS1 PE=4 SV=1 - [87FYK0_PHATC]	72.94	7,91%	3	5	6	79	85Y594	Serine hydroxymethyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SHMT PE=3 SV=1 - [85Y594_PHATC]	57.52	4,86%	2	2	2	52.2
87GEM2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=helica_5 PE=4 SV=1 - [87GEM2_PHATC]	287.38	23,13%	8	8	12	48.2	85Y502	Ribosomal protein L15 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25714 PE=3 SV=1 - [85Y502_PHATC]	71.9	14,15%	3	3	3	24.4	87G6E7	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FBaC3 PE=3 SV=1 - [87G6E7_PHATC]	56.76	5,49%	1	2	2	43.5
87GZ17	Obg-like ATPase 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_37067 PE=3 SV=1 - [87GZ17_PHATC]	287.23	21,49%	5	5	5	39.5	85Y516	UDP-glucose 6-dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UGDH1 PE=3 SV=1 - [85Y516_PHATC]	71.14	7,37%	3	4	5	52.6	87G0Z3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab13 PE=4 SV=1 - [87G0Z3_PHATC]	56.56	12,15%	3	3	3	23.9
87FP98	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42712 PE=4 SV=1 - [87FP98_PHATC]	285.03	44,75%	8	9	11	24.3	87GZB6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_13682 PE=3 SV=1 - [87GZB6_PHATC]	71.13	25,00%	4	5	5	24.9	87FPK3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17519 PE=3 SV=1 - [87FPK3_PHATC]	55.94	21,68%	2	2	3	16.2
87FPD9	Triose phosphate/phosphate translocator OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TriP1 PE=4 SV=1 - [87FPD9_PHATC]	279.41	11,95%	6	6	8	40.8	87FUM6	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc1 PE=4 SV=1 - [87FUM6_PHATC]	71.08	22,00%	3	3	7	21.5	P0930	Filaggrin OS=Homo sapiens GN=FLG PE=1 SV=3 - [FLA_CON-HUMAN]	55.89	3,94%	6	7	9	434.9
87PYT1	ATP-citrate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACL PE=3 SV=1 - [87PYT1_PHATC]	278.88	10,44%	10	10	10	119.4	85Y405	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13361 PE=3 SV=1 - [85Y405_PHATC]	70.97	14,65%	4	5	5	44	87FXB8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_45335 PE=4 SV=1 - [87FXB8_PHATC]	55.63	7,95%	2	3	3	43
87FP11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_17504 PE=3 SV=1 - [87FP11_PHATC]	278.02	21,84%	8	9	13	72.5	87G8P1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_22819 PE=3 SV=1 - [87G8P1_PHATC]	70.65	13,51%	2	2	3	20.7	85Y3J9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp22 PE=4 SV=1 - [85Y3J9_PHATC]	55.28	4,28%	1	1	1	27.8
87G1A2	Mucin-associated surface protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MASP1 PE=4 SV=1 - [87G1A2_PHATC]	277.46	12,91%	7	7	10	59.8	87GSY0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48087 PE=4 SV=1 - [87GSY0_PHATC]	69.96	8,75%	2	2	2	35	87FZV8	Customer subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CDbeta PE=4 SV=1 - [87FZV8_PHATC]	55.24	4,29%	2	3	4	107.4
87G789	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_48468 PE=4 SV=1 - [87G789_PHATC]	276.52	29,93%	8	8	8	46.2	87FR39	Histone H3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H3-1c PE=3 SV=1 - [87FR39_PHATC]	69.44	10,29%	1	2	4	15.3	87FQH4	Calycin-binding protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CacBP PE=4 SV=1 - [87FQH4_PHATC]	55.02	4,41%	1	1	1	29.8
87FXM5	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_12004 PE=3 SV=1 - [87FXM5_PHATC]	275.46	59,38%	6	6	9	10.4	85Y3R0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Cdc48 PE=4 SV=1 - [85Y3R0_PHATC]	69.33	9,18%	4	5	5	89.1	87G0H9	Ornithine aminotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OAT PE=3 SV=1 - [87G0H9_PHATC]	54.43	8,48%	3	3	3	48.7
87G365	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_28694 PE=4 SV=1 - [87G365_PHATC]	274.86	31,96%	4	6	9	34.5	87GDN5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_31073 PE=4 SV=1 - [87GDN5_PHATC]	68.82	44,15%	6	6	7	21.3	87GB09	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23324 PE=3 SV=1 - [87GB09_PHATC]	54.41	7,95%	1	1	1	20.1
87FT14	Adenosylhomocysteine OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_18319 PE=3 SV=1 - [87FT14_PHATC]	273.04	29,11%	9	9	18	52.2	87G4K6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_28979 PE=3 SV=1 - [87G4K6_PHATC]	68.65	5,49%	1	1	2	17.6	87S4B2	Alcohol dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_bd1820 PE=4 SV=1 - [87S4B2_PHATC]	54.33	11,95%	3	5	5	36.1
87GAC9	Peptidylprolyl isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_23164 PE=4 SV=1 - [87GAC9_PHATC]	271.41	16,97%	8	9	13	53.9	87FQU7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_43162 PE=3 SV=1 - [87FQU7_PHATC]	68.46	22,60%	2	3	3	15.9	87FPD9	Triose phosphate/phosphate translocator OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TriP1 PE=4 SV=1 - [87FPD9_PHATC]	54.3	12,21%	4	5	6	40.8
A0T0K2	30S ribosomal protein S9, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp9 PE=3 SV=1 - [RR0_PHATC]	270.94	33,33%	3	3	4	15.7	87FTL3	60S ribosomal protein L36 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_18859 PE=3 SV=1 - [87FTL3_PHATC]	67.45	15,74%	2	2	2	11.9	85Y502	Ribosomal protein L15 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25714 PE=3 SV=1 - [85Y502_PHATC]	53.39	10,73%	2	2	2	24.4
P78386	Keratin, type II cuticular Hb5 OS=Homo sapiens GN=KRT5 PE=1 SV=1 - [KRT5_CON-HUMAN]	268.61	20,12%	4	10	23	55.8	87G9G2	60S ribosomal protein L13 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_15619 PE=3 SV=1 - [87G9G2_PHATC]	66.13	34,50%	3	4	7	19.2	87FP98	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATDRRAFT_42712 PE=4 SV=1 - [87FP98_PHATC]	53.24	10,96%	2	2	2	24.3
87FUR6	Violaxanthin deoxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=VDE PE=4 SV=1 - [87FUR6_PHATC]	268.46	30,66%	10	10	11	49.2	87G1F1	Tic22 protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Tic22 PE=4 SV=1 - [87G1F1_PHATC]	65.97	7,33%	2	2	3	45.4	87G9B9	Protein fucoxanthin chlorophyll						

87FR1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43302 PE=4 SV=1 - [B7FR1_PHATC]	245.22	36.96%	11	11	19	65.1	87GED7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50525 PE=4 SV=1 - [B7GED7_PHATC]	56.76	2.76%	1	1	1	76	87GEA6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50500 PE=3 SV=1 - [B7GEA6_PHATC]	47.76	6.98%	2	2	2	39.2
87FWY2	Hydroxymethylbilane synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hemC PE=3 SV=1 - [B7FWY2_PHATC]	244.08	10.33%	3	3	4	35.9	85Y3U9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ps2 PE=4 SV=1 - [B5Y3U9_PHATC]	55.77	7.78%	2	2	2	27.8	87FU0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18893 PE=4 SV=1 - [B7FU0_PHATC]	47.67	18.73%	3	4	4	38.4
87GEF3	Translocator of the inner chloroplast envelope membrane 110K OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TiC110 PE=4 SV=1 - [B7GEF3_PHATC]	241.65	15.23%	9	11	13	128.2	87GBJ8	Early-response-to-dehydration protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ERD PE=4 SV=1 - [B7GBJ8_PHATC]	55.54	4.30%	2	3	3	88.2	87GZT8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21430 PE=3 SV=1 - [B7GZT8_PHATC]	47.36	9.80%	2	3	3	59
87FZE6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45988 PE=4 SV=1 - [B7FZE6_PHATC]	241.23	3.03%	1	3	12	75.1	87FUU0	Transketolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TK PE=4 SV=1 - [B7FUU0_PHATC]	55.34	3.66%	2	3	3	77.1	87GEI8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31339 PE=3 SV=1 - [B7GEI8_PHATC]	47.08	9.54%	3	3	3	54.8
87FT47	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43689 PE=4 SV=1 - [B7FT47_PHATC]	239.16	21.80%	3	3	6	22.7	A0T0G0	Photosystem II protein Y OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbY-A PE=3 SV=1 - [PSBY_PHATC]	55.07	22.22%	1	1	1	4	87GC36	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23552 PE=4 SV=1 - [B7GC36_PHATC]	46.49	1.51%	1	1	1	110.3
87FU83	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19030 PE=3 SV=1 - [B7FU83_PHATC]	236.73	29.56%	5	5	7	32.9	87FZV8	Coatomer subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CObeta PE=4 SV=1 - [B7FZV8_PHATC]	54.54	3.78%	2	3	4	107.4	87GZT5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47192 PE=4 SV=1 - [B7GZT5_PHATC]	46.05	5.13%	3	3	3	66.9
87GAU3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49505 PE=4 SV=1 - [B7GAU3_PHATC]	236.46	25.88%	10	10	10	50.1	87GEJ8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31339 PE=3 SV=1 - [B7GEJ8_PHATC]	53.92	9.54%	2	3	3	54.8	ARMU0	Putative keratin-associated protein 10-like ENSP00000375147 OS=Homo sapiens PE=3 SV=1 - [KR10D_CON-HUMAN]	45.89	4.06%	2	2	2	53.9
87FN54	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42566 PE=4 SV=1 - [B7FN54_PHATC]	236.15	29.09%	5	5	9	24.1	87GT04	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51134 PE=3 SV=1 - [B7GT04_PHATC]	53.85	7.67%	4	6	6	98.4	87FY06	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27125 PE=4 SV=1 - [B7FY06_PHATC]	45.84	10.43%	1	1	1	13.4
87G1T3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Cdc48 PE=4 SV=1 - [B7G1T3_PHATC]	235.61	16.67%	11	13	13	100.1	87FZS9	Coatomer subunit beta' OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CObeta2 PE=3 SV=1 - [B7FZS9_PHATC]	52.96	2.18%	1	1	1	105.9	87GAS4	Protein fucosanthin chl a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhr11 PE=4 SV=1 - [B7GAS4_PHATC]	45.74	24.80%	3	4	4	26.2
87GDM2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_2819 PE=4 SV=1 - [B7GDM2_PHATC]	235.22	37.41%	9	9	13	30.4	87FKT5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SyfA PE=3 SV=1 - [B7FKT5_PHATC]	52.91	12.29%	2	2	2	34.1	85YK7	Alpha-mannosidase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_52108 PE=3 SV=1 - [B5YK7_PHATC]	45.62	0.72%	1	1	1	109.7
87G360	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51058 PE=3 SV=1 - [B7G360_PHATC]	233.42	31.37%	6	6	8	27.9	85Y41	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43841 PE=4 SV=1 - [B5Y41_PHATC]	52.83	6.70%	2	2	2	41.1	87G5Z8	Glycine cleavage system P protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GDGP PE=3 SV=1 - [B7G5Z8_PHATC]	45.61	4.48%	2	3	3	108.3
87FZC3	Glutathione reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Gr_2 PE=3 SV=1 - [B7FZC3_PHATC]	233.31	26.61%	7	7	10	53.5	87GCD8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23629 PE=3 SV=1 - [B7GCD8_PHATC]	51.79	6.72%	2	4	4	105.7	87FQV1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32326 PE=4 SV=1 - [B7FQV1_PHATC]	45.51	3.24%	1	1	1	33.4
A0TDC1	50S ribosomal protein L1, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpl1 PE=3 SV=1 - [RK1_PHATC]	232.38	26.96%	4	4	5	25.4	87G274	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47027 PE=3 SV=1 - [B7G274_PHATC]	51.74	8.50%	2	2	2	43.6	87FXP2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12174 PE=4 SV=1 - [B7FXP2_PHATC]	45.45	3.76%	2	2	2	63.5
85Y3P4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46758 PE=4 SV=1 - [B5Y3P4_PHATC]	232.27	33.00%	6	6	9	33.3	87FVN4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19314 PE=3 SV=1 - [B7FVN4_PHATC]	51.48	26.40%	2	2	2	14.4	A0T0M5	Rubisco expression protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ecb4 PE=4 SV=1 - [A0T0M5_PHATC]	45.43	5.52%	1	1	1	32.7
87FXS8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19761 PE=4 SV=1 - [B7FXS8_PHATC]	229.49	17.24%	10	10	11	78.8	87FZW7	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_768 PE=3 SV=1 - [B7FZW7_PHATC]	51.3	2.02%	1	1	2	69.4	P07476	Involucrin OS=Homo sapiens GN=IHLV1 PE=1 SV=2 - [INVO_CON-HUMAN]	45.36	1.71%	1	1	1	68.4
87G4T8	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OGD1 PE=4 SV=1 - [B7G4T8_PHATC]	228.88	11.18%	12	12	15	121.1	87G5Z1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54855 PE=4 SV=1 - [B7G5Z1_PHATC]	51.27	8.88%	2	2	2	28.9	85YQ6	Proteasome subunit alpha type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_28202 PE=3 SV=1 - [B5YQ6_PHATC]	45.32	4.90%	1	1	1	26.5
87FP91	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17427 PE=4 SV=1 - [B7FP91_PHATC]	226.82	18.42%	9	9	9	74.3	87FTV6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26029 PE=4 SV=1 - [B7FTV6_PHATC]	50.61	2.72%	1	1	1	51.5	A0T097	Photosystem II D2 protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbD PE=3 SV=1 - [PSBD_PHATC]	45.05	6.27%	2	2	2	39.1
87FXB1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19805 PE=4 SV=1 - [B7FXB1_PHATC]	225.77	29.03%	7	7	9	31	87FTS5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44343 PE=4 SV=1 - [B7FTS5_PHATC]	49.89	10.36%	2	2	3	42.9	85YD4	Annexin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44109 PE=4 SV=1 - [B5YD4_PHATC]	45.03	4.55%	1	1	1	36.9
87G0P6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46281 PE=4 SV=1 - [B7G0P6_PHATC]	224.9	7.75%	5	5	6	102.1	87FY80	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56608 PE=4 SV=1 - [B7FY80_PHATC]	49.78	10.16%	2	3	3	47.3	87FZD7	Malic enzyme OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51970 PE=3 SV=1 - [B7FZD7_PHATC]	44.63	4.86%	2	2	3	60.5
87GCC4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49964 PE=4 SV=1 - [B7GCC4_PHATC]	224.2	14.73%	5	5	5	40.7	85Y36	Transmembrane 9 superfamily member OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25752 PE=3 SV=1 - [B5Y36_PHATC]	49.56	3.54%	2	2	2	73.6	85Y41	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43841 PE=4 SV=1 - [B5Y41_PHATC]	44.58	6.70%	2	2	2	41.1
A0T0I8	30S ribosomal protein S13, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rps13 PE=3 SV=1 - [RR13_PHATC]	222.85	62.60%	9	9	10	14.1	87FV55	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44980 PE=4 SV=1 - [B7FV55_PHATC]	49.21	4.67%	2	2	2	54.6	87G0N7	Ferredoxin-NADP reductase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12813 PE=3 SV=1 - [B7G0N7_PHATC]	44.51	2.68%	1	1	1	33.5
87FQE1	Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhr4 PE=4 SV=1 - [B7FQE1_PHATC]	222.25	37.67%	7	7	12	23.2	87FQ48	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17671 PE=4 SV=1 - [B7FQ48_PHATC]	49.09	3.53%	1	1	1	45.1	87FU36	Methyltransferase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10824 PE=3 SV=1 - [B7FU36_PHATC]	44.02	2.63%	1	1	1	34.5
85Y3K6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46721 PE=4 SV=1 - [B5Y3K6_PHATC]	221.62	36.92%	7	8	8	34.7	87FR98	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_4937 PE=4 SV=1 - [B7FR98_PHATC]	48.88	17.97%	2	2	2	24.1	87FWC4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11673 PE=4 SV=1 - [B7FWC4_PHATC]	44.02	8.22%	1	2	2	31.9
87FVQ7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19324 PE=3 SV=1 - [B7FVQ7_PHATC]	221.44	24.19%	10	10	10	60	87G5B5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47905 PE=4 SV=1 - [B7G5B5_PHATC]	48.64	12.59%	2	2	2	31	87FQ87	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3120 PE=4 SV=1 - [B7FQ87_PHATC]	44.01	6.22%	1	1	1	26.4
P02769	Serum albumin OS=Bos taurus GN=ALB PE=1 SV=4 - [ALBU_CON-BOVIN]	220.58	18.29%	11	11	13	69.2	87FQ08	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34978 PE=3 SV=1 - [B7FQ08_PHATC]	48.62	5.53%	2	2	2	55.9	87G312	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab6 PE=4 SV=1 - [B7G312_PHATC]	44	8.05%	1	2	3	25.5
87FX06	Long chain acyl-coa synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACS4 PE=4 SV=1 - [B7FX06_PHATC]	220.57	14.63%	8	9	10	72.7	87GEA6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50500 PE=3 SV=1 - [B7GEA6_PHATC]	48.2	14.25%	4	4	4	39.2	A0T0B5	Mg-protoporphyrin IX chelatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=chl PE=3 SV=1 - [A0T0B5_PHATC]	43.58	8.50%	1	2	2	39.5
Q701L7	Type II hair keratin 2 OS=Homo sapiens GN=KRTH2 PE=2 SV=1 - [Q701L7_CON-HUMAN]	220.03	6.43%	1	5	21	56.6	87G3L7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DYN1 PE=3 SV=1 - [B7G3L7_PHATC]	48.14	1.89%	1	1	1	81.6	87G1T3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Cdc48 PE=4 SV=1 - [B7G1T3_PHATC]	43.36	4.19%	4	4	4	100.1
87GED0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50520 PE=4 SV=1 - [B7GED0_PHATC]	218.97	16.89%	7	7	9	69.4	87G7Q5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48573 PE=4 SV=1 - [B7G7Q5_PHATC]	47.45	3.40%	2	2	2	73.6	87G8Q4	GTP-binding nuclear protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Ran1 PE=3 SV=1 - [B7G8Q4_PHATC]	43.14	10.33%	2	2	2	24.4
87G274	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47027 PE=3 SV=1 - [B7G274_PHATC]	215.27	11.25%	3	3	5	43.6	87GE46	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50440 PE=4 SV=1 - [B7GE46_PHATC]	46.84	3.01%	2	2	2	104.3	87FP19	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50650 PE=4 SV=1 - [B7FP19_PHATC]	42.38	4.75%	2	2	8	50.9
87FU58	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10847 PE=4 SV=1 - [B7FU58_PHATC]	215.17	29.93%	6	6	6	31.1	87FP67	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42765 PE=3 SV=1 - [B7FP67_PHATC]	46.79	5.62%	1	1	1	20.1	85Y4C6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43799 PE=4 SV=1 - [B5Y4C6_PHATC]	42.33	10.74%	1	1	1	16.8
87FX73	Methylmalonyl-coa mutase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51830 PE=4 SV=1 - [B7FX73_PHATC]	214.72	19.19%	8	8	9	79.3	87FWD7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34681 PE=4 SV=1 - [B7FWD7_PHATC]	46.61	3.95%	1	1	1	35.5	85Y4X4	40S ribosomal protein S6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18559 PE=3 SV=1 - [B5Y4X4_PHATC]	42.23	11.84%	2	2	4	27.8
87G997	Nitrate reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54983 PE=3 SV=1 - [B7G997_PHATC]	214.72	12.57%	8	8	9	100.1	87G0R3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27821 PE=4 SV=1 - [B7G0R3_PHATC]	46.16	2.92%	1	2	2	87.6	87G2U6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28562 PE=3 SV=1 - [B7G2U6_PHATC]	42.19	10.84%	2	2	2	19.1
87FT67	Triosephosphate isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50738 PE=3 SV=1 - [B7FT67_PHATC]	214.51	36.21%	6	6	8	30.1	87S333	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1249 PE=4 SV=1 - [B7S333_PHATC]	46.05	1.71%	1	1	1	78.5	87FP11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17504 PE=3 SV=1 - [B7FP11_PHATC]	41.99	5.65%	3	3	3	72.5

87FU68	Glycolate oxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50804 PE=3 SV=1 - [B7FU68_PHATC]	203.76	22.27%	5	5	6	47.2	87G9C7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39687 PE=4 SV=1 - [B7G9C7_PHATC]	41.89	11.02%	1	1	1	13.3	87G0P6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46281 PE=4 SV=1 - [B7G0P6_PHATC]	38.91	3.18%	2	2	4	102.1
87G117	O-acetylhomoserine OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50964 PE=3 SV=1 - [B7G117_PHATC]	203.63	19.64%	8	8	10	47.8	87FR86	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31433 PE=4 SV=1 - [B7FR86_PHATC]	41.87	8.42%	4	5	5	70.8	87FQ28	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42993 PE=4 SV=1 - [B7FQ28_PHATC]	38.88	2.48%	2	2	2	103.3
87G8M5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39432 PE=4 SV=1 - [B7G8M5_PHATC]	202.91	14.29%	5	5	9	86.1	87FPB9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42728 PE=4 SV=1 - [B7FPB9_PHATC]	41.64	7.13%	3	3	3	54.3	87GEM2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=helicase_5 PE=4 SV=1 - [B7GEM2_PHATC]	38.77	6.78%	2	2	3	48.2
87G935	Lipoprotein, type 6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54971 PE=4 SV=1 - [B7G935_PHATC]	202.49	8.56%	4	4	5	59.2	87G8T5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29967 PE=4 SV=1 - [B7G8T5_PHATC]	41.58	5.05%	2	2	2	95.5	87G7W5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29702 PE=3 SV=1 - [B7G7W5_PHATC]	38.61	1.59%	1	1	1	94
87S3P0	Acetyl-coenzyme A synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd645 PE=3 SV=1 - [B7S3P0_PHATC]	202.37	15.85%	8	8	8	80.5	87G312	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab6 PE=4 SV=1 - [B7G312_PHATC]	41.49	8.05%	1	2	3	25.5	P60369	Keratin-associated protein 10-3 OS=Homo sapiens GN=KRTAP10-3 PE=1 SV=2 - [KR103_CON_HUMAN]	38.21	4.52%	1	1	1	22.3
87G3E9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37667 PE=4 SV=1 - [B7G3E9_PHATC]	201.68	26.85%	7	7	7	40.8	87FV8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44756 PE=4 SV=1 - [B7FV8_PHATC]	41.49	6.40%	3	3	3	71.4	85V405	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_13361 PE=3 SV=1 - [B5V405_PHATC]	38.06	7.71%	2	3	3	44
87G5C7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47918 PE=4 SV=1 - [B7G5C7_PHATC]	201.35	16.60%	4	4	6	29.2	87FLP6	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17531 PE=4 SV=1 - [B7FLP6_PHATC]	41.23	29.33%	3	3	5	21	87FR86	Ribonucleoside-diphosphate reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42726 PE=3 SV=1 - [B7FR86_PHATC]	37.86	4.91%	3	4	4	91.5
87G6E9	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK1 PE=3 SV=1 - [B7G6E9_PHATC]	199.73	19.46%	7	7	8	64	87G4F8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47657 PE=4 SV=1 - [B7G4F8_PHATC]	40.91	2.23%	1	1	1	59.4	87GB82	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49641 PE=4 SV=1 - [B7GB82_PHATC]	37.67	3.34%	1	2	3	87.4
87FSH1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43513 PE=4 SV=1 - [B7FSH1_PHATC]	198.25	12.89%	5	5	14	49.1	85V417	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_43856 PE=4 SV=1 - [B5V417_PHATC]	40.85	1.93%	2	2	2	109.5	87FX86	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=6PGDH PE=3 SV=1 - [B7FX86_PHATC]	37.57	10.61%	3	4	4	53.6
87FWY4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45239 PE=4 SV=1 - [B7FWY4_PHATC]	197.74	9.39%	7	8	8	121.9	87FZF3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45995 PE=4 SV=1 - [B7FZF3_PHATC]	40.7	4.47%	2	2	2	60.9	87GDK9	Glucose-6-phosphate isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GP1_1 PE=3 SV=1 - [B7GDK9_PHATC]	37.39	2.35%	1	1	1	61.5
87G0Q2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20677 PE=4 SV=1 - [B7G0Q2_PHATC]	197.7	22.88%	5	5	8	25	87GAX8	ADP ATP carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NTT1 PE=3 SV=1 - [B7GAX8_PHATC]	40.62	4.10%	2	2	2	65.7	87GB89	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK6 PE=3 SV=1 - [B7GB89_PHATC]	36.97	5.04%	1	2	2	59.7
87GCM0	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FA8B PE=3 SV=1 - [B7GCM0_PHATC]	195.99	17.56%	4	4	7	45.1	A0T0M4	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ycf39 PE=4 SV=1 - [A0T0M4_PHATC]	40.4	8.46%	1	2	2	36.8	87GA05	Phosphoenolpyruvate carboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCK1 PE=3 SV=1 - [B7GA05_PHATC]	36.91	2.29%	1	1	1	67.4
87FWI9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45120 PE=4 SV=1 - [B7FWI9_PHATC]	195.95	23.58%	7	8	12	58.6	87FWP5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19661 PE=4 SV=1 - [B7FWP5_PHATC]	40.35	3.45%	1	1	1	34.4	87G0I2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46988 PE=4 SV=1 - [B7G0I2_PHATC]	36.62	4.58%	2	2	2	65.7
87FQD6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24886 PE=4 SV=1 - [B7FQD6_PHATC]	194.22	47.00%	8	8	9	23.4	87FSL4	Lon protease homolog, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18202 PE=3 SV=1 - [LONM_PHATC]	40.29	2.15%	2	2	2	97.6	87G6H9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48252 PE=4 SV=1 - [B7G6H9_PHATC]	36.48	1.98%	1	1	1	77.2
87FYX3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45515 PE=4 SV=1 - [B7FYX3_PHATC]	194.05	39.17%	8	8	9	32.8	87FXR6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27039 PE=4 SV=1 - [B7FXR6_PHATC]	40.23	3.79%	1	2	2	71.9	87G9T6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49202 PE=4 SV=1 - [B7G9T6_PHATC]	36.24	5.29%	1	1	2	23.8
87FRW4	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LHc2 PE=4 SV=1 - [B7FRW4_PHATC]	193.38	18.69%	1	3	7	21.3	87GCP9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23691 PE=3 SV=1 - [B7GCP9_PHATC]	39.82	23.08%	3	3	4	15	87FRN6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42543 PE=4 SV=1 - [B7FRN6_PHATC]	35.6	8.59%	3	3	3	36.6
87FR50	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Arf1 PE=3 SV=1 - [B7FR50_PHATC]	193.22	38.04%	4	4	6	20.9	A0T0K4	30S ribosomal protein S12, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrs12 PE=3 SV=1 - [RR12_PHATC]	39.8	6.35%	1	1	1	14	87FZ85	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_35556 PE=4 SV=1 - [B7FZ85_PHATC]	35.57	1.84%	1	3	4	213.2
87FU92	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_33928 PE=4 SV=1 - [B7FU92_PHATC]	192.58	16.43%	2	2	6	22.4	87FUS2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44839 PE=4 SV=1 - [B7FUS2_PHATC]	39.52	4.62%	2	2	2	54.3	87G9T0	40S ribosomal protein S26 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30160 PE=3 SV=1 - [B7G9T0_PHATC]	35	8.65%	1	1	1	12.3
87FY73	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27166 PE=3 SV=1 - [B7FY73_PHATC]	192.54	27.18%	8	9	15	50.6	87G0S1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46302 PE=4 SV=1 - [B7G0S1_PHATC]	39.2	3.97%	1	1	1	57.7	87G9C7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39687 PE=4 SV=1 - [B7G9C7_PHATC]	34.95	11.02%	1	1	1	13.3
87FLP6	2-isopropylmalate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44618 PE=3 SV=1 - [B7FLP6_PHATC]	192.46	23.83%	10	10	10	70.9	87GES1	UDP-Glucose Pyrophosphorylase/Phosphoglucomutase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LUGP/PGM PE=4 SV=1 - [B7GES1_PHATC]	39.18	2.74%	2	2	2	114.5	A0T0H7	Chaperone protein dnaK OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=dnaK PE=3 SV=1 - [DNAK_PHATC]	34.84	6.20%	1	3	3	66.7
87FY11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45679 PE=4 SV=1 - [B7FY11_PHATC]	191.73	10.56%	4	4	7	71.8	87FRY8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43352 PE=4 SV=1 - [B7FRY8_PHATC]	38.83	7.78%	2	2	2	39.1	87GBL0	L-serine ammonia-lyase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LSD PE=4 SV=1 - [B7GBL0_PHATC]	34.73	1.48%	1	1	1	71.5
87FX46	Glyceraldhyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GAPN PE=4 SV=1 - [B7FX46_PHATC]	191.33	7.65%	4	4	5	64.8	87G2B5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21323 PE=3 SV=1 - [B7G2B5_PHATC]	38.76	14.60%	2	2	2	15.3	A0T0I3	S25 ribosomal protein L6, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp6 PE=3 SV=1 - [RR6_PHATC]	34.7	9.55%	1	1	2	19.8
87GDG0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56243 PE=3 SV=1 - [B7GDG0_PHATC]	190.99	19.96%	4	5	6	49.8	87F5S8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_25375 PE=3 SV=1 - [B7F5S8_PHATC]	38.39	11.44%	1	2	2	22.4	87FRA9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42442 PE=4 SV=1 - [B7FRA9_PHATC]	34.57	2.24%	1	2	2	103.2
85Y4Y7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43976 PE=4 SV=1 - [B5Y4Y7_PHATC]	190.79	11.79%	5	5	6	54.7	87G6D3	Metacaspase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54873 PE=4 SV=1 - [B7G6D3_PHATC]	38.25	2.72%	1	1	1	45	85V495	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46937 PE=4 SV=1 - [B5V495_PHATC]	34.26	7.97%	2	2	2	31.2
87G134	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50966 PE=3 SV=1 - [B7G134_PHATC]	189.7	22.44%	8	8	8	49.5	A0T0F9	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ycf89 PE=4 SV=1 - [A0T0F9_PHATC]	38.09	3.79%	1	1	1	40.4	87FQE0	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LHc1 PE=4 SV=1 - [B7FQE0_PHATC]	33.98	11.88%	2	2	2	21.7
87FQJ5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32219 PE=4 SV=1 - [B7FQJ5_PHATC]	188.64	27.42%	6	6	7	27.3	87G8S3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22666 PE=3 SV=1 - [B7G8S3_PHATC]	37.67	4.58%	1	1	1	59.3	87FWX7	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11830 PE=4 SV=1 - [B7FWX7_PHATC]	33.91	10.56%	1	1	1	17.6
87G955	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LHc9 PE=4 SV=1 - [B7G955_PHATC]	187.16	54.63%	6	6	9	22.1	Q03001	Dystonin OS=Homo sapiens GN=DST PE=1 SV=4 - [DYST_CON_HUMAN]	37.38	0.46%	1	3	13	860.1	87G3G9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21659 PE=4 SV=1 - [B7G3G9_PHATC]	33.86	5.15%	1	1	1	15.5
87G3C1	Triosephosphate isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TIM_1 PE=3 SV=1 - [B7G3C1_PHATC]	185.97	24.63%	4	6	11	28.5	87FR19	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43225 PE=4 SV=1 - [B7FR19_PHATC]	37.24	5.14%	1	1	1	31.1	87G6J9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14770 PE=4 SV=1 - [B7G6J9_PHATC]	33.78	7.02%	1	1	1	19.3
A0T0M6	Photosystem I reaction center subunit XI OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psal PE=3 SV=1 - [PSAL_PHATC]	185.85	41.72%	4	4	8	16.1	87G7Z2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15138 PE=4 SV=1 - [B7G7Z2_PHATC]	36.94	4.26%	1	1	1	36.2	87G4P7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38015 PE=4 SV=1 - [B7G4P7_PHATC]	33.77	10.55%	3	3	3	43.2
87FV68	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11174 PE=3 SV=1 - [B7FV68_PHATC]	183.91	9.09%	3	4	5	69.1	A0T0I8	30S ribosomal protein S13, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrs13 PE=3 SV=1 - [RR13_PHATC]	36.74	10.57%	1	1	1	14.1	87FFP9	Oxidoreductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17487 PE=4 SV=1 - [B7FFP9_PHATC]	33.61	11.39%	1	2	2	33.6
87G6V1	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LHc8 PE=4 SV=1 - [B7G6V1_PHATC]	183.2	21.00%	2	4	8	21.6	87G5M4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29217 PE=4 SV=1 - [B7G5M4_PHATC]	36.54	3.45%	1	1	1	43.9	87G9S4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49189 PE=4 SV=1 - [B7G9S4_PHATC]	33.57	3.76%	1	1	1	20.2
87GDZ3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab11 PE=4 SV=1 - [B7GDZ3_PHATC]	182.75	21.03%	3	4	4	23.9	87G1M7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20885 PE=4 SV=1 - [B7G1M7_PHATC]	36.13	3.52%	1	1	1	44.6	87FP24	Eukaryotic translation initiation factor 6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=EIF6 PE=3 SV=1 - [B7FP24_PHATC]	33.5	9.64%	1	1	2	26.7
87G5Y0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48087 PE=4 SV=1 - [B7G5Y0_PHATC]	181.83	12.50%	3	3	4	35	A0T0H2	30S ribosomal protein S4, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrs4 PE=3 SV=1 - [RR4_PHATC]	35.98	3.94%	1	1	1	23.4	85V4T0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18533 PE=4 SV						

A0TKS	30S ribosomal protein S7, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN+rps7 PE=3 SV=1 - [RR7_PHATC]	165.99	28.85%	4	4	5	17.8	B7GA36	Pds-like3, phytoene desaturase-like protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15806 PE=4 SV=1 - [B7GA36_PHATC]	31.88	2.57%	1	1	1	55.4	B7FLX7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_10757 PE=3 SV=1 - [B7FLX7_PHATC]	30.3	2.90%	1	1	1	37.2
B7G7X7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_29711 PE=4 SV=1 - [B7G7X7_PHATC]	165.41	27.60%	6	6	6	25.2	B5Y3G8	Bifunctional trehalose-6-phosphate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13511 PE=4 SV=1 - [B5Y3G8_PHATC]	31.86	0.96%	1	1	1	102.2	B7G836	OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TPS2 PE=4 SV=1 - [B7G836_PHATC]	30.21	1.00%	1	1	1	132.5
B7G669	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_6062 PE=4 SV=1 - [B7G669_PHATC]	164.81	21.11%	2	2	7	21.5	B7GCP8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23687 PE=4 SV=1 - [B7GCP8_PHATC]	31.81	26.24%	2	3	5	11.9	B7FP80	40S ribosomal protein S8 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_17414 PE=3 SV=1 - [B7FP80_PHATC]	30.2	7.32%	1	1	1	23.2
B7FWQ2	Histone H2A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H2A-3a PE=3 SV=1 - [B7FWQ2_PHATC]	162.05	36.51%	4	6	10	13.2	B7FWT4	Homoserine dehydrogenase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26813 PE=3 SV=1 - [B7FWT4_PHATC]	31.62	5.70%	2	2	2	49.5	B7G206	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47080 PE=3 SV=1 - [B7G206_PHATC]	30.02	3.57%	1	1	1	38
B7G3E7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47448 PE=4 SV=1 - [B7G3E7_PHATC]	161.96	15.32%	7	8	8	77.1	A0T011	50S ribosomal protein L5, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpl5 PE=3 SV=1 - [R5_PHATC]	31.62	9.66%	2	2	2	27.8	B5Y5A5	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10581 PE=4 SV=1 - [B5Y5A5_PHATC]	29.74	1.69%	1	1	1	56.9
B7FWT4	Homoserine dehydrogenase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26813 PE=3 SV=1 - [B7FWT4_PHATC]	161.23	21.93%	6	6	7	49.5	B7FPQ0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31919 PE=3 SV=1 - [B7FPQ0_PHATC]	31.57	7.21%	1	2	2	35.2	A0T011	50S ribosomal protein L2, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpl2 PE=3 SV=1 - [R2_PHATC]	29.74	2.91%	1	1	1	30.7
A0T015	30S ribosomal protein S3, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rps3 PE=3 SV=1 - [R3_PHATC]	161.13	39.25%	4	4	10	24.1	B7FR43	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43245 PE=4 SV=1 - [B7FR43_PHATC]	31.47	0.65%	1	1	1	148.9	B7S315	Dihydroliipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bu1528 PE=3 SV=1 - [B7S315_PHATC]	29.56	3.98%	1	1	2	49.2
B7G8Q4	GTP-binding nuclear protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Ran1 PE=3 SV=1 - [B7G8Q4_PHATC]	161.03	21.60%	4	4	4	24.4	B7G0C7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46187 PE=4 SV=1 - [B7G0C7_PHATC]	30.97	6.67%	1	1	1	28.1	B5Y5R0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18793 PE=3 SV=1 - [B5Y5R0_PHATC]	29.45	3.20%	2	2	2	84.4
B7GDQ3	Polyadenylate-binding protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23959 PE=3 SV=1 - [B7GDQ3_PHATC]	160.96	12.56%	5	5	5	66.3	B7G469	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47590 PE=4 SV=1 - [B7G469_PHATC]	30.95	4.00%	2	2	2	80.7	B7G603	Metacaspase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34873 PE=4 SV=1 - [B7G603_PHATC]	29.42	2.72%	1	1	1	45
B7FXN2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45428 PE=4 SV=1 - [B7FXN2_PHATC]	159.75	9.78%	4	4	4	71.8	B7FTZ4	Transport protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_18945 PE=4 SV=1 - [B7FTZ4_PHATC]	30.84	1.25%	1	1	1	59.7	B7FPM3	40S ribosomal protein S3a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_17545 PE=3 SV=1 - [B7FPM3_PHATC]	29.4	15.71%	2	2	2	28.9
B7G155	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_13154 PE=4 SV=1 - [B7G155_PHATC]	158.31	0.91%	4	5	6	95.8	B7GE74	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50469 PE=4 SV=1 - [B7GE74_PHATC]	30.67	5.74%	1	1	1	22.5	B7G0B2	Homeobox protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_20547 PE=3 SV=1 - [B7G0B2_PHATC]	29.25	10.00%	2	4	4	59.8
B7FT50	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_18337 PE=4 SV=1 - [B7FT50_PHATC]	158.08	10.91%	5	5	6	66.7	B7FPJ6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42790 PE=4 SV=1 - [B7FPJ6_PHATC]	30.52	11.80%	1	1	1	17.7	B7FNV6	Early light induced protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LHL1 PE=4 SV=1 - [B7FNV6_PHATC]	29.02	5.36%	1	1	2	24.5
B7FUD8	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_10747 PE=4 SV=1 - [B7FUD8_PHATC]	157.61	27.64%	4	4	5	25.5	B7FV45	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26635 PE=4 SV=1 - [B7FV45_PHATC]	30.35	3.21%	1	1	1	42.3	B7G5N3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_14518 PE=4 SV=1 - [B7G5N3_PHATC]	28.56	2.51%	1	1	6	31.5
B7FV8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44756 PE=4 SV=1 - [B7FV8_PHATC]	157.03	5.30%	4	4	6	71.4	B7FXN2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45428 PE=4 SV=1 - [B7FXN2_PHATC]	30.32	1.93%	1	1	1	71.8	B7GAE4	Lysine-rRNA ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42289 PE=3 SV=1 - [B7GAE4_PHATC]	28.53	7.45%	3	4	4	61
B7FX69	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45297 PE=4 SV=1 - [B7FX69_PHATC]	156.74	36.34%	8	9	13	42.8	A0T0A3	Cytochrome b559 subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbE PE=3 SV=1 - [PSBE_PHATC]	30.15	10.71%	1	1	2	9.5	B7FE1	Precursor of dehydrogenase pyruvate dehydrogenase E1, alpha and beta subunits OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PDH1 PE=4 SV=1 - [B7FE1_PHATC]	28.04	5.41%	2	4	4	87.7
B7G8D0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_22774 PE=4 SV=1 - [B7G8D0_PHATC]	155.09	13.39%	2	2	3	26.5	B7FW92	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19552 PE=4 SV=1 - [B7FW92_PHATC]	30.09	6.99%	2	2	2	58.3	B7G8Y2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51174 PE=4 SV=1 - [B7G8Y2_PHATC]	27.61	3.69%	1	1	1	70.2
A0T0M5	Rubisco expression protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=cbx PE=4 SV=1 - [A0T0M5_PHATC]	155.01	15.52%	4	4	4	32.7	B7FU36	Methyltransferase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_10824 PE=3 SV=1 - [B7FU36_PHATC]	30.06	2.63%	1	1	1	34.5	B7G495	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SybF PE=3 SV=1 - [B7G495_PHATC]	27.4	12.50%	1	1	1	22.4
B7FQE7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43037 PE=4 SV=1 - [B7FQE7_PHATC]	153.76	8.73%	5	6	6	117.5	B7G411	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37959 PE=4 SV=1 - [B7G411_PHATC]	29.97	4.18%	1	1	1	34.4	B7G5H6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47954 PE=3 SV=1 - [B7G5H6_PHATC]	27.3	2.40%	1	1	1	35.2
B7FX33	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_8769 PE=4 SV=1 - [B7FX33_PHATC]	153.59	49.35%	3	3	4	8.5	A0T0A9	Photosystem II reaction center protein H OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbH PE=3 SV=1 - [PSBH_PHATC]	29.92	20.90%	1	1	2	7.4	A0T0C6	Cytochrome c550 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbV PE=3 SV=1 - [CY50_PHATC]	27.15	17.18%	2	2	2	17.7
B7FRJ8	Proteasome endopeptidase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_53939 PE=3 SV=1 - [B7FRJ8_PHATC]	153.16	28.16%	5	5	8	26.9	B5Y5E5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33480 PE=4 SV=1 - [B5Y5E5_PHATC]	29.6	2.45%	1	1	1	35.8	B7G216	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28359 PE=4 SV=1 - [B7G216_PHATC]	27.11	14.85%	3	3	3	25.6
B7G503	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc14 PE=4 SV=1 - [B7G503_PHATC]	152.81	23.23%	4	4	5	21.3	B7GCN8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50026 PE=3 SV=1 - [B7GCN8_PHATC]	29.57	1.75%	1	1	1	79.9	B7G180	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46461 PE=3 SV=1 - [B7G180_PHATC]	26.89	2.58%	1	1	1	45.6
B5Y5D4	Annexin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44109 PE=4 SV=1 - [B5Y5D4_PHATC]	152.61	18.18%	5	5	5	36.9	B7FV11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44831 PE=4 SV=1 - [B7FV11_PHATC]	29.08	3.48%	1	1	1	81.7	B7S487	Cysteine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CysK PE=3 SV=1 - [B7S487_PHATC]	26.71	3.27%	1	1	1	35.1
A0T0B8	Cytochrome b6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=petB PE=3 SV=1 - [CYB6_PHATC]	152.25	21.40%	3	3	3	24	B7FU58	Precursor of desulfurase cysteine desulfurase lhc5 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=lhc5 PE=3 SV=1 - [B7FU58_PHATC]	29.04	10.50%	3	3	3	44.5	B7FZ25	Udp-n-acetylglucosamine diphosphorylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54493 PE=4 SV=1 - [B7FZ25_PHATC]	26.32	2.33%	1	1	1	65.9
B7FEZ1	Precursor of dehydrogenase pyruvate dehydrogenase E1, alpha and beta subunits OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PDH1 PE=4 SV=1 - [B7FEZ1_PHATC]	152.01	8.11%	5	5	5	87.7	B7GEG3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24186 PE=4 SV=1 - [B7GEG3_PHATC]	28.96	4.87%	2	3	5	123.4	B7FRH0	Cystine synthase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=cysK PE=3 SV=1 - [B7FRH0_PHATC]	26.2	4.39%	1	1	1	36.3
B7FQ80	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc12 PE=4 SV=1 - [B7FQ80_PHATC]	151.18	28.71%	4	4	8	21.7	B7G4Q4	V-type proton ATPase proteolipid subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_21882 PE=3 SV=1 - [B7G4Q4_PHATC]	28.85	10.59%	1	1	1	17.2	B7FTZ5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43671 PE=3 SV=1 - [B7FTZ5_PHATC]	26.18	16.15%	1	1	2	21.3
B7G316	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein, deviant (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47485 PE=4 SV=1 - [B7G316_PHATC]	150.12	17.45%	4	4	5	25.4	A0T0L6	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=vcf90 PE=4 SV=1 - [A0T0L6_PHATC]	28.85	2.82%	1	1	1	50.3	B5Y3I9	CTP synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50034 PE=3 SV=1 - [B7GCP7_PHATC]	26.13	2.56%	1	1	1	60.6
B7FPG7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42765 PE=3 SV=1 - [B7FPG7_PHATC]	149.47	17.42%	3	3	4	20.1	B7G3G9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_21659 PE=4 SV=1 - [B7G3G9_PHATC]	28.81	5.15%	1	1	1	15.5	B7G0R3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_27821 PE=4 SV=1 - [B7G0R3_PHATC]	26.09	2.31%	1	1	1	87.6
B7FUV3	60S ribosomal protein L6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34146 PE=3 SV=1 - [B7FUV3_PHATC]	148.13	31.66%	5	5	5	21.6	B7FQS8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_17862 PE=3 SV=1 - [B7FQS8_PHATC]	28.65	2.84%	1	2	2	57	B7G705	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48573 PE=4 SV=1 - [B7G705_PHATC]	26.05	2.16%	1	1	1	73.6
B7FYV2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_27385 PE=3 SV=1 - [B7FYV2_PHATC]	147.23	12.48%	6	7	7	80	B7GEB5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50480 PE=4 SV=1 - [B7GEB5_PHATC]	28.63	2.14%	1	1	1	57	B7FZ92	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45947 PE=3 SV=1 - [B7FZ92_PHATC]	25.93	8.19%	1	1	3	41.8
B7FTP5	Ornithine cyclodiaminase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54222 PE=4 SV=1 - [B7FTP5_PHATC]	146.97	16.47%	5	5	6	36.3	B5Y4G7	Vacuolar protein sorting-associated protein 35 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43830 PE=4 SV=1 - [B5Y4G7_PHATC]	28.58	1.34%	1	1	1	184	B7G553	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_38174 PE=4 SV=1 - [B7G553_PHATC]	25.88	3.47%	2	2	2	79.1
A0T0G9	Photosystem II protein D1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbA PE=3 SV=1 - [PSBA_PHATC]	146.21	12.22%	3	5	6	39.6	B7FVA7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45016 PE=4 SV=1 - [B7FVA7_PHATC]	28.25	7.50%	1	1	1	34.1	B7G0V1	TRD3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TRD3 PE=4 SV=1 - [B7G0V1_PHATC]	25.84	3.82%	1	1	1	31.3
B7FY02	Ubiquitin extension protein 3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UBI3 PE=4 SV=1 - [B7FY02_PHATC]	146.13	29.68%	1	4	6	17.8	B7G216	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28359 PE=4 SV=1 - [B7G216_PHATC]	27.65	12.66%	3	3	3	25.6	B7FPH5	Bifunctional 6-phosphofructo-2-kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PF2K1 PE=4 SV=1 - [B7FPH5_PHATC]	25.78	2.96%	1	1	1	61
B7G0P4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12762 PE=3 SV=1 - [B7G0P4_PHATC]	145.73	17.02%	4	4	4	29.4	B7FY03	Ribosome assembly factor mrt4 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12144 PE=3 SV=1 - [B7FY03_PHATC]	27.65	3.64%	1	1	1	25.1	B7FVZ2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1						

87FR48	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43249 PE=3 SV=1 - [B7FR48_PHATC]	140.81	13.94%	3	3	3	34.4	87FSN7	Delta-aminolevulinic acid dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50723 PE=3 SV=1 - [B7FSN7_PHATC]	25.45	3.97%	1	1	1	44.2	85Y566	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44047 PE=4 SV=1 - [B5Y566_PHATC]	24.6	2.38%	1	1	3	52.5
87G8X0	Inhibitor-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54958 PE=4 SV=1 - [B7G8X0_PHATC]	140.24	20.07%	5	6	7	31.5	85Y5U5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33031 PE=4 SV=1 - [B5Y5U5_PHATC]	25.44	4.25%	1	1	1	43.4	87G2R8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47178 PE=4 SV=1 - [B7G2R8_PHATC]	24.57	4.95%	1	1	1	19.7
87ZG3	Proteasome subunit alpha type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45998 PE=3 SV=1 - [B7ZG3_PHATC]	139.57	17.20%	3	3	3	27.5	87FXG3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26970 PE=4 SV=1 - [B7FXG3_PHATC]	25.41	4.13%	1	2	2	72	87GE74	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50469 PE=4 SV=1 - [B7GE74_PHATC]	24.55	5.74%	1	1	1	22.5
A0T0K8	ATP-dependent Gp protease ATP-binding subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GPC PE=3 SV=1 - [A0T0K8_PHATC]	139.16	14.36%	8	8	8	103.5	87FPY8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp79_1 PE=3 SV=1 - [B7FPY8_PHATC]	25.21	1.19%	1	1	1	72.7	87FU93	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44478 PE=4 SV=1 - [B7FU93_PHATC]	24.54	3.10%	1	1	1	61.3
87G5M4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_29217 PE=4 SV=1 - [B7G5M4_PHATC]	137.62	13.55%	3	4	4	43.9	A0T04	5S ribosomal protein L22, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ipl22 PE=3 SV=1 - [Rk22_PHATC]	25.18	11.30%	1	1	1	13	87FT10	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43657 PE=3 SV=1 - [B7FT10_PHATC]	24.52	3.29%	1	1	1	45.4
87G585	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47905 PE=4 SV=1 - [B7G585_PHATC]	137.5	44.06%	7	8	10	31	87FXT6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45471 PE=4 SV=1 - [B7FXT6_PHATC]	25.14	3.19%	2	2	2	88.8	87FWY4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45239 PE=4 SV=1 - [B7FWY4_PHATC]	24.4	3.46%	2	3	3	121.9
87F758	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43698 PE=4 SV=1 - [B7F758_PHATC]	136.39	14.09%	2	2	2	31.7	87G5O3	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hchr14 PE=4 SV=1 - [B7G5O3_PHATC]	24.95	17.17%	2	3	4	21.3	87FRV6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43323 PE=4 SV=1 - [B7FRV6_PHATC]	24.19	7.23%	1	1	1	24.9
87G8B8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49648 PE=4 SV=1 - [B7G8B8_PHATC]	136.15	17.72%	2	3	3	34.2	87G8I3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_29887 PE=4 SV=1 - [B7G8I3_PHATC]	24.93	1.60%	1	1	1	62.6	87FVA7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45016 PE=4 SV=1 - [B7FVA7_PHATC]	24.11	2.50%	1	1	1	34.1
85Y4C1	Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20B PE=3 SV=1 - [B5Y4C1_PHATC]	136	16.25%	3	4	5	38.7	87FR60	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hchr2 PE=4 SV=1 - [B7FR60_PHATC]	24.89	9.85%	1	1	1	21.2	87G5O3	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hchr14 PE=4 SV=1 - [B7G5O3_PHATC]	24.1	6.57%	1	1	1	21.3
87FRZ2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43356 PE=4 SV=1 - [B7FRZ2_PHATC]	135.95	25.00%	4	5	6	25.1	85Y5C7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33462 PE=4 SV=1 - [B5Y5C7_PHATC]	24.88	1.61%	1	1	1	75.3	87G8Z1	Glycylglycyl N-tetradecanoyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48947 PE=3 SV=1 - [B7G8Z1_PHATC]	24.03	2.62%	1	1	1	39.3
87G938	Phosphoglycerate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PGK PE=3 SV=1 - [B7G938_PHATC]	135.82	12.50%	4	4	4	47.5	87FRS9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43300 PE=4 SV=1 - [B7FRS9_PHATC]	24.84	0.94%	1	1	3	116.7	87G7F1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48699 PE=4 SV=1 - [B7G7F1_PHATC]	24.02	3.23%	1	1	1	24.7
87G0F8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46206 PE=4 SV=1 - [B7G0F8_PHATC]	135.21	31.46%	5	5	5	23.1	87FVE3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26382 PE=4 SV=1 - [B7FVE3_PHATC]	24.82	6.74%	1	1	1	27.8	87FQ88	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_9413 PE=3 SV=1 - [B7FQ88_PHATC]	23.84	3.69%	1	1	1	37.4
87G544	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_29097 PE=3 SV=1 - [B7G544_PHATC]	134.76	14.22%	4	4	4	25.4	87G128	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46395 PE=4 SV=1 - [B7G128_PHATC]	24.8	7.69%	1	1	1	22.5	87G386	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47395 PE=3 SV=1 - [B7G386_PHATC]	23.82	2.72%	1	1	1	35.7
87FU16	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44420 PE=4 SV=1 - [B7FU16_PHATC]	134.62	13.31%	2	2	4	30.3	87G8W8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPS-II PE=3 SV=1 - [B7G8W8_PHATC]	24.79	2.01%	2	3	3	169.7	87G8M1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48859 PE=4 SV=1 - [B7G8M1_PHATC]	23.8	3.51%	1	1	1	48.9
87GEN1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41601 PE=4 SV=1 - [B7GEN1_PHATC]	134.6	13.80%	3	3	4	32.7	87G022	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46098 PE=4 SV=1 - [B7G022_PHATC]	24.59	4.26%	2	2	2	65.7	87FY72	2-hydroxyacid dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45592 PE=3 SV=1 - [B7FY72_PHATC]	23.66	2.21%	1	1	1	48.3
87G715	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48411 PE=3 SV=1 - [B7G715_PHATC]	133.83	23.48%	4	4	4	28.4	87G7I4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48511 PE=4 SV=1 - [B7G7I4_PHATC]	24.48	4.46%	1	2	2	53.5	85Y4V2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43945 PE=4 SV=1 - [B5Y4V2_PHATC]	23.61	7.94%	1	1	1	33.9
87GCM7	Xylose isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_30786 PE=3 SV=1 - [B7GCM7_PHATC]	133.11	16.63%	5	5	5	50.1	87FTL4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44291 PE=4 SV=1 - [B7FTL4_PHATC]	24.41	7.14%	1	1	1	12.5	87GAU1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_30394 PE=3 SV=1 - [B7GAU1_PHATC]	23.21	1.43%	1	1	1	62.9
87FQ57	2-phosphoglycerate dehydratase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42962 PE=4 SV=1 - [B7FQ57_PHATC]	132.29	11.44%	6	6	6	60.3	85Y4D9	Long chain acyl-CoA synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACS3 PE=4 SV=1 - [B5Y4D9_PHATC]	24.21	1.14%	1	1	1	77.2	87FPN7	Aldehyde dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31906 PE=4 SV=1 - [B7FPN7_PHATC]	23.17	1.81%	1	1	1	60.6
87GAV1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15968 PE=4 SV=1 - [B7GAV1_PHATC]	132.05	5.77%	5	5	5	149.9	87GEF1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50537 PE=4 SV=1 - [B7GEF1_PHATC]	24.06	1.71%	1	1	1	99.4	87G5M5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hchr2 PE=4 SV=1 - [B7G5M5_PHATC]	23.15	6.19%	1	1	1	23.4
87G8U6	Dehydrogenase methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23467 PE=4 SV=1 - [B7G8U6_PHATC]	131.9	17.13%	4	5	5	57.6	87FQ32	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51422 PE=4 SV=1 - [B7FQ32_PHATC]	23.83	5.24%	1	1	1	46.8	87FWJ1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45122 PE=3 SV=1 - [B7FWJ1_PHATC]	23.14	6.41%	2	2	2	46.9
85Y4V2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43945 PE=4 SV=1 - [B5Y4V2_PHATC]	131.61	25.08%	4	4	5	33.9	87G8I1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_2215 PE=4 SV=1 - [B7G8I1_PHATC]	23.81	6.02%	1	1	2	46.2	87FRX3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_32531 PE=4 SV=1 - [B7FRX3_PHATC]	23.06	5.95%	1	1	1	20.4
87G4K6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28979 PE=3 SV=1 - [B7G4K6_PHATC]	131.53	23.78%	3	3	4	17.6	87FXYS	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35240 PE=3 SV=1 - [B7FXYS_PHATC]	23.63	1.46%	1	1	1	74.9	87G4R3	Cytosolic class II aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Fba3 PE=4 SV=1 - [B7G4R3_PHATC]	23.03	11.50%	2	2	2	43.2
A0T0F3	Photosystem I reaction center subunit IV OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaE PE=3 SV=1 - [PSAE_PHATC]	131.21	76.81%	2	3	7	7.9	87GDL3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41210 PE=4 SV=1 - [B7GDL3_PHATC]	23.08	2.98%	1	1	2	26.7	87FXZ0	Acyl-coenzyme A oxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACO1 PE=3 SV=1 - [B7FXZ0_PHATC]	22.95	3.68%	1	2	2	78.2
87G798	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_14517 PE=3 SV=1 - [B7G798_PHATC]	130	15.77%	3	3	3	36.7	87G757	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48445 PE=4 SV=1 - [B7G757_PHATC]	23	2.04%	1	1	1	54.2	87GEA7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31257 PE=3 SV=1 - [B7GEA7_PHATC]	22.82	8.47%	2	2	2	38.8
85Y3Y4	HSP20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20 PE=3 SV=1 - [B5Y3Y4_PHATC]	129.55	53.70%	6	6	9	24.3	87GCT1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23709 PE=3 SV=1 - [B7GCT1_PHATC]	22.79	2.45%	1	1	1	35.3	87G8I6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42307 PE=4 SV=1 - [B7G8I6_PHATC]	22.76	7.28%	2	2	2	49
87FUC3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44510 PE=4 SV=1 - [B7FUC3_PHATC]	128.83	25.28%	6	7	8	48.5	87FXI4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45389 PE=3 SV=1 - [B7FXI4_PHATC]	22.77	5.04%	1	2	2	46.3	87G997	Nitrate reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54983 PE=3 SV=1 - [B7G997_PHATC]	22.55	5.27%	2	4	5	100.1
87GAE4	Lysine-tRNA ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H3.3 PE=3 SV=1 - [B7GAE4_PHATC]	128.77	15.27%	7	9	11	61	87G362	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37579 PE=4 SV=1 - [B7G362_PHATC]	22.74	3.28%	1	1	1	38.7	87G650	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_38760 PE=4 SV=1 - [B7G650_PHATC]	22.52	6.60%	1	1	1	35.4
87G218	Histone H3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H3.3 PE=3 SV=1 - [B7G218_PHATC]	128.4	19.85%	2	3	5	15.3	87G087	Precursor of protein violaxanthin deepoxidase-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=VDL1 PE=4 SV=1 - [B7G087_PHATC]	22.72	3.53%	1	1	2	48.7	87G7N2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48553 PE=4 SV=1 - [B7G7N2_PHATC]	22.45	0.84%	1	1	2	96.9
87GBA5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49634 PE=4 SV=1 - [B7GBA5_PHATC]	127.63	9.66%	4	5	7	69.7	87GBA5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49634 PE=4 SV=1 - [B7GBA5_PHATC]	22.51	3.86%	2	2	2	69.7	87GAB5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_30246 PE=3 SV=1 - [B7GAB5_PHATC]	22.44	5.87%	2	2	2	37.7
87G326	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51055 PE=3 SV=1 - [B7G326_PHATC]	126.81	7.78%	4	4	4	68.7	87F5P2	ADP-ATP carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NTTS PE=3 SV=1 - [B7F5P2_PHATC]	22.5	2.01%	1	1	1	58.3	87G8X3	Beta-glucosidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49793 PE=3 SV=1 - [B7G8X3_PHATC]	22.38	1.83%	1	1	1	96.4
87FV10	1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl-4-diphosphate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HDS PE=3 SV=1 - [B7FV10_PHATC]	126.7	7.00%	4	4	4	82.8	A0T0A2	Photosystem I assembly protein Ycf4 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=yf4 PE=3 SV=1 - [YCF4_PHATC]	22.49	20.44%	2	2	2	20.5	87FS29	Adenylosuccinate lyase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_18087 PE=3 SV=1 - [B7FS29_PHATC]	22.2	4.41%	2	2	2	56
87FVFO	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44725 PE=4 SV=1 - [B7FVFO_PHATC]	126.19	24.07%	3	4	7	17.6	87FP67	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42687 PE=4 SV=1 - [B7FP67_PHATC]	22.43	2.09%	1	1	1	83.9	87G374	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=APbeta PE=4 SV=1 - [B7G374_PHATC]	22.2	1.12%	1	1	1	88
87FUM9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ch2 PE=3 SV=1 - [B7FUM9_PHATC]	126.06	8.45%	2	2	2	39.7	87G5G1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47943 PE=4 SV=1 - [B7G5G1_PHATC]	22.4	0.60%	1	1	1	127.8	87							

85Y5U1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25956 PE=4 SV=1 - [85Y5U1_PHATC]	120.53	34.19%	6	6	8	30.8	87GB16	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42307 PE=4 SV=1 - [87GB16_PHATC]	21.28	4.42%	1	1	1	49	87GCV3	SOS ribosomal protein L20 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp20 PE=3 SV=1 - [87GCV3_PHATC]	20.22	10.20%	1	1	2	11.7
87FY66	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_27240 PE=4 SV=1 - [87FY66_PHATC]	120.37	3.62%	2	2	4	85.1	87G4R1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47742 PE=4 SV=1 - [87G4R1_PHATC]	21.27	5.80%	1	1	1	15.4	87GCW2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40956 PE=3 SV=1 - [87GCW2_PHATC]	20.05	1.32%	1	1	1	56.6
87FU90	Proteasome subunit alpha type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19004 PE=3 SV=1 - [87FU90_PHATC]	120.17	16.80%	3	3	4	27.4	87G7L3	Catalase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_22418 PE=3 SV=1 - [87G7L3_PHATC]	21.22	1.94%	1	1	1	62.3	87FPD1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42739 PE=4 SV=1 - [87FPD1_PHATC]	20.03	6.85%	1	1	1	36.5
87G9U1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42276 PE=4 SV=1 - [87G9U1_PHATC]	120.17	4.04%	4	4	4	136.5	85Y407	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SY1B PE=3 SV=1 - [85Y407_PHATC]	21.16	5.38%	1	1	1	29.3	87GCN8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50026 PE=3 SV=1 - [87GCN8_PHATC]	19.7	1.35%	1	1	1	79.9
87G5C9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_22019 PE=3 SV=1 - [87G5C9_PHATC]	119.97	13.27%	5	5	5	47.6	85Y3B5	Beta-ketoadyl-CoA thiolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=KCT3 PE=3 SV=1 - [85Y3B5_PHATC]	21.04	3.50%	1	1	1	48.4	87FUH7	Peptidylprolyl isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44556 PE=4 SV=1 - [87FUH7_PHATC]	19.58	3.24%	1	1	1	27.5
87G5I4	Importin subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_29174 PE=3 SV=1 - [87G5I4_PHATC]	119.84	9.56%	4	4	4	59.5	87FPZ8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24772 PE=3 SV=1 - [87FPZ8_PHATC]	20.97	2.00%	1	1	1	86.6	87FXN9	Nad-dependent epimerase/dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45434 PE=4 SV=1 - [87FXN9_PHATC]	19.58	3.30%	1	1	1	40.5
87G833	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48680 PE=4 SV=1 - [87G833_PHATC]	119.2	9.28%	5	6	7	63.7	85Y3T0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46792 PE=4 SV=1 - [85Y3T0_PHATC]	20.73	8.88%	1	2	2	34.9	87FQU8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43163 PE=4 SV=1 - [87FQU8_PHATC]	19.57	2.00%	1	1	1	62
87FU94	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44479 PE=4 SV=1 - [87FU94_PHATC]	119.04	5.74%	2	2	2	50.4	87GEA4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50498 PE=4 SV=1 - [87GEA4_PHATC]	20.7	4.84%	2	3	3	74	87FS23	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56630 PE=3 SV=1 - [87FS23_PHATC]	19.57	2.85%	1	1	1	63.4
87S3X2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1628 PE=3 SV=1 - [87S3X2_PHATC]	119.04	7.74%	4	4	4	68.4	A010I5	30S ribosomal protein S3, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ps3 PE=3 SV=1 - [A010I5_PHATC]	20.69	8.41%	1	1	1	24.1	85Y3P4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46758 PE=4 SV=1 - [85Y3P4_PHATC]	19.35	3.63%	1	1	1	33.3
87G9B9	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc2 PE=4 SV=1 - [87G9B9_PHATC]	118.72	28.24%	3	3	8	23.4	87FW60	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44936 PE=4 SV=1 - [87FW60_PHATC]	20.42	3.06%	1	1	1	43.5	87GES3	Plasma membrane ATPase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ATPase2-3A PE=3 SV=1 - [87GES3_PHATC]	19.19	0.93%	1	1	1	104.7
87G9E1	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK5 PE=3 SV=1 - [87G9E1_PHATC]	117.67	9.39%	4	4	5	60.3	87GBN5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49718 PE=4 SV=1 - [87GBN5_PHATC]	20.38	4.02%	1	1	1	40.8	87G3Y2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hsp70_2 PE=3 SV=1 - [87G3Y2_PHATC]	19.1	2.46%	1	2	2	79.6
87G6D3	Metacaspase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54873 PE=4 SV=1 - [87G6D3_PHATC]	117.34	11.14%	3	3	4	45	87G1B0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46461 PE=3 SV=1 - [87G1B0_PHATC]	20.23	2.58%	1	1	1	45.6	87GC27	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49850 PE=4 SV=1 - [87GC27_PHATC]	19.05	6.84%	1	1	1	20.8
87GE47	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50441 PE=4 SV=1 - [87GE47_PHATC]	117.25	10.95%	4	5	5	85	87FRM3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_9180 PE=4 SV=1 - [87FRM3_PHATC]	20.23	0.80%	1	1	1	138.3	87GD91	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50191 PE=4 SV=1 - [87GD91_PHATC]	19.05	14.93%	1	1	1	14.6
85Y3I1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46707 PE=4 SV=1 - [85Y3I1_PHATC]	117.04	15.00%	4	4	4	28.6	87GCS8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50061 PE=4 SV=1 - [87GCS8_PHATC]	20.2	1.35%	1	1	1	100.3	85Y23	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25739 PE=4 SV=1 - [85Y23_PHATC]	19.03	4.56%	1	1	1	30.3
87GCW2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40956 PE=3 SV=1 - [87GCW2_PHATC]	116.99	7.37%	3	4	5	56.6	87GC30	Phospholipid scramblase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PLS1 PE=3 SV=1 - [87GC30_PHATC]	20.19	10.16%	1	1	1	28	87G370	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47384 PE=4 SV=1 - [87G370_PHATC]	19	5.30%	2	2	2	54
87GA10	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23079 PE=4 SV=1 - [87GA10_PHATC]	116.46	10.04%	4	4	4	28.6	87GCY5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50103 PE=4 SV=1 - [87GCY5_PHATC]	20.13	1.44%	1	1	2	70.4	87G637	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48134 PE=3 SV=1 - [87G637_PHATC]	19	1.69%	1	1	1	104.9
87FP11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42786 PE=4 SV=1 - [87FP11_PHATC]	116.31	18.42%	5	5	7	45.9	87G6J9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_14770 PE=4 SV=1 - [87G6J9_PHATC]	20.1	7.02%	1	1	1	19.3	87FX5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35240 PE=3 SV=1 - [87FX5_PHATC]	18.99	1.90%	1	1	1	74.9
87S3Q2	2-phosphoglycolate phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PGP PE=4 SV=1 - [87S3Q2_PHATC]	116.26	18.15%	3	3	3	33.9	85Y3F5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_42051 PE=3 SV=1 - [85Y3F5_PHATC]	20.02	2.94%	1	1	1	64.6	87FRC1	Cytosolic aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Fba4 PE=4 SV=1 - [87FRC1_PHATC]	18.95	5.69%	1	1	1	33.4
87G753	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56578 PE=4 SV=1 - [87G753_PHATC]	115.74	16.34%	3	3	3	21.3	87G0U9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46329 PE=4 SV=1 - [87G0U9_PHATC]	19.9	3.75%	1	1	1	27.6	87G6J6	Acetylornithine aminotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50577 PE=3 SV=1 - [87G6J6_PHATC]	18.84	14.29%	2	3	4	50.3
87GA44	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42282 PE=4 SV=1 - [87GA44_PHATC]	115.53	6.27%	3	3	3	42.5	87FYX3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45515 PE=4 SV=1 - [87FYX3_PHATC]	19.88	7.32%	1	1	1	32.8	87G9G9	Fructose-1,6-bisphosphate aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FbaC2 PE=4 SV=1 - [87G9G9_PHATC]	18.73	3.19%	1	1	1	47.9
87FU89	Farnesyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19000 PE=3 SV=1 - [87FU89_PHATC]	115.47	6.23%	2	2	3	36.1	87FYQ7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45802 PE=4 SV=1 - [87FYQ7_PHATC]	19.71	0.29%	1	1	1	269.4	87G3Z1	Ubiquitin-activating enzyme E1, protein 2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HUB1 PE=3 SV=1 - [87G3Z1_PHATC]	18.65	1.43%	1	2	2	116.1
A0T0I4	SOS ribosomal protein L22, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp22 PE=3 SV=1 - [A0T0I4_PHATC]	115.42	11.30%	1	1	2	13	87G9S4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49189 PE=4 SV=1 - [87G9S4_PHATC]	19.69	3.76%	1	1	1	20.2	87G763	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48449 PE=4 SV=1 - [87G763_PHATC]	18.54	5.53%	1	1	1	27.6
87GEA6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50500 PE=3 SV=1 - [87GEA6_PHATC]	115.25	25.70%	7	7	9	39.2	87G4M5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49451 PE=4 SV=1 - [87G4M5_PHATC]	19.66	7.46%	1	2	2	43.2	87GB04	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49550 PE=4 SV=1 - [87GB04_PHATC]	18.49	1.78%	1	1	1	72.1
87GBF0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40433 PE=4 SV=1 - [87GBF0_PHATC]	114.99	5.64%	3	3	3	62.8	87GB04	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49550 PE=4 SV=1 - [87GB04_PHATC]	19.48	3.73%	1	2	2	72.1	87G0U9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46329 PE=4 SV=1 - [87G0U9_PHATC]	18.34	3.75%	1	1	2	27.6
A0T0E0	30S ribosomal protein S2, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp2 PE=3 SV=1 - [A0T0E0_PHATC]	114.39	19.03%	4	5	6	25.8	87FZK5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35556 PE=4 SV=1 - [87FZK5_PHATC]	19.41	1.84%	1	3	3	213.2	87FXU0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45475 PE=4 SV=1 - [87FXU0_PHATC]	18.29	3.55%	1	1	3	33.9
87G0I8	Inhibitor-like protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12799 PE=4 SV=1 - [87G0I8_PHATC]	114.34	24.59%	5	6	7	27.5	87FQM8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43106 PE=4 SV=1 - [87FQM8_PHATC]	19.35	1.92%	1	1	1	59.5	85YV8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44250 PE=4 SV=1 - [85YV8_PHATC]	18.25	1.15%	1	1	1	98.9
87G279	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37131 PE=3 SV=1 - [87G279_PHATC]	114.06	8.84%	4	4	5	61.8	87G9I9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_39578 PE=4 SV=1 - [87G9I9_PHATC]	19.34	2.66%	1	1	1	46.4	87GDG0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56243 PE=3 SV=1 - [87GDG0_PHATC]	18.25	7.22%	1	2	2	49.8
87FU59	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34120 PE=4 SV=1 - [87FU59_PHATC]	114.06	25.20%	3	3	4	27	87G150	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_20787 PE=3 SV=1 - [87G150_PHATC]	19.26	3.59%	1	2	2	52.6	87G1A1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46453 PE=4 SV=1 - [87G1A1_PHATC]	18.2	3.88%	1	1	1	50.1
87FZS9	Cotamer subunit beta' OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CObeta2 PE=3 SV=1 - [87FZS9_PHATC]	113.83	8.32%	7	8	8	105.9	87GB46	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_4014 PE=4 SV=1 - [87GB46_PHATC]	19.24	11.11%	1	1	1	23.9	87GAQ7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40189 PE=4 SV=1 - [87GAQ7_PHATC]	18.12	5.75%	1	2	4	45.4
87FRW5	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc1 PE=4 SV=1 - [87FRW5_PHATC]	113.25	18.37%	1	3	3	21.2	85Y4W4	Condensin complex subunit 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SMC PE=3 SV=1 - [85Y4W4_PHATC]	19.22	2.20%	1	1	2	141.2	87G326	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_51055 PE=3 SV=1 - [87G326_PHATC]	18	3.17%	1	1	1	68.7
87G5D7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_38261 PE=4 SV=1 - [87G5D7_PHATC]	113.25	17.98%	6	6	6	45.3	87FYK1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45697 PE=4 SV=1 - [87FYK1_PHATC]	19.19	1.41%	1	1	1	118.3	87FR11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31533 PE=4 SV=1 - [87FR11_PHATC]	17.99	3.88%	1	1	1	56.8
87G0V7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46336 PE=4 SV=1 - [87G0V7_PHATC]	112.22	15.16%	5	5	6	50.4	87GAP3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49466 PE=4 SV=1 - [87GAP3_PHATC]	19.14	1.96%	1	1	1	57	87G5I7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_29177 PE=3 SV=1 - [87G5I7_PHATC]	17.96	17.84%	2	3	3	20.7
87GE88	Glutaminyl-trna synthetase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16963 PE=3 SV=1 - [87GE88_PHATC]	112.16	8.98%	4	4	4	64.1	87GAR3	Cytosolic class II aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Fba3 PE=4 SV=1 - [87GAR3_PHATC]	19.09	5.75%	1	1	1	43.2	87FG60	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CC						

C4A3A3	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=KRT34 PE=4 SV=1 - [C4A3A3_CON-HUMAN]	106.83	12.94%	1	5	5	44.7	87G9X0	Fomate-tetrahydrofolate ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FTHS PE=3 SV=1 - [B7G9X0_PHATC]	18.29	1.65%	1	1	1	70.7	87FQ13	Peptidylprolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43152 PE=3 SV=1 - [B7FQ13_PHATC]	17.14	6.71%	1	1	1	17.2
87G8Y0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48938 PE=4 SV=1 - [B7G8Y0_PHATC]	106.69	18.41%	4	4	4	30.5	87G179	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46438 PE=4 SV=1 - [B7G179_PHATC]	18.19	2.12%	1	1	1	65.3	87FZES	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45887 PE=4 SV=1 - [B7FZES_PHATC]	17.13	0.73%	1	1	1	260.4
87G015	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12732 PE=3 SV=1 - [B7G015_PHATC]	106.42	12.72%	2	2	2	24.9	87G836	Bifunctional trehalose-6-phosphate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TPS2 PE=4 SV=1 - [B7G836_PHATC]	18.11	1.67%	1	2	2	132.5	87F580	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab5A PE=4 SV=1 - [B7F580_PHATC]	17.1	12.44%	2	2	2	22.3
87FRU6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43315 PE=4 SV=1 - [B7FRU6_PHATC]	106.29	9.40%	3	3	3	47.4	87G249	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47006 PE=4 SV=1 - [B7G249_PHATC]	18.06	3.20%	1	1	1	23	87FU67	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45477 PE=4 SV=1 - [B7FU67_PHATC]	17.06	3.06%	1	1	1	35
87FRA9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42442 PE=4 SV=1 - [B7FRA9_PHATC]	106.27	3.27%	2	2	2	103.2	87G8W2	Arginyl-tRNA-protein transferase 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48924 PE=3 SV=1 - [B7G8W2_PHATC]	17.93	2.03%	1	1	1	72.2	85YSF6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CYP6 PE=4 SV=1 - [B5YSF6_PHATC]	17.03	8.22%	1	1	1	16.4
87FXN9	Nad-dependent epimerase/dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45434 PE=4 SV=1 - [B7FXN9_PHATC]	106.09	7.14%	2	2	2	40.5	87G6E9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MDH PE=3 SV=1 - [B7G6E9_PHATC]	17.9	3.48%	1	1	1	35.9	87G249	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47006 PE=4 SV=1 - [B7G249_PHATC]	16.97	3.20%	1	1	1	23
87G7W4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5145 PE=3 SV=1 - [B7G7W4_PHATC]	106.02	20.80%	3	3	3	24.1	87G2T8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21430 PE=3 SV=1 - [B7G2T8_PHATC]	17.89	4.44%	2	2	2	59	87FU31	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44432 PE=4 SV=1 - [B7FU31_PHATC]	16.96	1.82%	1	1	2	75.8
87GEF1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50537 PE=4 SV=1 - [B7GEF1_PHATC]	105.03	3.98%	3	3	3	99.4	87FR09	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43217 PE=4 SV=1 - [B7FR09_PHATC]	17.87	2.29%	1	1	1	59.5	87GDU9	Protoporphyrin oxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PPD PE=3 SV=1 - [B7GDU9_PHATC]	16.93	1.92%	1	1	1	56.6
87FY80	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56608 PE=4 SV=1 - [B7FY80_PHATC]	104.71	7.85%	2	2	5	47.3	87G134	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50966 PE=3 SV=1 - [B7G134_PHATC]	17.84	2.78%	1	1	1	49.5	87FZC1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45969 PE=4 SV=1 - [B7FZC1_PHATC]	16.92	2.16%	1	1	1	53.7
87G916	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15689 PE=4 SV=1 - [B7G916_PHATC]	104.57	13.15%	4	5	8	48.4	85Y4H3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43835 PE=4 SV=1 - [B5Y4H3_PHATC]	17.74	1.20%	1	1	1	108.3	87FQC5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43016 PE=3 SV=1 - [B7FQC5_PHATC]	16.89	1.22%	1	1	1	119.9
A0T0G5	Protein translocase subunit SecA OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=secA PE=3 SV=1 - [S0CA_PHATC]	104.57	6.77%	5	5	5	102.2	87G6E4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22279 PE=3 SV=1 - [B7G6E4_PHATC]	17.63	5.88%	1	1	1	35.2	87FQN3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43110 PE=4 SV=1 - [B7FQN3_PHATC]	16.88	4.23%	1	1	2	46
87FFP4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42757 PE=4 SV=1 - [B7FFP4_PHATC]	104.15	25.96%	5	5	5	22.7	87G090	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46158 PE=4 SV=1 - [B7G090_PHATC]	17.59	3.39%	1	1	1	47.5	87FS07	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_232 PE=4 SV=1 - [B7FS07_PHATC]	16.85	5.17%	2	3	3	110
87GC67	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49881 PE=4 SV=1 - [B7GC67_PHATC]	104.15	8.51%	3	3	3	45.4	87G8C6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30502 PE=4 SV=1 - [B7G8C6_PHATC]	17.45	6.09%	1	1	3	22.1	87FUQ8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41850 PE=4 SV=1 - [B7FUQ8_PHATC]	16.75	2.77%	1	1	1	75.2
87FXV5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19949 PE=4 SV=1 - [B7FXV5_PHATC]	103.96	17.05%	5	5	6	42.2	85Y501	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_15885 PE=4 SV=1 - [B5Y501_PHATC]	17.39	7.24%	1	1	1	16.9	87GAB0	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PDHA1 PE=4 SV=1 - [B7GAB0_PHATC]	16.75	7.26%	1	2	2	46.1
87F5P4	Protein fucosanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhcr3 PE=4 SV=1 - [B7F5P4_PHATC]	103.83	36.68%	5	5	7	21.1	87G8Q6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30572 PE=4 SV=1 - [B7G8Q6_PHATC]	17.38	3.90%	1	1	1	51.8	87GBF1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30514 PE=3 SV=1 - [B7GBF1_PHATC]	16.63	6.84%	1	2	2	38.4
85Y460	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21183 PE=3 SV=1 - [B5Y460_PHATC]	103.2	5.87%	2	3	4	78.8	87G6A9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16982 PE=4 SV=1 - [B7G6A9_PHATC]	17.28	5.17%	1	1	33	87G0V7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46336 PE=4 SV=1 - [B7G0V7_PHATC]	16.63	5.05%	1	2	2	50.4	
87G9C6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49056 PE=4 SV=1 - [B7G9C6_PHATC]	103.13	12.90%	2	4	4	55.1	A0T0L2	Photosystem I iron-sulfur center OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psaC PE=3 SV=1 - [P5AC_PHATC]	17.27	11.11%	1	1	1	8.8	87G8U1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49766 PE=4 SV=1 - [B7G8U1_PHATC]	16.62	0.66%	1	1	1	198
87GEN5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31367 PE=4 SV=1 - [B7GEN5_PHATC]	103.04	5.13%	3	4	4	89.3	87G7Z5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCase_2 PE=3 SV=1 - [B7G7Z5_PHATC]	17.16	2.51%	1	1	1	98.3	87GAX8	ADP-ATP carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NTPI3 PE=3 SV=1 - [B7GAX8_PHATC]	16.59	1.97%	1	1	1	65.7
87S3X4	L-serine ammonia-lyase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LSD PE=4 SV=1 - [B7S3X4_PHATC]	102.95	11.76%	2	2	2	35.8	85Y5P4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44203 PE=4 SV=1 - [B5Y5P4_PHATC]	17.11	2.43%	1	1	1	71.7	87G8I8	Early-response-to-dehydration protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ERD PE=4 SV=1 - [B7G8I8_PHATC]	16.58	1.52%	1	1	1	88.2
87G2M8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47145 PE=4 SV=1 - [B7G2M8_PHATC]	102.82	20.43%	4	5	6	31.3	85Y3L6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46732 PE=4 SV=1 - [B5Y3L6_PHATC]	17.06	1.18%	1	1	1	64.2	87GE71	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50464 PE=4 SV=1 - [B7GE71_PHATC]	16.49	2.67%	1	1	1	53.3
87G685	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54869 PE=4 SV=1 - [B7G685_PHATC]	102.67	10.11%	3	3	3	48.2	87F5G6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43508 PE=4 SV=1 - [B7F5G6_PHATC]	17.04	1.78%	1	1	1	44	87FQC3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8802 PE=3 SV=1 - [B7FQC3_PHATC]	16.49	23.33%	1	1	1	7.1
87G888	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29824 PE=3 SV=1 - [B7G888_PHATC]	102.63	7.48%	6	6	7	132.6	87FP41	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8755 PE=3 SV=1 - [B7FP41_PHATC]	17.02	4.99%	1	2	2	56.2	87G3I7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37533 PE=4 SV=1 - [B7G3I7_PHATC]	16.46	6.77%	1	1	2	27.9
87G2K2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13777 PE=4 SV=1 - [B7G2K2_PHATC]	102.53	7.77%	1	1	2	22.9	87FUD0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44511 PE=4 SV=1 - [B7FUD0_PHATC]	17.01	3.46%	1	1	1	31.7	87FZT0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46022 PE=4 SV=1 - [B7FZT0_PHATC]	16.43	1.99%	1	1	2	104
A0T0B5	Mg-protoporphyrin IX chelatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hcl PE=3 SV=1 - [A0T0B5_PHATC]	102.41	17.00%	4	4	4	39.5	87FUP5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19152 PE=4 SV=1 - [B7FUP5_PHATC]	17	5.10%	1	1	1	17.5	85Y3R4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46779 PE=4 SV=1 - [B5Y3R4_PHATC]	16.4	0.68%	1	1	1	200.6
87G9L9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sec4 PE=4 SV=1 - [B7G9L9_PHATC]	102.3	16.43%	2	2	2	23	87G4T8	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=OGD1 PE=4 SV=1 - [B7G4T8_PHATC]	17	0.93%	1	1	1	121.1	87G1C9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46476 PE=4 SV=1 - [B7G1C9_PHATC]	16.36	1.01%	1	2	3	228.8
87FRG4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5462 PE=4 SV=1 - [B7FRG4_PHATC]	102.15	23.75%	4	4	4	17.7	87G2J6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47120 PE=4 SV=1 - [B7G2J6_PHATC]	17	4.14%	1	2	2	81.4	87GDL3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41210 PE=4 SV=1 - [B7GDL3_PHATC]	16.31	2.98%	1	1	2	26.7
85Y4H0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_3140 PE=4 SV=1 - [B5Y4H0_PHATC]	101.7	12.24%	2	2	2	21.7	87G3Q7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47249 PE=4 SV=1 - [B7G3Q7_PHATC]	16.98	1.62%	1	1	2	73.7	87FW90	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34633 PE=4 SV=1 - [B7FW90_PHATC]	16.31	2.25%	1	2	2	79.7
87FUJ7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44651 PE=4 SV=1 - [B7FUJ7_PHATC]	101.52	9.61%	2	2	2	29.6	87FQD9	DNA-directed RNA polymerase subunit beta (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9235 PE=3 SV=1 - [B7FQD9_PHATC]	16.98	1.05%	1	1	1	127	87G0L6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46022 PE=4 SV=1 - [B7G0L6_PHATC]	16.29	11.57%	1	1	1	24.2
87GDN9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42373 PE=4 SV=1 - [B7GDN9_PHATC]	101.3	6.76%	2	2	3	37.8	87G3N0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37749 PE=4 SV=1 - [B7G3N0_PHATC]	16.97	2.42%	1	1	1	63.8	87GDG8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50255 PE=4 SV=1 - [B7GDG8_PHATC]	16.23	2.16%	1	1	1	93.5
85Y5R5	Short chain acyl-coenzyme A dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACD1 PE=3 SV=1 - [B5Y5R5_PHATC]	100.27	9.63%	3	3	3	46.6	87FPF3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42751 PE=4 SV=1 - [B7FPF3_PHATC]	16.95	2.10%	1	1	1	63.1	87FRM3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9180 PE=4 SV=1 - [B7FRM3_PHATC]	16.22	0.80%	1	1	1	138.3
87G9G7	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK3 PE=3 SV=1 - [B7G9G7_PHATC]	100.18	11.23%	2	4	6	58.1	87G9Z5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48970 PE=4 SV=1 - [B7G9Z5_PHATC]	16.91	1.82%	1	3	48.7	87FT07	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43655 PE=4 SV=1 - [B7FT07_PHATC]	16.19	3.05%	1	1	1	53	
A0T0I5	30S ribosomal protein S5, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp5 PE=3 SV=1 - [RRS5_PHATC]	100.07	28.41%	4	4	4	18.7	87FKH5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26980 PE=3 SV=1 - [B7FKH5_PHATC]	16.88	3.09%	1	1	1	58.8	P11532	Dystrophin OS=Homo sapiens GN=DMD PE=1 SV=3 - [DMD_CON-HUMAN]	16.18	0.60%	2	2	3	426.5
85Y4H3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43835 PE=4 SV=1 - [B5Y4H3_PHATC]	99.36	3.21%	2	2	2	108.3	87FU45	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44442 PE=4 SV=1 - [B7FU45_PHATC]	16.88	6.69%	1	1	2	30.4	87FUZ7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44705 PE=4 SV=1 - [B7FUZ7_PHATC]	16.17	1.22%	1	1	1	

87FZ76	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45935 PE=4 SV=1 - [B7FZ76_PHATC]	93,83	17,29%	5	7	7	57	87S454	UMP-CMP kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1367 PE=3 SV=1 - [B7S454_PHATC]	16,25	3,27%	1	1	2	27,2	87G3E9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37667 PE=4 SV=1 - [B7G3E9_PHATC]	15,5	3,01%	1	1	1	40,8
87G9J0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49114 PE=3 SV=1 - [B7G9J0_PHATC]	93,78	16,32%	5	6	6	57	87FWF4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34698 PE=4 SV=1 - [B7FWF4_PHATC]	16,12	2,37%	1	1	3	60	87FNV8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_974 PE=4 SV=1 - [B7FNV8_PHATC]	15,48	2,65%	1	1	1	68,8
87G114	Serine/threonine-protein phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51017 PE=3 SV=1 - [B7G114_PHATC]	93,73	14,51%	3	3	5	36,4	87GBT9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49764 PE=3 SV=1 - [B7GBT9_PHATC]	16,1	11,35%	1	2	2	30,2	87FXP7	KRR1 small subunit processome component OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45441 PE=3 SV=1 - [B7FXP7_PHATC]	15,43	7,65%	1	1	1	43,1
87FXS9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19762 PE=3 SV=1 - [B7FXS9_PHATC]	93,58	3,35%	2	2	2	88,3	87GCT6	Glutamyl-tRNA synthase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GLRS_2 PE=3 SV=1 - [B7GCT6_PHATC]	16,04	1,87%	1	1	1	65,3	87G0B7	Precursor of protein violaxanthin deoxidase-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=VDL1 PE=4 SV=1 - [B7G0B7_PHATC]	15,41	3,53%	1	1	1	48,7
87GB91	Succinyl-CoA-3-ketoacid-coenzyme A transferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SKT1 PE=3 SV=1 - [B7GB91_PHATC]	93,56	10,76%	4	4	4	53,7	87G9R2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39832 PE=4 SV=1 - [B7G9R2_PHATC]	16,02	1,36%	1	1	1	57,9	87G0G8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46212 PE=4 SV=1 - [B7G0G8_PHATC]	15,4	2,34%	1	1	1	80,9
87G5A1	Glutamine synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51092 PE=3 SV=1 - [B7G5A1_PHATC]	93,37	12,26%	3	3	3	45,9	87FUH7	Peptidylprolyl isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44556 PE=4 SV=1 - [B7FUH7_PHATC]	15,95	3,24%	1	1	1	27,5	A0TH2	30S ribosomal protein S4, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpS4 PE=3 SV=1 - [B7TH2_PHATC]	15,37	3,94%	1	1	1	23,4
87G440	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47565 PE=4 SV=1 - [B7G440_PHATC]	93,09	8,74%	2	2	3	32,3	87FV63	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34555 PE=4 SV=1 - [B7FV63_PHATC]	15,89	1,16%	1	1	1	67,3	87G0Q0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48881 PE=4 SV=1 - [B7G0Q0_PHATC]	15,32	2,03%	1	1	3	66,6
87FPi8	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9046 PE=4 SV=1 - [B7FPi8_PHATC]	92,91	26,99%	3	3	5	17	87GBN9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23429 PE=3 SV=1 - [B7GBN9_PHATC]	15,84	2,60%	1	1	1	66,5	87G0B0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48881 PE=4 SV=1 - [B7G0B0_PHATC]	15,32	2,03%	1	1	3	66,6
87Y5U2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10518 PE=4 SV=1 - [B7Y5U2_PHATC]	92,81	36,80%	3	3	4	14,2	87GBB9	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK=3 SV=1 - [B7GBB9_PHATC]	15,83	2,16%	1	1	1	59,7	87G0R3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50330 PE=4 SV=1 - [B7G0R3_PHATC]	15,3	2,99%	1	1	1	26,1
87G150	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20787 PE=3 SV=1 - [B7G150_PHATC]	92,62	11,42%	4	5	6	52,6	87G3A6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47413 PE=4 SV=1 - [B7G3A6_PHATC]	15,75	5,64%	1	1	1	44,2	87FP04	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3171 PE=4 SV=1 - [B7FP04_PHATC]	15,25	4,55%	1	1	1	25,4
87G3J2	Y-type proton ATPase subunit a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28794 PE=3 SV=1 - [B7G3J2_PHATC]	92,33	4,89%	2	3	3	92,6	87FP52	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42675 PE=4 SV=1 - [B7FP52_PHATC]	15,68	1,34%	1	1	1	77,1	87FXK9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50886 PE=3 SV=1 - [B7FXK9_PHATC]	15,21	8,97%	1	1	1	15,5
87G0F0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27696 PE=4 SV=1 - [B7G0F0_PHATC]	91,18	17,06%	2	2	3	23,6	87FXU7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35108 PE=4 SV=1 - [B7FXU7_PHATC]	15,65	1,70%	1	1	1	45,9	87FWi9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45120 PE=4 SV=1 - [B7FWi9_PHATC]	15,19	3,40%	1	1	3	58,6
A0T097	Photosystem II D2 protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbD PE=3 SV=1 - [PSB097_PHATC]	91,02	15,38%	4	4	8	39,1	87F5V0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_25394 PE=3 SV=1 - [B7F5V0_PHATC]	15,52	1,89%	1	1	1	59,1	87G1J0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36502 PE=4 SV=1 - [B7G1J0_PHATC]	15,11	1,23%	1	1	1	81,3
87FUN0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10848 PE=4 SV=1 - [B7FUN0_PHATC]	90,44	14,56%	3	3	3	28,9	87G5R3	Transketolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29260 PE=4 SV=1 - [B7G5R3_PHATC]	15,47	1,90%	1	1	1	74	87G0I9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12620 PE=3 SV=1 - [B7G0I9_PHATC]	15,08	3,57%	1	2	2	59
87G8D8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48791 PE=4 SV=1 - [B7G8D8_PHATC]	90,36	15,93%	5	5	5	50,2	87FVQ9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44814 PE=4 SV=1 - [B7FVQ9_PHATC]	15,47	2,12%	1	1	1	121,2	87G9X0	Fomate-tetrahydrofolate ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_4814 PE=4 SV=1 - [B7G9X0_PHATC]	15,05	2,25%	1	1	1	70,7
87G6K8	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48278 PE=3 SV=1 - [B7G6K8_PHATC]	90,14	14,72%	4	5	7	47	87FRY4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43348 PE=4 SV=1 - [B7FRY4_PHATC]	15,4	12,98%	1	2	5	32	87G6X1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15083 PE=4 SV=1 - [B7G6X1_PHATC]	15	4,81%	1	1	1	41,4
87G0B2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30977 PE=4 SV=1 - [B7G0B2_PHATC]	90,01	14,45%	2	3	3	39,7	A0TKS5	30S ribosomal protein S7, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpS7 PE=3 SV=1 - [RR7_PHATC]	15,34	10,26%	1	1	1	17,8	87FYP1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45790 PE=4 SV=1 - [B7FYP1_PHATC]	14,98	3,05%	1	1	1	61,3
87GEJ8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31339 PE=3 SV=1 - [B7GEJ8_PHATC]	89,79	4,98%	2	2	2	54,8	87FUC8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26173 PE=4 SV=1 - [B7FUC8_PHATC]	15,33	2,73%	1	2	2	85,7	87GCG1	Precursor of phosphorylase udp-glucose diphosphorylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23639 PE=4 SV=1 - [B7GCG1_PHATC]	14,97	1,69%	1	1	1	77,6
87G1X3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46626 PE=4 SV=1 - [B7G1X3_PHATC]	89,59	18,06%	3	3	3	24,7	87G9L3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49134 PE=4 SV=1 - [B7G9L3_PHATC]	15,3	0,38%	1	1	1	231,6	87G6G9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15016 PE=4 SV=1 - [B7G6G9_PHATC]	14,9	6,72%	1	1	1	14,2
87GAB5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30246 PE=3 SV=1 - [B7GAB5_PHATC]	88,74	20,39%	3	5	5	37,7	87FZU7	Formin like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54510 PE=4 SV=1 - [B7FZU7_PHATC]	15,24	0,82%	1	1	1	240,7	87FUR1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44630 PE=3 SV=1 - [B7FUR1_PHATC]	14,88	6,50%	2	2	2	29,7
87G7T4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39093 PE=4 SV=1 - [B7G7T4_PHATC]	88,4	8,15%	2	3	3	61,7	87GAN5	Nucleolar GTP-binding protein 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30365 PE=3 SV=1 - [B7GAN5_PHATC]	15,13	1,62%	1	1	1	76,3	87FGQ6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43127 PE=4 SV=1 - [B7FGQ6_PHATC]	14,84	4,35%	1	1	1	34
87FQU7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43162 PE=3 SV=1 - [B7FQU7_PHATC]	88,34	33,56%	4	4	8	15,9	87FYE0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_7208 PE=4 SV=1 - [B7FYE0_PHATC]	15,09	13,01%	1	1	1	13,4	87FYQ4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45799 PE=4 SV=1 - [B7FYQ4_PHATC]	14,83	2,33%	1	1	1	71
87G836	Bifunctional trehalase-6-phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TP52 PE=4 SV=1 - [B7G836_PHATC]	88,27	4,92%	4	5	5	132,5	87F5I9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18197 PE=4 SV=1 - [B7F5I9_PHATC]	15,07	1,28%	1	1	1	128,1	87FYU2	2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56610 PE=3 SV=1 - [B7FYU2_PHATC]	14,83	7,80%	1	1	2	23,5
87G3E0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37658 PE=4 SV=1 - [B7G3E0_PHATC]	87,89	28,00%	3	3	8	25,5	87FP72	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_53969 PE=4 SV=1 - [B7FP72_PHATC]	14,97	0,84%	1	1	1	156,9	87FLQ3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9005 PE=3 SV=1 - [B7FLQ3_PHATC]	14,73	5,64%	1	1	1	37,4
87FW11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45122 PE=3 SV=1 - [B7FW11_PHATC]	87,87	19,95%	5	6	6	46,9	87FZ11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46012 PE=4 SV=1 - [B7FZ11_PHATC]	14,84	1,53%	1	2	3	247,3	OSQHG5	Leucine aminopeptidase 1 OS=Trichophyton rubrum GN=LAP1 PE=1 SV=1 - [LAP1_CON-FRUM]	14,7	4,02%	1	1	4	40,6
87G5E3	Plasma membrane ATPase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ATPase2_3A PE=3 SV=1 - [B7G5E3_PHATC]	87,78	3,10%	3	3	3	104,7	87FP58	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42680 PE=4 SV=1 - [B7FP58_PHATC]	14,77	3,07%	1	1	1	68,5	87G1L4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46548 PE=4 SV=1 - [B7G1L4_PHATC]	14,54	2,02%	1	1	1	88,1
85Y405	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13361 PE=3 SV=1 - [B5Y405_PHATC]	87,67	7,46%	2	2	2	44	87G9S2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49187 PE=4 SV=1 - [B7G9S2_PHATC]	14,71	4,21%	1	1	1	24,7	87G2I2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37060 PE=4 SV=1 - [B7G2I2_PHATC]	14,44	5,65%	1	1	1	37,9
85Y472	Heat shock protein Hsp20 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HSP20C PE=3 SV=1 - [B5Y472_PHATC]	87,48	28,18%	4	4	5	20	87FNZ1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17332 PE=4 SV=1 - [B7FNZ1_PHATC]	14,7	4,16%	1	1	1	42,3	87G5Z1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54855 PE=4 SV=1 - [B7G5Z1_PHATC]	14,42	6,18%	1	1	1	28,9
87G492	Phosphomannomutase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PM1 PE=3 SV=1 - [B7G492_PHATC]	87,35	8,84%	2	2	2	28,3	87GDM2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_2819 PE=4 SV=1 - [B7GDM2_PHATC]	14,63	5,19%	1	1	1	30,4	87G9X9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49236 PE=4 SV=1 - [B7G9X9_PHATC]	14,4	4,55%	1	1	3	44
87GAS4	Protein fucoxanthin chl a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhcr1 PE=4 SV=1 - [B7GAS4_PHATC]	87,13	32,93%	5	5	9	26,2	85Y5Q0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44208 PE=3 SV=1 - [B5Y5Q0_PHATC]	14,59	1,39%	1	1	1	108	87G2R9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47179 PE=4 SV=1 - [B7G2R9_PHATC]	14,39	1,22%	1	1	1	100,9
87F5H0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32733 PE=4 SV=1 - [B7F5H0_PHATC]	86,98	12,80%	5	5	6	65,1	87G0M0	RNA helicase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46259 PE=3 SV=1 - [B7G0M0_PHATC]	14,57	4,24%	1	2	2	66	87FVY2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31973 PE=4 SV=1 - [B7FVY2_PHATC]	14,31	1,83%	1	1	4	71
85Y453	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21181 PE=4 SV=1 - [B5Y453_PHATC]	86,88	14,86%	3	3	4	34,5	87F5P8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43576 PE=4 SV=1 - [B7F5P8_PHATC]	14,53	3,11%	1	1	2	53,8	87FU90	Proteasome subunit alpha type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19004 PE=3 SV=1 - [B7FU90_PHATC]	14,26	5,20%	1	1	1	27,4
85Y429	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_41790 PE=4 SV=1 - [B5Y429_PHATC]	86,65	6,03%	2	2	2	50,1	87GEP6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sec7C PE=4 SV=1 - [B7GEP6_PHATC]	14,53	1,90%	1	3	4	202	87G6F0							

B7FP49	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sec23 PE=4 SV=1 - [B7FP49_PHATC]	80,85	6,85%	3	4	4	83,9	B7FTU6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44357 PE=4 SV=1 - [B7FTU6_PHATC]	14,02	4,68%	1	1	1	30,4	B5YSM0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_18769 PE=4 SV=1 - [B5YSM0_PHATC]	13,68	3,06%	1	1	1	32
B7FUB2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19025 PE=4 SV=1 - [B7FUB2_PHATC]	80,75	20,00%	3	3	3	23	A0T0H9	50S ribosomal protein L4, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=pl4 PE=3 SV=1 - [RKL4_PHATC]	14	7,91%	1	1	1	24,1	B7GAH3	D-lactate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35040 PE=4 SV=1 - [B7GAH3_PHATC]	13,68	2,57%	1	1	1	54,4
B5Y3Y0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21135 PE=4 SV=1 - [B5Y3Y0_PHATC]	80,51	8,62%	1	1	1	18,8	B5Y571	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44049 PE=4 SV=1 - [B5Y571_PHATC]	13,99	1,86%	1	1	1	101,3	B7GB43	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_30461 PE=4 SV=1 - [B7GB43_PHATC]	13,67	3,46%	1	1	1	52,1
B7FURS	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26293 PE=4 SV=1 - [B7FURS_PHATC]	80,23	22,30%	2	2	4	16	B7FQ42	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_8678 PE=4 SV=1 - [B7FQ42_PHATC]	13,99	3,88%	1	1	1	47,7	B5Y4R6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18524 PE=3 SV=1 - [B5Y4R6_PHATC]	13,66	1,57%	1	1	1	86,8
A0T0B9	Photosystem I ferredoxin-binding protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psAD PE=4 SV=1 - [A0T0B9_PHATC]	79,68	35,97%	4	4	5	15,6	B7FUF9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CDK1 PE=3 SV=1 - [B7FUF9_PHATC]	13,97	3,10%	1	1	1	40,5	B7FW22	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_11883 PE=4 SV=1 - [B7FW22_PHATC]	13,63	2,24%	1	1	1	38,9
B5Y3Q6	Proteasome subunit alpha type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_28202 PE=3 SV=1 - [B5Y3Q6_PHATC]	79,47	8,98%	2	2	2	26,5	B7G3L2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37731 PE=4 SV=1 - [B7G3L2_PHATC]	13,95	1,09%	1	1	1	148,4	A0T0M4	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=vcfB9 PE=4 SV=1 - [A0T0M4_PHATC]	13,62	5,96%	1	1	1	36,8
B7G2V7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47215 PE=4 SV=1 - [B7G2V7_PHATC]	79,3	9,62%	3	4	5	59,2	B7GDR3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50330 PE=4 SV=1 - [B7GDR3_PHATC]	13,92	2,99%	1	1	1	26,1	B7FUB2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19025 PE=4 SV=1 - [B7FUB2_PHATC]	13,61	4,39%	1	1	1	23
B7FXN4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_12172 PE=4 SV=1 - [B7FXN4_PHATC]	79,22	27,45%	3	3	3	16,9	B5Y3H5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=WP545 PE=3 SV=1 - [B5Y3H5_PHATC]	13,87	2,16%	1	1	1	61,9	B7FW70	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34493 PE=4 SV=1 - [B7FW70_PHATC]	13,59	3,80%	1	1	1	49,9
B7GF48	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47657 PE=4 SV=1 - [B7GF48_PHATC]	79,11	9,95%	3	3	3	59,4	B7GAE2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40070 PE=4 SV=1 - [B7GAE2_PHATC]	13,83	1,91%	1	1	1	112,4	B7FY95	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45609 PE=4 SV=1 - [B7FY95_PHATC]	13,51	1,65%	1	1	1	46,1
B5Y5R2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RadX2 PE=4 SV=1 - [B5Y5R2_PHATC]	78,86	13,10%	2	3	3	24,5	B7G9X8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_39901 PE=4 SV=1 - [B7G9X8_PHATC]	13,78	3,89%	1	1	1	31,1	B7G2V4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28568 PE=4 SV=1 - [B7G2V4_PHATC]	13,5	1,70%	1	1	1	79,6
B7FYQ0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45797 PE=4 SV=1 - [B7FYQ0_PHATC]	78,8	4,88%	2	2	2	59,9	B7FX08	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35233 PE=4 SV=1 - [B7FX08_PHATC]	13,77	0,76%	1	1	1	102,7	B7GEC4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50515 PE=4 SV=1 - [B7GEC4_PHATC]	13,46	0,89%	1	1	1	112,7
B7FVN4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19314 PE=3 SV=1 - [B7FVN4_PHATC]	78,7	36,00%	4	4	4	14,4	B7GF80	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42980 PE=4 SV=1 - [B7GF80_PHATC]	13,66	2,00%	1	2	2	104	B7G0T8	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46320 PE=3 SV=1 - [B7G0T8_PHATC]	13,41	1,37%	1	1	1	116,8
B7FQJ0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41701 PE=4 SV=1 - [B7FQJ0_PHATC]	78,65	9,84%	2	2	2	20,6	B7FRR0	Nucleolar GTP-binding protein 2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_25133 PE=3 SV=1 - [B7FRR0_PHATC]	13,64	3,56%	1	2	2	62,7	B7FVE6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26387 PE=4 SV=1 - [B7FVE6_PHATC]	13,4	2,85%	2	2	2	117,7
B7FQL4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_32237 PE=4 SV=1 - [B7FQL4_PHATC]	78,17	14,29%	4	4	4	29	B7FSA0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43451 PE=4 SV=1 - [B7FSA0_PHATC]	13,62	4,62%	1	1	1	36,5	B7F5E2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43490 PE=3 SV=1 - [B7F5E2_PHATC]	13,39	2,54%	1	1	1	69,9
B7G2U6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_28562 PE=3 SV=1 - [B7G2U6_PHATC]	77,91	10,84%	2	2	2	19,1	B7G2Z8	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] cytochrome b small subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46991 PE=3 SV=1 - [B7G2Z8_PHATC]	13,62	9,68%	1	1	1	16,6	ABMTN3	Putative keratin-associated protein ENSNP000381495 OS=Homo sapiens PE=3 SV=2 - [KRA2X_CON-HUMAN]	13,37	8,13%	1	1	1	12,9
B7FSJ3	Triosephosphate isomerase/glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TP1/GapC3 PE=3 SV=1 - [B7FSJ3_PHATC]	77,63	9,77%	3	5	5	65,3	B7GB12	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49557 PE=3 SV=1 - [B7GB12_PHATC]	13,61	4,25%	1	1	1	46,1	B7GBN0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49713 PE=4 SV=1 - [B7GBN0_PHATC]	13,33	2,22%	1	1	1	56
B7FZ18	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45887 PE=4 SV=1 - [B7FZ18_PHATC]	77,63	8,02%	2	3	3	53,8	B5YSU1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25956 PE=4 SV=1 - [B5YSU1_PHATC]	13,57	6,25%	1	1	1	30,8	B7FX09	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25956 PE=4 SV=1 - [B7FX09_PHATC]	13,32	2,83%	1	1	1	50,7
B7GDF0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50240 PE=4 SV=1 - [B7GDF0_PHATC]	77,6	7,46%	2	2	3	31,4	B7GQD8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50326 PE=4 SV=1 - [B7GQD8_PHATC]	13,55	1,20%	1	1	1	112	B7FUC8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26173 PE=4 SV=1 - [B7FUC8_PHATC]	13,32	2,08%	1	1	1	85,7
B7G059	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_20708 PE=3 SV=1 - [B7G059_PHATC]	77,47	9,68%	3	3	3	51,3	B7G376	Transcription elongation factor SPT5 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47388 PE=3 SV=1 - [B7G376_PHATC]	13,54	1,14%	1	1	2	115,2	B7FP61	Dihydrodipicolinate acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DH1A_1 PE=3 SV=1 - [B7FP61_PHATC]	13,24	2,24%	1	1	1	51,5
P20930	Flaggrin OS=Homo sapiens GN=FLG PE=1 SV=3 - [FLA_CON-HUMAN]	77,3	2,07%	5	6	7	434,9	B5Y4Z6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33327 PE=4 SV=1 - [B5Y4Z6_PHATC]	13,53	5,33%	1	1	1	34,7	B7G268	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47022 PE=4 SV=1 - [B7G268_PHATC]	13,24	1,38%	1	1	1	89,2
B7G9H4	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK2 PE=3 SV=1 - [B7G9H4_PHATC]	77,19	4,29%	1	1	1	54,9	B7GC72	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23582 PE=4 SV=1 - [B7GC72_PHATC]	13,52	1,56%	1	1	1	82,5	B7FSA9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43460 PE=4 SV=1 - [B7FSA9_PHATC]	13,19	2,14%	1	1	1	56,2
B7GAV2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23281 PE=4 SV=1 - [B7GAV2_PHATC]	77,16	9,72%	3	3	4	35,8	B7FU17	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44421 PE=4 SV=1 - [B7FU17_PHATC]	13,48	0,83%	1	1	1	136,7	B7G539	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47843 PE=3 SV=1 - [B7G539_PHATC]	13,19	4,10%	1	1	1	29,2
B7FQ00	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42911 PE=4 SV=1 - [B7FQ00_PHATC]	77,14	22,90%	1	1	1	40,7	B7FUN5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44609 PE=4 SV=1 - [B7FUN5_PHATC]	13,41	0,45%	1	1	1	172,5	B7G7Z4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48645 PE=4 SV=1 - [B7G7Z4_PHATC]	13,18	4,15%	1	1	1	28,8
B7G9Z6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15815 PE=3 SV=1 - [B7G9Z6_PHATC]	77,07	4,50%	2	3	3	66	B7FZG0	Pyruvate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PK4a PE=3 SV=1 - [B7FZG0_PHATC]	13,41	2,24%	1	1	2	58,2	B7GBM9	Reductase with NAD or NADP as acceptor OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48864 PE=3 SV=1 - [B7GBM9_PHATC]	13,13	2,53%	1	1	1	44
B7FYN4	Uncharacterized protein PAS OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PAS PE=4 SV=1 - [B7FYN4_PHATC]	76,76	11,27%	1	1	1	15,3	B5YSQ1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33588 PE=4 SV=1 - [B5YSQ1_PHATC]	13,4	2,29%	1	1	1	48,7	B7G788	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48489 PE=4 SV=1 - [B7G788_PHATC]	13,1	7,63%	1	1	1	29
B7S4L0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd611 PE=4 SV=1 - [B7S4L0_PHATC]	76,75	25,38%	2	2	2	14,3	A0T0H7	Chaperone protein dnaK OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=dnaK PE=3 SV=1 - [DNAK_PHATC]	13,35	5,06%	1	2	2	66,7	B7GCX4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40967 PE=4 SV=1 - [B7GCX4_PHATC]	13,09	1,53%	1	1	1	50,3
B7FS71	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43425 PE=4 SV=1 - [B7FS71_PHATC]	76,49	8,09%	2	3	3	44,6	B7G2S3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47183 PE=4 SV=1 - [B7G2S3_PHATC]	13,27	2,79%	1	1	1	98,2	B7FX72	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34966 PE=4 SV=1 - [B7FX72_PHATC]	13,08	2,83%	1	2	2	70,5
B7S432	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd475 PE=4 SV=1 - [B7S432_PHATC]	76,14	7,11%	2	2	2	51	B7GDW8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50370 PE=4 SV=1 - [B7GDW8_PHATC]	13,26	2,97%	1	1	1	45	B7G0I4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_20608 PE=3 SV=1 - [B7G0I4_PHATC]	13,01	3,86%	1	1	1	89,4
A0T0I2	30S ribosomal protein S8, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpS8 PE=3 SV=1 - [RR8_PHATC]	76,03	21,21%	3	3	3	14,8	B7FPF6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42758 PE=4 SV=1 - [B7FPF6_PHATC]	13,21	0,89%	1	1	3	148,4	B7G9P5	Citrate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_30145 PE=3 SV=1 - [B7G9P5_PHATC]	13,01	2,34%	1	1	1	52,3
B7FY75	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP1alpha PE=4 SV=1 - [B7FY75_PHATC]	75,93	4,42%	4	4	4	112,4	B7G9Y1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49011 PE=4 SV=1 - [B7G9Y1_PHATC]	13,21	1,53%	1	1	1	79,6	B7FR91	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31407 PE=4 SV=1 - [B7FR91_PHATC]	13,01	3,77%	1	1	1	55,3
B5Y5F3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_54197 PE=4 SV=1 - [B5Y5F3_PHATC]	75,03	10,06%	3	3	3	37,7	B7GCT3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16430 PE=4 SV=1 - [B7GCT3_PHATC]	13,19	2,74%	1	1	1	52,2	B7FR12	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31534 PE=4 SV=1 - [B7FR12_PHATC]	13,01	9,04%	1	1	2	36,9
B7FQ52	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43140 PE=4 SV=1 - [B7FQ52_PHATC]	74,81	6,74%	2	2	2	39,5	B7FWIS	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45117 PE=4 SV=1 - [B7FWIS_PHATC]	13,19	4,47%	1	1	1	31,2	B5YS25	Thioredoxin y OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Trx-y PE=4 SV=1 - [B5YS25_PHATC]	13,01	14,61%	1	1	1	19,8
B7G998	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15683 PE=4 SV=1 - [B7G998_PHATC]	74,55	18,07%	2	2	2	26,9	B5Y5B9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44097 PE=4 SV=1 - [B5Y5B9_PHATC]	13,16	1,50%	1	1	2	88,1	B7G0C4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_36086 PE=4 SV=1 - [B7G0C4_PHATC]	13,01	12,34%	1	1	2	16,9
B7FP35	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42659 PE=4 SV=1 - [B7FP35_PHATC]	74,5	23,76%</																				

B5YS89	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_843 PE=4 SV=1 - [B5YS89_PHATC]	70,32	9,64%	3	3	4	50,9
B7GSN3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34518 PE=4 SV=1 - [B7GSN3_PHATC]	69,96	22,58%	5	5	10	31,5
B5YSU5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33631 PE=4 SV=1 - [B5YSU5_PHATC]	69,91	3,50%	1	1	1	43,4
B7FXK7	Beta-xylosidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35668 PE=4 SV=1 - [B7FXK7_PHATC]	69,78	6,89%	3	3	3	75,2
B7FP55	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31718 PE=3 SV=1 - [B7FP55_PHATC]	69,59	3,85%	2	2	2	50,5
B7FWM9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34775 PE=4 SV=1 - [B7FWM9_PHATC]	69,42	7,51%	2	2	2	37,2
B5Y4T4	Customer subunit gamma OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=COPgamma PE=3 SV=1 - [B5Y4T4_PHATC]	69,21	3,74%	3	3	4	100,4
B7GBL0	L-serine ammonia-lyase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LSD PE=4 SV=1 - [B7GBL0_PHATC]	69,13	2,82%	2	2	2	71,5
B7GBU9	tRNA [guanine(26)-N(2)]-dimethyltransferase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23472 PE=3 SV=1 - [B7GBU9_PHATC]	69,09	4,56%	1	1	2	55,7
B7FRJ9	Phospho-2-dehydro-3-deoxyphosphate aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AroA PE=3 SV=1 - [B7FRJ9_PHATC]	68,88	9,00%	4	4	4	55,7
B7G374	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=A4beta PE=4 SV=1 - [B7G374_PHATC]	68,49	3,35%	3	3	3	88
B7FR7T	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_38027 PE=3 SV=1 - [B7FR7T_PHATC]	68,42	4,39%	1	2	2	74,9
B7FRX6	Acyl carrier protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_9709 PE=3 SV=1 - [B7FRX6_PHATC]	68,3	18,31%	1	1	1	7,9
B7FQE3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43033 PE=4 SV=1 - [B7FQE3_PHATC]	68,16	2,18%	1	1	1	71,6
B7G3S4	Regulatory proteasome non-atpase subunit 6 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RPNG PE=4 SV=1 - [B7G3S4_PHATC]	68,13	9,63%	3	3	3	45,2
B7G4E5	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1471 PE=4 SV=1 - [B7G4E5_PHATC]	68,05	8,47%	1	1	2	21,2
B7G1M7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_20885 PE=4 SV=1 - [B7G1M7_PHATC]	67,41	10,80%	3	3	3	44,6
B7FX20	Acyl-coenzyme A oxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AOX1 PE=3 SV=1 - [B7FX20_PHATC]	67,37	3,68%	2	2	2	78,2
B7S3T6	Proteasome subunit beta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd866 PE=3 SV=1 - [B7S3T6_PHATC]	66,88	11,29%	2	2	2	27,5
B7GCN0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16540 PE=3 SV=1 - [B7GCN0_PHATC]	66,03	3,24%	1	1	1	46,6
B7XJ2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_6847 PE=3 SV=1 - [B7XJ2_PHATC]	65,8	20,96%	3	4	4	19,2
B7G2D6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47080 PE=3 SV=1 - [B7G2D6_PHATC]	65,71	7,14%	2	2	2	38
B7G7Z2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15138 PE=4 SV=1 - [B7G7Z2_PHATC]	65,62	5,17%	2	2	2	36,2
B7FRY0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_25183 PE=3 SV=1 - [B7FRY0_PHATC]	65,22	7,19%	1	2	2	36,7
B7GEG7	Nad-dependent epimerase/dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41531 PE=4 SV=1 - [B7GEG7_PHATC]	65,12	8,95%	3	3	3	57
B7FRV0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_18036 PE=4 SV=1 - [B7FRV0_PHATC]	65,04	15,84%	4	4	4	43,8
B7G6Z0	Isocitrate dehydrogenase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24162 PE=4 SV=1 - [B7G6Z0_PHATC]	65,04	14,01%	3	3	3	39,6
B7G1B0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46461 PE=3 SV=1 - [B7G1B0_PHATC]	64,91	4,69%	2	2	2	45,6
B7ZP1	Proteasome subunit beta type (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_5311 PE=3 SV=1 - [B7ZP1_PHATC]	64,79	6,47%	1	1	1	21,3
B7G5I2	ATP-dependent Cl ₂ protease proteolytic subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=clp PE=3 SV=1 - [B7G5I2_PHATC]	64,73	20,09%	2	3	5	23,6
B7GE55	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16944 PE=4 SV=1 - [B7GE55_PHATC]	64,72	13,70%	3	4	4	49,3
B7GE3	Homoserine dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_4894 PE=3 SV=1 - [B7GE3_PHATC]	64,58	6,86%	2	2	2	46,1
Q92817	Envelopin OS=Homo sapiens GN=EVPL PE=1 SV=3 - [EVPL_CON_HUMAN]	64,32	3,54%	3	6	6	231,5
B7FR43	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43245 PE=4 SV=1 - [B7FR43_PHATC]	64,13	1,72%	3	3	3	148,9
B7G8E2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48728 PE=4 SV=1 - [B7G8E2_PHATC]	64,09	7,29%	1	1	1	21,1
B7G5M5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab2 PE=4 SV=1 - [B7G5M5_PHATC]	63,69	11,43%	2	2	2	23,4
B7GA17	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_39942 PE=4 SV=1 - [B7GA17_PHATC]	63,69	16,94%	3	3	3	32,7
B7FWN9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45164 PE=4 SV=1 - [B7FWN9_PHATC]	63,32	7,91%	3	3	3	71,7
B7FSU7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43609 PE=4 SV=1 - [B7FSU7_PHATC]	63,14	9,79%	3	3	6	46,8
B7FSF7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_56602 PE=4 SV=1 - [B7FSF7_PHATC]	62,94	1,28%	1	2	2	161,7
B7FVR1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44816 PE=4 SV=1 - [B7FVR1_PHATC]	62,82	3,55%	1	1	1	43,6
A0T0K7	30S ribosomal protein S10, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rps10 PE=3 SV=1 - [RR10_PHATC]	62,68	19,63%	1	1	1	12,5
B7FT57	V-type proton ATPase subunit C OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_55482 PE=3 SV=1 - [B7FT57_PHATC]	62,56	14,90%	5	6	6	49,6
B7FZ24	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46078 PE=4 SV=1 - [B7FZ24_PHATC]	62,45	0,81%	1	1	1	136,2
B7FRY4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43348 PE=4 SV=1 - [B7FRY4_PHATC]	62,07	8,07%	1	1	3	32
B7FQZ3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SLY1 PE=3 SV=1 - [B7FQZ3_PHATC]	62,01	6,33%	3	3	3	71,4
B7FPA4	Elongation factor Ts, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31768 PE=3 SV=1 - [B7FPA4_PHATC]	61,87	10,92%	3	3	4	30,8
B7G9F0	Acetyl-coenzyme A synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_22974 PE=3 SV=1 - [B7G9F0_PHATC]	61,83	3,41%	2	2	2	74,3
B7G8M4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15479 PE=3 SV=1 - [B7G8M4_PHATC]	61,35	7,34%	2	2	2	37,2
B7GDK0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_6848 PE=4 SV=1 - [B7GDK0_PHATC]	61,27	15,20%	1	1	2	14,2
B7FV99	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44804 PE=4 SV=1 - [B7FV99_PHATC]	61,11	8,44%	2	2	2	35,5
B5Y3C7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46656 PE=4 SV=1 - [B5Y3C7_PHATC]	60,72	5,46%	1	2	3	58,1
B5Y5J7	Glutathione synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=gsb PE=3 SV=1 - [B5Y5J7_PHATC]	60,67	11,82%	3	4	4	62,3
B7FCQ3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_8802 PE=3 SV=1 - [B7FCQ3_PHATC]	60,53	23,33%	1	1	1	7,1
B7G9G6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49091 PE=4 SV=1 - [B7G9G6_PHATC]	60,4	6,10%	2	2	3	52
B7FP06	Proteasome subunit alpha type OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24474 PE=3 SV=1 - [B7FP06_PHATC]	60,37	9,47%	2	2	3	28,9
B7G9G2	60S ribosomal protein L13 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15619 PE=3 SV=1 - [B7G9G2_PHATC]	59,94	22,22%	2	2	5	19,2
B7G7S7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48445 PE=4 SV=1 - [B7G7S7_PHATC]	59,83	4,91%	2	2	2	54,2
B7GAY9	Customer subunit delta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=COPdelta PE=3 SV=1 - [B7GAY9_PHATC]	59,67	4,69%	2	2	2	54,7
B5Y4I5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_41778 PE=3 SV=1 - [B5Y4I5_PHATC]	59,57	8,80%	2	2	2	31,4
B7FWB4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45053 PE=4 SV=1 - [B7FWB4_PHATC]	59,46	24,43%	3	3	3	18,9
B5Y5B4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44091 PE=4 SV=1 - [B5Y5B4_PHATC]	59,43	8,93%	2	3	3	41,7
B7GCP7	CTP synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50034 PE=3 SV=1 - [B7GCP7_PHATC]	59,43	5,12%	2	2	2	60,6
B7FXH5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26980 PE=3 SV=1 - [B7FXH5_PHATC]	59,4	13,43%	5	5	5	58,8
A0T0K4	30S ribosomal protein S12, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rps12 PE=3 SV=1 - [RR12_PHATC]	59,38	12,70%	1	2	2	14
B7G0G1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26798 PE=4 SV=1 - [B7G0G1_PHATC]	59,31	24,84%	2	2	4	17,5
B7G1V3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46612 PE=3 SV=1 - [B7G1V3_PHATC]	59,13	7,38%	2	2	3	32
B7G6V4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48359 PE=4 SV=1 - [B7G6V4_PHATC]	59,02	8,72%	1	1	1	24
B7GOG3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_27709 PE=4 SV=1 - [B7GOG3_PHATC]	59	16,41%	5	7	7	70,8
B7FXZ1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45522 PE=4 SV=1 - [B7FXZ1_PHATC]	58,55	13,49%	3	3	5	41,5
B7G5I9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47966 PE=4 SV=1 - [B7G5I9_PHATC]	58,53	3,32%	1	1	1	43,8
B7GA36	Pds-like3, phycoene desaturase-like protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_15806 PE=4 SV=1 - [B7GA36_PHATC]	58,52	4,15%	2	2	2	55,4
B7G9A4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_30067 PE=3 SV=1 - [B7G9A4_PHATC]	58,32	10,92%	2	3	3	44,9
B7FR90	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42426 PE=4 SV=1 - [B7FR90_PHATC]	58,31	11,42%	4	4	4	52,8
B7FUH0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34010 PE=4 SV=1 - [B7FUH0_PHATC]	58,17	6,95%	3	3	3	51,9
B7FYB0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45621 PE=3 SV=1 - [B7FYB0_PHATC]	58,15	5,87%	1	1	1	47,3
B7G370	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47384 PE=4 SV=1 - [B7G370_PHATC]	58,1	11,00%	5	5	5	54
B7G1K0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_8058 PE=4 SV=1 - [B7G1K0_PHATC]	58,03	15,19%	1	1	2	8,4

B7FRU2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43311 PE=4 SV=1 - [B7FRU2_PHATC]	57,88	2,67%	1	1	1	62,4
QSD0704	30S ribosomal protein S16, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp16 PE=3 SV=1 - [RR16_PHATC]	57,88	43,59%	3	3	3	9,2
B7FRA7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42440 PE=4 SV=1 - [B7FRA7_PHATC]	57,62	5,89%	2	2	2	51,9
B7FXB8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45335 PE=4 SV=1 - [B7FXB8_PHATC]	57,45	8,97%	3	3	4	43
B7FWX8	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26837 PE=3 SV=1 - [B7FWX8_PHATC]	57,4	1,56%	1	1	1	72,2
B7G0K2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46243 PE=4 SV=1 - [B7G0K2_PHATC]	57,22	13,59%	5	5	5	69,1
B7GCD8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23629 PE=3 SV=1 - [B7GCD8_PHATC]	57,11	4,28%	1	2	3	105,7
BSYSW1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43786 PE=4 SV=1 - [BSYSW1_PHATC]	57,11	6,11%	1	1	1	24,1
B7GA16	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49426 PE=4 SV=1 - [B7GA16_PHATC]	57,11	8,91%	2	3	3	50,9
B7FQT3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43152 PE=3 SV=1 - [B7FQT3_PHATC]	56,84	21,34%	3	3	4	17,2
B7G8M1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48859 PE=4 SV=1 - [B7G8M1_PHATC]	55,94	10,09%	3	3	3	48,9
B7G5K3	Proliferating cell nuclear antigen OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PCNA PE=3 SV=1 - [B7G5K3_PHATC]	55,61	22,69%	2	4	4	29,1
B7G4U3	Tryptophan synthase, beta chain OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TRPB PE=3 SV=1 - [B7G4U3_PHATC]	55,44	11,95%	3	3	3	41,4
B7G1D3	Translation initiation factor eIF-2gamma OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46479 PE=4 SV=1 - [B7G1D3_PHATC]	55,42	5,80%	3	3	3	83,6
B7GES4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41409 PE=4 SV=1 - [B7GES4_PHATC]	55,34	2,99%	3	3	3	163,6
B7FY32	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45557 PE=4 SV=1 - [B7FY32_PHATC]	55,33	18,18%	3	3	3	27,8
B7F725	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43671 PE=3 SV=1 - [B7F725_PHATC]	55,23	22,40%	2	2	2	21,3
BSYS76	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44054 PE=4 SV=1 - [BSYS76_PHATC]	54,96	10,04%	3	3	4	58,5
B7G1F1	Tic22 protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Tic22 PE=4 SV=1 - [B7G1F1_PHATC]	54,87	7,33%	2	2	2	45,4
B7G2B6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13682 PE=3 SV=1 - [B7G2B6_PHATC]	54,74	19,09%	2	3	6	24,9
B7FVE9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44724 PE=4 SV=1 - [B7FVE9_PHATC]	54,6	14,18%	2	2	2	15,8
B7G8W6	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39526 PE=3 SV=1 - [B7G8W6_PHATC]	54,55	15,13%	3	5	5	38,1
B7G669	Galactokinase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GALK1 PE=4 SV=1 - [B7G669_PHATC]	54,52	6,30%	2	2	2	43,5
B7FX51	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45285 PE=4 SV=1 - [B7FX51_PHATC]	54,47	8,91%	3	3	3	66,4
B7FV66	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11318 PE=4 SV=1 - [B7FV66_PHATC]	53,89	6,17%	2	2	2	33,9
B7FPX3	Fructose-1,6-bisphosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FBP1 PE=3 SV=1 - [B7FPX3_PHATC]	53,87	6,56%	2	2	2	46,5
BSYS55	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10494 PE=4 SV=1 - [BSYS55_PHATC]	53,67	19,39%	1	1	1	11
B7GA12	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30334 PE=4 SV=1 - [B7GA12_PHATC]	53,51	4,81%	2	2	2	71
B7FPZ7	Histidinol dehydrogenase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9654 PE=3 SV=1 - [B7FPZ7_PHATC]	53,5	21,61%	4	5	5	36,3
B7FZFO	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45992 PE=4 SV=1 - [B7FZFO_PHATC]	53,42	2,47%	1	1	1	45,3
B7G8H4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54954 PE=4 SV=1 - [B7G8H4_PHATC]	53,36	4,52%	1	1	1	53,9
B7G9C7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39687 PE=4 SV=1 - [B7G9C7_PHATC]	53,35	11,02%	1	1	1	13,3
B7G170	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13088 PE=4 SV=1 - [B7G170_PHATC]	53,34	12,73%	3	4	4	42,6
B7G6C5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49879 PE=4 SV=1 - [B7G6C5_PHATC]	53,19	10,67%	2	2	2	28,2
B7FPF8	Regulatory proteasome non-ATPase subunit 3 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RNPS3 PE=4 SV=1 - [B7FPF8_PHATC]	52,99	7,95%	2	3	3	57
BSYS11	Inosine triphosphate pyrophosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44176 PE=3 SV=1 - [BSYS11_PHATC]	52,98	8,04%	1	1	1	22,1
B7GBI3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_40467 PE=4 SV=1 - [B7GBI3_PHATC]	52,94	6,10%	1	2	2	35,9
B7G207	Endo-1,3-beta-glucosidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46976 PE=4 SV=1 - [B7G207_PHATC]	52,89	1,09%	1	1	1	101,8
B7FR61	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9323 PE=4 SV=1 - [B7FR61_PHATC]	52,87	23,08%	1	1	2	7
B7G495	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SybF PE=3 SV=1 - [B7G495_PHATC]	52,73	14,50%	2	2	2	22,4
B7G317	Dihydrolysoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHLYTA_2 PE=3 SV=1 - [B7G317_PHATC]	52,72	2,07%	1	1	1	45,7
A0T0L1	Thiazole synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=thiG PE=3 SV=1 - [THIG_PHATC]	52,72	6,69%	2	2	2	29,1
BSY350	UDP-glucose 4-epimerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GAE1E1 PE=3 SV=1 - [BSY350_PHATC]	52,64	6,98%	2	2	2	39,4
BSY563	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Hnpl4 PE=4 SV=1 - [BSY563_PHATC]	52,59	2,54%	1	1	1	52,5
A0T0I9	S05 ribosomal protein L14, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp14 PE=3 SV=1 - [RK14_PHATC]	52,59	35,54%	3	3	3	13,5
B7S4G9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1764 PE=4 SV=1 - [B7S4G9_PHATC]	52,34	7,64%	2	3	3	81,2
B7FV31	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34526 PE=3 SV=1 - [B7FV31_PHATC]	52,15	2,73%	1	1	2	48,9
B7G7A5	Coproporphyrinogen III oxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HemF_1 PE=4 SV=1 - [B7G7A5_PHATC]	52,14	7,57%	1	1	2	34,8
B7GAZ0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40271 PE=4 SV=1 - [B7GAZ0_PHATC]	51,98	6,73%	2	2	2	47,9
B7GAW7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49523 PE=4 SV=1 - [B7GAW7_PHATC]	51,92	4,11%	1	1	1	65,7
B7G6X1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15083 PE=4 SV=1 - [B7G6X1_PHATC]	51,65	4,28%	1	1	1	41,4
B7FVP7	COP9 Signalingosome subunit 6 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CSNG PE=3 SV=1 - [B7FVP7_PHATC]	51,55	6,43%	2	2	2	30,7
B7G1X7	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3061 PE=4 SV=1 - [B7G1X7_PHATC]	51,46	7,30%	2	2	3	38,6
B7G713	Catalase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22418 PE=3 SV=1 - [B7G713_PHATC]	51,35	7,07%	3	3	4	62,3
B7FU98	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44482 PE=4 SV=1 - [B7FU98_PHATC]	51,19	4,17%	2	2	2	66,3
B7F533	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_25217 PE=4 SV=1 - [B7F533_PHATC]	51,06	3,62%	1	2	2	70,7
BSY3P1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_50996 PE=3 SV=1 - [BSY3P1_PHATC]	50,96	6,94%	2	2	2	48,2
B7GD59	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5132 PE=4 SV=1 - [B7GD59_PHATC]	50,87	8,89%	1	1	1	24
B7G0K7	Succinate-CoA ligase [ADP-forming] subunit alpha, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SCL5 PE=3 SV=1 - [B7G0K7_PHATC]	50,82	16,83%	3	3	3	32,4
B7FT55	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44343 PE=4 SV=1 - [B7FT55_PHATC]	50,62	15,54%	3	4	5	42,9
B7FZ63	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12366 PE=4 SV=1 - [B7FZ63_PHATC]	50,59	29,25%	2	2	2	12,1
BSYS78	Cytochrome c6, cytochrome c5S3 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PetJ PE=3 SV=1 - [BSYS78_PHATC]	50,53	18,80%	2	2	2	13,3
B7G7L6	Thioredoxin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Trx-h2 PE=4 SV=1 - [B7G7L6_PHATC]	50,52	27,27%	2	3	4	17,5
B7GAU1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30394 PE=3 SV=1 - [B7GAU1_PHATC]	50,47	4,11%	2	2	2	62,9
B7FP17	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42781 PE=4 SV=1 - [B7FP17_PHATC]	50,39	13,03%	2	3	4	39,2
BSY3D6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46664 PE=4 SV=1 - [BSY3D6_PHATC]	50,19	3,91%	2	2	2	75,5
B7G0I5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27735 PE=3 SV=1 - [B7G0I5_PHATC]	50,15	6,69%	2	3	3	59,6
B7FUM8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44603 PE=3 SV=1 - [B7FUM8_PHATC]	50,13	23,64%	3	4	4	23,9
BSY3W5	Proline dehydrogenase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_1155 PE=3 SV=1 - [BSY3W5_PHATC]	50,06	5,30%	2	2	4	57,4
A0T0I8	S05 ribosomal protein S17, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp17 PE=3 SV=1 - [RR17_PHATC]	50,02	11,90%	1	1	1	9,8
B7G0V9	Glutathione peroxidase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13005 PE=3 SV=1 - [B7G0V9_PHATC]	50,02	19,75%	2	2	3	17,4
B7FNYS	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42619 PE=4 SV=1 - [B7FNYS_PHATC]	49,91	5,26%	2	2	2	54,8
B7G2B5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21323 PE=3 SV=1 - [B7G2B5_PHATC]	49,89	14,60%	2	2	2	15,3
B7PFL6	Fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17531 PE=4 SV=1 - [B7PFL6_PHATC]	49,73	16,58%	2	2	2	21
B7G8B0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15355 PE=4 SV=1 - [B7G8B0_PHATC]	49,6	2,08%	1	1	1	59
B7G2N7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47152 PE=4 SV=1 - [B7G2N7_PHATC]	49,57	4,12%	1	1	1	49,5
B7FR09	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31447 PE=4 SV=1 - [B7FR09_PHATC]	49,14	17,70%	1	1	1	12,7

87G289	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47067 PE=3 SV=1 - [B7G289_PHATC]	49,03	1,86%	2	2	2	130,3
87G1L3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46547 PE=4 SV=1 - [B7G1L3_PHATC]	48,93	4,09%	1	1	1	46,9
87FW88	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45057 PE=4 SV=1 - [B7FW88_PHATC]	48,9	5,91%	2	2	2	70,4
87GDP8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55176 PE=4 SV=1 - [B7GDP8_PHATC]	48,74	6,81%	1	1	1	24,8
87GCS0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49871 PE=4 SV=1 - [B7GCS0_PHATC]	48,72	11,50%	1	1	1	11,9
87FN93	40S ribosomal protein S4 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17324 PE=3 SV=1 - [B7FN93_PHATC]	48,6	11,49%	1	2	3	29,4
87G0R3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27821 PE=4 SV=1 - [B7G0R3_PHATC]	48,45	1,58%	1	1	1	87,6
87GA13	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49264 PE=4 SV=1 - [B7GA13_PHATC]	48,4	0,34%	1	1	6	263,4
87S435	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1806 PE=4 SV=1 - [B7S435_PHATC]	48,39	1,46%	1	1	1	61,6
A0T0H8	SOS ribosomal protein L3, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpL3 PE=3 SV=1 - [RK3_PHATC]	47,8	25,60%	3	3	5	22,3
87FQ22	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42990 PE=4 SV=1 - [B7FQ22_PHATC]	47,66	1,35%	1	1	1	98,4
87F760	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18345 PE=4 SV=1 - [B7F760_PHATC]	47,65	8,05%	1	2	2	37,1
87FSK7	Gdp-mannose 4,6-dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GMMD1 PE=3 SV=1 - [B7FSK7_PHATC]	47,63	4,13%	1	1	1	41
87FR72	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8741 PE=4 SV=1 - [B7FR72_PHATC]	47,58	15,22%	1	1	1	10,8
87GB04	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49550 PE=4 SV=1 - [B7GB04_PHATC]	47,43	3,73%	2	2	3	72,1
87FP80	40S ribosomal protein S8 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17414 PE=3 SV=1 - [B7FP80_PHATC]	47,38	7,32%	1	1	1	23,2
87G5E9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50451 PE=4 SV=1 - [B7G5E9_PHATC]	47,26	2,76%	2	2	2	74,6
87GDS2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50336 PE=4 SV=1 - [B7GDS2_PHATC]	47,24	4,09%	1	1	1	37,3
85Y4V1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43944 PE=3 SV=1 - [B5Y4V1_PHATC]	47,21	2,43%	1	1	1	54
87G6H7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48250 PE=4 SV=1 - [B7G6H7_PHATC]	47,21	10,77%	1	1	2	20,6
87G2M3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47141 PE=4 SV=1 - [B7G2M3_PHATC]	47,19	7,58%	1	1	1	43,7
87FP48	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42672 PE=4 SV=1 - [B7FP48_PHATC]	47,12	16,11%	2	4	4	32,7
85Y5Z3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25739 PE=4 SV=1 - [B5Y5Z3_PHATC]	47,02	4,56%	1	1	1	30,3
87F0V1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32326 PE=4 SV=1 - [B7F0V1_PHATC]	47,02	10,03%	2	2	2	33,4
87G500	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47811 PE=4 SV=1 - [B7G500_PHATC]	46,9	4,78%	1	1	1	48,9
87GDK8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23920 PE=3 SV=1 - [B7GDK8_PHATC]	46,87	3,38%	1	1	1	55,5
87G067	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46136 PE=4 SV=1 - [B7G067_PHATC]	46,82	2,36%	1	1	1	79,7
87FRU0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43309 PE=4 SV=1 - [B7FRU0_PHATC]	46,79	6,43%	3	3	3	50
87FX3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46062 PE=4 SV=1 - [B7FX3_PHATC]	46,51	1,99%	1	1	1	85,2
87FX39	Peptidyl prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34933 PE=3 SV=1 - [B7FX39_PHATC]	46,35	14,02%	1	1	1	17,7
87GCL1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50006 PE=4 SV=1 - [B7GCL1_PHATC]	46,33	1,50%	1	1	1	82
85Y3H2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13396 PE=4 SV=1 - [B5Y3H2_PHATC]	46,3	5,15%	3	3	3	75,3
87FXR6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27039 PE=4 SV=1 - [B7FXR6_PHATC]	46,15	5,68%	1	3	4	71,9
87GAT6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15948 PE=4 SV=1 - [B7GAT6_PHATC]	46,06	4,96%	1	1	2	27,7
87G553	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38174 PE=4 SV=1 - [B7G553_PHATC]	45,95	7,07%	3	4	4	79,1
87FT99	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_33014 PE=4 SV=1 - [B7FT99_PHATC]	45,83	3,67%	1	1	1	48,7
87G016	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12877 PE=4 SV=1 - [B7G016_PHATC]	45,51	3,85%	1	1	1	26,7
87G423	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37793 PE=3 SV=1 - [B7G423_PHATC]	45,49	6,07%	1	2	2	33,2
87G9I8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49112 PE=4 SV=1 - [B7G9I8_PHATC]	45,39	4,25%	2	2	2	54,1
87FSL4	Lon protease homolog, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3202 PE=3 SV=1 - [LONM_PHATC]	45,37	8,05%	4	5	6	97,6
87GE81	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50476 PE=4 SV=1 - [B7GE81_PHATC]	45,2	6,01%	2	2	2	41,4
87G1W5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37468 PE=4 SV=1 - [B7G1W5_PHATC]	45,15	8,14%	2	2	2	34,6
87FW70	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34493 PE=4 SV=1 - [B7FW70_PHATC]	45,06	8,95%	3	3	3	49,9
87G3L7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DYN1 PE=3 SV=1 - [B7G3L7_PHATC]	44,92	1,89%	1	1	1	81,6
A0T0F6	SOS ribosomal protein L20, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpL20 PE=3 SV=1 - [RK20_PHATC]	44,87	13,39%	1	2	2	13
87G545	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38165 PE=4 SV=1 - [B7G545_PHATC]	44,8	10,78%	2	2	2	25,5
87FWA9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11741 PE=4 SV=1 - [B7FWA9_PHATC]	44,8	4,03%	1	1	1	48,3
87G0C9	Thioredoxin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Trx-h1 PE=3 SV=1 - [B7G0C9_PHATC]	44,51	27,62%	2	3	3	11,8
87GCR2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50047 PE=4 SV=1 - [B7GCR2_PHATC]	44,48	20,16%	1	2	2	13,6
85Y408	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36913 PE=3 SV=1 - [B5Y408_PHATC]	44,37	7,00%	2	2	2	38,8
87FQ28	Arylsulfatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42934 PE=4 SV=1 - [B7FQ28_PHATC]	44,28	1,95%	1	1	1	68,1
87G725	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PEPCase_2 PE=3 SV=1 - [B7G725_PHATC]	44,24	7,07%	3	4	4	98,3
87S492	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1714 PE=4 SV=1 - [B7S492_PHATC]	44,16	2,39%	1	1	1	32,3
87G890	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48751 PE=4 SV=1 - [B7G890_PHATC]	44,04	5,70%	1	1	1	29,1
85Y3U9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpI2 PE=4 SV=1 - [B5Y3U9_PHATC]	43,76	7,39%	1	1	1	27,8
87FP73	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17408 PE=4 SV=1 - [B7FP73_PHATC]	43,69	1,00%	1	1	1	139,8
87FW63	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_2808 PE=4 SV=1 - [B7FW63_PHATC]	43,68	3,68%	1	1	1	29,5
87G5H6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47954 PE=3 SV=1 - [B7G5H6_PHATC]	43,56	2,40%	1	1	2	35,2
87FZP8	D-lactate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=D-LCR PE=4 SV=1 - [B7FZP8_PHATC]	43,48	6,11%	2	2	2	56,3
87FZS4	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45773 PE=3 SV=1 - [B7FZS4_PHATC]	43,38	3,56%	1	1	1	34,9
87FP61	Dihydrolypoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHLTA_1 PE=3 SV=1 - [B7FP61_PHATC]	43,24	6,30%	1	1	1	51,5
87G9Y7	Aspartate transaminase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AAT_1 PE=4 SV=1 - [B7G9Y7_PHATC]	43,2	5,75%	2	2	2	47,4
87GBY6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_7780 PE=4 SV=1 - [B7GBY6_PHATC]	43,19	9,84%	1	1	1	13,4
87G7J0	Alanine-tRNA ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15186 PE=3 SV=1 - [B7G7J0_PHATC]	43,11	4,59%	1	2	2	105,3
87FP90	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41686 PE=3 SV=1 - [B7FP90_PHATC]	43,09	11,63%	3	3	7	47,6
85Y3B2	Myo-inositol 2-dehydrogenase putative (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_3639 PE=4 SV=1 - [B5Y3B2_PHATC]	42,92	4,61%	1	1	1	37,7
87FUS8	Precursor of desulfurase cysteine desulfurase tsc5 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=tsc5 PE=3 SV=1 - [B7FUS8_PHATC]	42,9	10,50%	3	3	3	44,5
87S491	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1023 PE=3 SV=1 - [B7S491_PHATC]	42,69	10,90%	2	2	2	29,5
87G3D4	Malonyl-CoA:ACP transacylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FABD PE=4 SV=1 - [B7G3D4_PHATC]	42,36	3,13%	1	1	1	37,4
87FZH8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35876 PE=4 SV=1 - [B7FZH8_PHATC]	42,28	8,94%	2	2	2	26,8
87GB09	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23324 PE=3 SV=1 - [B7GB09_PHATC]	42,25	7,95%	1	1	1	20,1
87FR80	Nucleoside diphosphate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NDK3 PE=3 SV=1 - [B7FR80_PHATC]	42,23	4,15%	1	1	1	23,6
87GBX3	Beta-glucosidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49793 PE=3 SV=1 - [B7GBX3_PHATC]	42,17	1,60%	1	1	3	96,4
87G1X8	3-isopropylmalate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=IPMDH PE=3 SV=1 - [B7G1X8_PHATC]	42,1	11,78%	3	3	3	44,7
87FXB4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45332 PE=4 SV=1 - [B7FXB4_PHATC]	41,99	12,55%	1	1	1	26,4
A0T0G3	SOS ribosomal protein L21, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpL21 PE=3 SV=1 - [RK21_PHATC]	41,88	37,14%	2	3	4	12,4
87GCB9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5512 PE=3 SV=1 - [B7GCB9_PHATC]	41,78	8,40%	2	2	2	27,1

B7FWR1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8445 PE=4 SV=1 - [B7FWR1_PHATC]	41,75	26,87%	1	1	1	7,3
BSY4U7	Alpha glucosidase I OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_54169 PE=4 SV=1 - [BSY4U7_PHATC]	41,64	1,62%	1	1	1	88,9
B7GBW9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39529 PE=4 SV=1 - [B7GBW9_PHATC]	41,56	9,23%	1	1	1	14,5
B7GBJ8	Early-response-to-dehydration protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ERD PE=4 SV=1 - [B7GBJ8_PHATC]	41,54	2,91%	1	2	2	88,2
B7FT57	Branched-chain-amino-acid aminotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43697 PE=3 SV=1 - [B7FT57_PHATC]	41,49	8,71%	2	2	2	39,6
B7GD07	Phosphoglucosyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PGM_2 PE=4 SV=1 - [B7GD07_PHATC]	41,47	4,49%	2	2	2	70,6
B7G911	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15641 PE=4 SV=1 - [B7G911_PHATC]	41,42	8,60%	2	2	2	39
B7GBP6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48879 PE=4 SV=1 - [B7GBP6_PHATC]	41,31	11,36%	2	2	2	33,3
B7G384	Ascorbate peroxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=APX1 PE=3 SV=1 - [B7G384_PHATC]	41,3	8,81%	1	3	3	28,5
B7GE71	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50464 PE=4 SV=1 - [B7GE71_PHATC]	41,25	2,26%	1	1	1	53,3
B7G312	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Rab6 PE=4 SV=1 - [B7G312_PHATC]	41,24	8,05%	2	2	2	25,5
B7G3T4	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21485 PE=3 SV=1 - [B7G3T4_PHATC]	41,15	6,05%	2	2	5	49,7
B7G3G9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21659 PE=4 SV=1 - [B7G3G9_PHATC]	41,1	9,56%	1	1	1	15,5
B7FR83	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50701 PE=3 SV=1 - [B7FR83_PHATC]	40,89	4,90%	1	1	1	15,8
B7S404	Peptidylprolyl isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd3648 PE=3 SV=1 - [B7S404_PHATC]	40,8	9,13%	3	3	3	70,8
B7G7U4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48511 PE=4 SV=1 - [B7G7U4_PHATC]	40,68	4,46%	2	2	2	53,5
B7FTU7	Serine/threonine-protein phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38899 PE=3 SV=1 - [B7FTU7_PHATC]	40,57	7,03%	2	2	2	36,5
B7FV18	3-hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HAD1 PE=3 SV=1 - [B7FV18_PHATC]	40,4	17,58%	2	2	2	27
B7FTS0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44341 PE=4 SV=1 - [B7FTS0_PHATC]	40,34	8,97%	2	3	3	41
B7FNZ1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17332 PE=4 SV=1 - [B7FNZ1_PHATC]	40,3	3,38%	1	1	1	42,3
B7G4H7	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14260 PE=3 SV=1 - [B7G4H7_PHATC]	40,27	5,52%	1	1	1	19,1
BSY4I2	AT1-dependent Clp protease proteolytic subunit (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10593 PE=3 SV=1 - [BSY4I2_PHATC]	40,13	7,04%	1	1	1	21,5
B7G0P7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46282 PE=4 SV=1 - [B7G0P7_PHATC]	39,88	2,64%	1	1	1	77,7
A0T0H2	30S ribosomal protein S4, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RP4 PE=3 SV=1 - [RR4_PHATC]	39,88	11,33%	3	3	7	23,4
B7G3D0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_21667 PE=4 SV=1 - [B7G3D0_PHATC]	39,82	4,30%	3	3	3	109,4
B7GAS1	D-glucono-1,5-lactone lactonohydrolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49486 PE=4 SV=1 - [B7GAS1_PHATC]	39,61	5,40%	1	1	1	38,9
B7GDA9	Dihydroipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DHLTA_3 PE=3 SV=1 - [B7GDA9_PHATC]	39,51	6,08%	1	2	2	49,1
B7PPP1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50671 PE=4 SV=1 - [B7PPP1_PHATC]	39,4	3,19%	1	1	1	44,4
B7G2T1	Udp-n-acetylglucosamine pyrophosphorylase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54703 PE=4 SV=1 - [B7G2T1_PHATC]	39,18	6,36%	2	2	3	51,7
B7G9M0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49140 PE=4 SV=1 - [B7G9M0_PHATC]	39,09	13,90%	1	1	1	20,4
B7G3G2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47461 PE=4 SV=1 - [B7G3G2_PHATC]	39,08	12,35%	3	3	3	35,5
B7G446	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56519 PE=3 SV=1 - [B7G446_PHATC]	39,03	2,68%	1	1	1	71,9
B7FY56	Coronin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45580 PE=3 SV=1 - [B7FY56_PHATC]	39	6,44%	2	2	2	49,7
B7G9V1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49215 PE=4 SV=1 - [B7G9V1_PHATC]	39	6,01%	3	3	3	64,3
B7G424	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47550 PE=4 SV=1 - [B7G424_PHATC]	38,91	8,19%	2	2	2	49,9
B7GEA4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50498 PE=4 SV=1 - [B7GEA4_PHATC]	38,85	3,52%	2	2	2	74
B7G2K6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47129 PE=4 SV=1 - [B7G2K6_PHATC]	38,69	4,56%	4	4	4	80,5
B7FPC9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3527 PE=4 SV=1 - [B7FPC9_PHATC]	38,5	6,44%	1	1	1	25,4
B7FY72	2-hydroxyacid dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45592 PE=3 SV=1 - [B7FY72_PHATC]	38,42	9,51%	1	2	6	48,3
B7FUM6	Protein fucaxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhc1 PE=4 SV=1 - [B7FUM6_PHATC]	38,29	17,50%	2	3	4	21,5
BSY4V9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_41785 PE=3 SV=1 - [BSY4V9_PHATC]	38,21	4,32%	1	1	2	41,9
B7G263	Histone deacetylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51026 PE=3 SV=1 - [B7G263_PHATC]	38,19	6,57%	2	2	2	48
B7GC23	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16334 PE=4 SV=1 - [B7GC23_PHATC]	38,09	12,56%	1	1	4	23,6
mCHERRY	mCHERRY - [mCHERRY_CON-vector]	38,06	14,77%	1	1	3	20,1
B7G8N0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48865 PE=4 SV=1 - [B7G8N0_PHATC]	37,92	10,20%	3	4	4	57,1
B7GC72	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23582 PE=4 SV=1 - [B7GC72_PHATC]	37,76	3,93%	1	1	2	82,5
B7FSN9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32803 PE=4 SV=1 - [B7FSN9_PHATC]	37,74	4,38%	4	4	4	85,9
BSY3K5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46720 PE=4 SV=1 - [BSY3K5_PHATC]	37,7	1,51%	1	1	1	89,8
B7G893	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48754 PE=4 SV=1 - [B7G893_PHATC]	37,61	2,40%	1	1	1	40,5
B7G5I7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29177 PE=3 SV=1 - [B7G5I7_PHATC]	37,55	8,65%	2	2	2	20,7
B7FQ44	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42949 PE=4 SV=1 - [B7FQ44_PHATC]	37,48	8,64%	2	2	2	17,7
B7FU16	Uroporphyrinogen decarboxylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HemE_2 PE=3 SV=1 - [B7FU16_PHATC]	37,43	2,44%	1	1	1	45,3
B7G1J9	L-ascorbate peroxidase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13174 PE=3 SV=1 - [B7G1J9_PHATC]	37,36	3,61%	1	1	1	30,7
A0T0G4	50S ribosomal protein L27, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpL27 PE=3 SV=1 - [RK27_PHATC]	37,26	16,87%	1	1	1	8,9
A0T0I2	30S ribosomal protein S19, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpS19 PE=3 SV=1 - [RR19_PHATC]	37,24	8,70%	1	1	1	10,5
B7S3W9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1626 PE=4 SV=1 - [B7S3W9_PHATC]	37,16	10,49%	2	2	2	33,4
B7GAM6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40158 PE=4 SV=1 - [B7GAM6_PHATC]	37,07	4,35%	1	1	1	68,2
B7FQH5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32198 PE=4 SV=1 - [B7FQH5_PHATC]	37,05	18,47%	2	2	2	18,6
B7FP12	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31846 PE=4 SV=1 - [B7FP12_PHATC]	37,04	2,17%	1	1	1	59,5
B7GCP9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23691 PE=3 SV=1 - [B7GCP9_PHATC]	36,96	15,38%	2	2	3	15
B7G0L9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12620 PE=3 SV=1 - [B7G0L9_PHATC]	36,92	5,83%	2	3	3	59
B7FYB8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12161 PE=4 SV=1 - [B7FYB8_PHATC]	36,86	4,80%	1	1	1	27,7
B7FRD4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42457 PE=4 SV=1 - [B7FRD4_PHATC]	36,81	7,11%	2	3	3	48,9
B7FQK1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9316 PE=4 SV=1 - [B7FQK1_PHATC]	36,8	9,09%	2	2	2	35,5
BSY4X5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33304 PE=4 SV=1 - [BSY4X5_PHATC]	36,73	9,84%	1	1	1	13,5
B7FU36	Methyltransferase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10824 PE=3 SV=1 - [B7FU36_PHATC]	36,63	6,91%	2	2	2	34,5
B7FT16	Inositol-1-monophosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18323 PE=3 SV=1 - [B7FT16_PHATC]	36,63	14,24%	3	3	3	30,9
B7G2W5	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28577 PE=4 SV=1 - [B7G2W5_PHATC]	36,6	3,71%	1	1	1	40,8
B7GEF8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50544 PE=4 SV=1 - [B7GEF8_PHATC]	36,58	10,58%	2	2	2	35,4
B7FZ22	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46077 PE=4 SV=1 - [B7FZ22_PHATC]	36,52	3,50%	1	1	1	37,3
B7FZ29	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35960 PE=4 SV=1 - [B7FZ29_PHATC]	36,5	3,27%	1	1	1	33,3
B7FV67	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19518 PE=4 SV=1 - [B7FV67_PHATC]	36,37	6,47%	2	2	2	50,5
BSY3N8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46750 PE=4 SV=1 - [BSY3N8_PHATC]	36,12	5,00%	1	1	1	28,4
B7G968	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39617 PE=4 SV=1 - [B7G968_PHATC]	36,03	2,93%	1	1	1	45,3
B7FPH7	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12043 PE=4 SV=1 - [B7FPH7_PHATC]	35,99	4,23%	1	1	1	28,6
B7G9J7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49119 PE=4 SV=1 - [B7G9J7_PHATC]	35,98	4,85%	1	1	2	41,5
B7FV66	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26387 PE=4 SV=1 - [B7FV66_PHATC]	35,97	1,23%	1	1	1	117,7
B7FU01	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50796 PE=4 SV=1 - [B7FU01_PHATC]	35,91	2,19%	1	1	1	51,6

Q03001	Dystonin OS=Homo sapiens GN=DST PE=1 SV=4 - [DYST_CON-HUMAN]	35,89	1,10%	3	6	11	860,1
B7FP24	Eukaryotic translation initiation factor 6 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=EIF6 PE=3 SV=1 - [B7FP24_PHATC]	35,74	9,64%	1	1	2	26,7
B7G3W9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47297 PE=4 SV=1 - [B7G3W9_PHATC]	35,74	5,29%	1	1	1	45,2
BSY450	Histone deacetylase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43919 PE=4 SV=1 - [BSY450_PHATC]	35,63	3,69%	1	1	1	43,6
B7FR41	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43243 PE=4 SV=1 - [B7FR41_PHATC]	35,62	4,19%	1	1	1	47,6
B7FR19	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43225 PE=4 SV=1 - [B7FR19_PHATC]	35,57	5,14%	1	1	1	31,1
B7G6E4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22279 PE=3 SV=1 - [B7G6E4_PHATC]	35,54	4,02%	1	1	1	35,2
B7G3C6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28743 PE=4 SV=1 - [B7G3C6_PHATC]	35,52	4,93%	1	1	1	22,2
B7FZ32	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45899 PE=4 SV=1 - [B7FZ32_PHATC]	35,49	7,25%	1	1	1	37,6
B7FKU5	40S ribosomal protein S90 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10769 PE=3 SV=1 - [B7FKU5_PHATC]	35,43	19,40%	3	3	3	7,4
BSY4G9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25577 PE=4 SV=1 - [BSY4G9_PHATC]	35,28	9,02%	1	1	1	15
B7GEA5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50499 PE=4 SV=1 - [B7GEA5_PHATC]	35,17	16,20%	2	2	3	15,7
B7GAN8	DNA binding protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55046 PE=4 SV=1 - [B7GAN8_PHATC]	35,13	3,69%	1	1	1	45
B7FRZ7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ME1 PE=4 SV=1 - [B7FRZ7_PHATC]	35,05	6,43%	2	3	3	71,1
B7FZW7	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_768 PE=3 SV=1 - [B7FZW7_PHATC]	35,01	2,02%	1	1	1	69,4
B7FWC5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45064 PE=4 SV=1 - [B7FWC5_PHATC]	34,93	3,09%	1	1	2	63,6
B7S419	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1656 PE=3 SV=1 - [B7S419_PHATC]	34,91	2,71%	1	1	1	66,2
B7FQL7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43097 PE=3 SV=1 - [B7FQL7_PHATC]	34,88	4,17%	2	2	2	74,5
B7FTZ3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50793 PE=4 SV=1 - [B7FTZ3_PHATC]	34,86	4,16%	1	1	2	45
B7GS87	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38209 PE=4 SV=1 - [B7GS87_PHATC]	34,81	9,36%	1	2	5	23,5
B7FPY0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42891 PE=4 SV=1 - [B7FPY0_PHATC]	34,42	5,99%	1	1	1	29
B7FX87	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11735 PE=3 SV=1 - [B7FX87_PHATC]	34,18	6,94%	1	2	2	44,4
B7FY14	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_20007 PE=4 SV=1 - [B7FY14_PHATC]	34,17	7,77%	2	2	2	30,8
B7GC21	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23547 PE=3 SV=1 - [B7GC21_PHATC]	34,16	6,26%	2	2	2	54,4
B7G299	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47049 PE=4 SV=1 - [B7G299_PHATC]	33,89	6,11%	1	2	2	49,8
B7G5M1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29212 PE=4 SV=1 - [B7G5M1_PHATC]	33,58	9,15%	2	2	2	34,9
B7FS44	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43398 PE=4 SV=1 - [B7FS44_PHATC]	33,46	6,11%	1	1	1	20,8
B7G1I2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46522 PE=4 SV=1 - [B7G1I2_PHATC]	33,45	5,32%	1	1	1	54,9
B7S469	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd552 PE=3 SV=1 - [B7S469_PHATC]	33,34	7,27%	2	3	3	63,8
B7GDIS	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42364 PE=4 SV=1 - [B7GDIS_PHATC]	33,21	13,48%	1	1	1	10,3
B7FYE7	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=UNC18 PE=3 SV=1 - [B7FYE7_PHATC]	33,2	6,63%	2	3	3	66,1
B7GDT4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41282 PE=3 SV=1 - [B7GDT4_PHATC]	33,19	14,45%	2	2	2	19,2
B7FW77	Peroxisomal 2,4-dienoyl-CoA reductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DER1 PE=4 SV=1 - [B7FW77_PHATC]	33,19	11,49%	2	2	2	31,6
B7GSJ8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51100 PE=4 SV=1 - [B7GSJ8_PHATC]	33,19	11,82%	1	1	1	12
B7FV55	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44980 PE=4 SV=1 - [B7FV55_PHATC]	33,18	2,03%	1	1	1	54,6
B7GE74	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50469 PE=4 SV=1 - [B7GE74_PHATC]	32,98	5,74%	1	1	1	22,5
B7G5Q5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48027 PE=4 SV=1 - [B7G5Q5_PHATC]	32,87	7,23%	1	1	1	62,8
B7FVC5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11151 PE=3 SV=1 - [B7FVC5_PHATC]	32,59	4,11%	1	1	1	31,6
B7GAW6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49522 PE=4 SV=1 - [B7GAW6_PHATC]	32,5	4,35%	1	1	1	32,8
B7G2G1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13721 PE=4 SV=1 - [B7G2G1_PHATC]	32,48	6,62%	1	1	1	15,7
B7FVT1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44831 PE=4 SV=1 - [B7FVT1_PHATC]	32,22	3,48%	1	1	1	81,7
B7GSR1	Dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54834 PE=4 SV=1 - [B7GSR1_PHATC]	32,16	3,57%	1	1	1	40,9
B7G091	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_413 PE=4 SV=1 - [B7G091_PHATC]	32,06	21,62%	3	4	4	28,4
B7FXP2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12174 PE=4 SV=1 - [B7FXP2_PHATC]	32	4,96%	2	2	2	63,5
B7FUR7	Zeaxanthin epoxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ZEP3 PE=4 SV=1 - [B7FUR7_PHATC]	31,92	5,57%	2	2	2	60,5
B7G1Z1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13587 PE=4 SV=1 - [B7G1Z1_PHATC]	31,91	4,64%	1	1	1	48,9
B7S3P3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd371 PE=3 SV=1 - [B7S3P3_PHATC]	31,9	4,22%	1	1	1	33,5
B7FPQ0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31919 PE=3 SV=1 - [B7FPQ0_PHATC]	31,87	7,21%	2	2	2	35,2
B7FQC6	NADPH:adrenodoin oxidoreductase, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43018 PE=3 SV=1 - [B7FQC6_PHATC]	31,82	7,86%	2	2	2	54,9
B7GE76	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_6457 PE=3 SV=1 - [B7GE76_PHATC]	31,62	6,12%	1	1	1	22
B7FV16	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11288 PE=4 SV=1 - [B7FV16_PHATC]	31,61	7,56%	2	2	2	38,7
B7G2F8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47099 PE=4 SV=1 - [B7G2F8_PHATC]	31,61	2,78%	1	1	1	37,3
B7G933	ATPase ASNA3 homolog OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22896 PE=3 SV=1 - [B7G933_PHATC]	31,53	17,19%	2	3	6	38,8
B7G8T5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29967 PE=4 SV=1 - [B7G8T5_PHATC]	31,5	4,02%	2	2	2	95,5
B7G8V5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48920 PE=3 SV=1 - [B7G8V5_PHATC]	31,4	12,30%	2	2	2	33,5
BSY5I6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33523 PE=3 SV=1 - [BSY5I6_PHATC]	31,17	8,47%	1	1	1	26,4
B7FR60	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Lhcx2 PE=4 SV=1 - [B7FR60_PHATC]	31,11	9,85%	1	1	2	21,2
B7GER7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50631 PE=3 SV=1 - [B7GER7_PHATC]	30,89	1,85%	1	1	1	66
B7G5G1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47943 PE=4 SV=1 - [B7G5G1_PHATC]	30,87	0,60%	1	1	1	127,8
B7FIU8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34028 PE=4 SV=1 - [B7FIU8_PHATC]	30,83	2,38%	1	1	1	33
B7FTM0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44298 PE=4 SV=1 - [B7FTM0_PHATC]	30,78	1,56%	2	2	2	188,8
A0T0I6	SOS ribosomal protein L16, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp16 PE=3 SV=1 - [RK16_PHATC]	30,7	6,52%	1	1	1	15,6
B7S4K1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1534 PE=4 SV=1 - [B7S4K1_PHATC]	30,6	5,92%	1	1	1	32,9
B7FY04	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12028 PE=4 SV=1 - [B7FY04_PHATC]	30,52	1,94%	1	1	1	67,3
B7FXL7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12031 PE=3 SV=1 - [B7FXL7_PHATC]	30,43	8,08%	2	2	2	33,6
B7FPL1	PP5/PPP1-like protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PPPS PE=4 SV=1 - [B7FPL1_PHATC]	30,39	6,46%	2	2	2	56,8
B7FU99	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_1769 PE=4 SV=1 - [B7FU99_PHATC]	30,38	8,86%	2	2	2	43
B7GBN2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16168 PE=3 SV=1 - [B7GBN2_PHATC]	30,33	5,23%	1	1	1	36,8
A0T0A3	Cytochrome b559 subunit, alpha OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=psbE PE=3 SV=1 - [PSB_PHATC]	30,33	10,71%	1	1	1	9,5
B7G9B5	Theonine dehydratase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=TDH PE=3 SV=1 - [B7G9B5_PHATC]	30,25	2,81%	1	1	1	66,1
BSY5A5	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10581 PE=4 SV=1 - [BSY5A5_PHATC]	30,24	4,32%	1	2	2	56,9
B7GSJ3	Peptidylprolyl isomerase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5668 PE=4 SV=1 - [B7GSJ3_PHATC]	30,17	10,14%	1	1	1	15,9
B7GD24	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41016 PE=3 SV=1 - [B7GD24_PHATC]	30,05	5,65%	2	2	4	52
BSY3I3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46709 PE=4 SV=1 - [BSY3I3_PHATC]	30,01	0,74%	1	1	1	102,9
B7G9C2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49053 PE=4 SV=1 - [B7G9C2_PHATC]	30	1,60%	1	1	1	77,4
B7G6W8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48370 PE=3 SV=1 - [B7G6W8_PHATC]	30	8,86%	1	2	2	44,4
B7FVX0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26515 PE=4 SV=1 - [B7FVX0_PHATC]	29,94	12,13%	1	2	2	30,6
B7FUE9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54251 PE=4 SV=1 - [B7FUE9_PHATC]	29,87	8,09%	3	3	3	60,2

B7FX11	Peptidylprolyl isomerase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12088 PE=4 SV=1 - [B7FX11_PHATC]	29,86	7,75%	1	1	1	14
B7G661	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_56599 PE=3 SV=1 - [B7G661_PHATC]	29,76	2,11%	1	1	1	100,5
B7FX02	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sa1a PE=3 SV=1 - [B7FX02_PHATC]	29,65	17,71%	2	2	2	21,8
B5Y5E5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_33480 PE=4 SV=1 - [B5Y5E5_PHATC]	29,58	2,45%	1	1	1	35,8
B7G5G9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47950 PE=4 SV=1 - [B7G5G9_PHATC]	29,58	6,13%	1	1	1	35,8
B7FL30	Queuine tRNA-ribosyltransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24792 PE=3 SV=1 - [B7FL30_PHATC]	29,51	3,70%	1	1	1	57,5
B7G9W1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49223 PE=4 SV=1 - [B7G9W1_PHATC]	29,48	4,47%	2	2	2	48,1
A0T0E4	Iron-sulfur cluster formation ABC transporter OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Su1B PE=4 SV=1 - [A0T0E4_PHATC]	29,3	9,47%	3	3	3	54,4
B7G489	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37859 PE=4 SV=1 - [B7G489_PHATC]	29,25	4,02%	1	1	1	38,3
B7FSV6	Peptidyl prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18274 PE=3 SV=1 - [B7FSV6_PHATC]	29,16	11,56%	1	1	1	18,3
B7GDH3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp14 PE=3 SV=1 - [B7GDH3_PHATC]	29,14	13,99%	1	1	1	15,2
B7FV17	Regulatory proteasome non-atpase subunit 2 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RP2 PE=4 SV=1 - [B7FV17_PHATC]	29,11	3,08%	1	2	2	109,9
B7FQG8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32191 PE=4 SV=1 - [B7FQG8_PHATC]	29,08	3,79%	1	1	1	40,7
B7G563	Serine/threonine-protein phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42369 PE=3 SV=1 - [B7G563_PHATC]	29,08	3,17%	1	1	1	35,7
B7G249	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47006 PE=4 SV=1 - [B7G249_PHATC]	29,06	9,13%	2	2	2	23
B7FT10	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43657 PE=3 SV=1 - [B7FT10_PHATC]	29,06	11,29%	2	2	2	45,4
B7G876	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39282 PE=4 SV=1 - [B7G876_PHATC]	29,03	3,86%	2	2	2	57,1
B7G8Z3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30003 PE=4 SV=1 - [B7G8Z3_PHATC]	28,85	7,84%	1	1	1	22,3
B7FVY2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_4550 PE=4 SV=1 - [B7FVY2_PHATC]	28,83	6,93%	1	1	1	25,1
B7FXZ8	F-actin capping protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35252 PE=4 SV=1 - [B7FXZ8_PHATC]	28,66	6,34%	1	1	1	23,5
B5Y485	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_21198 PE=4 SV=1 - [B5Y485_PHATC]	28,61	3,90%	1	1	1	22,5
B5Y4H4	Peptidyl prolyl cis-trans isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_18458 PE=3 SV=1 - [B5Y4H4_PHATC]	28,59	6,19%	1	1	1	20,9
B7FPA6	Peptidylprolyl isomerase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8940 PE=4 SV=1 - [B7FPA6_PHATC]	28,5	21,24%	1	1	1	12,2
B7FTU6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44357 PE=4 SV=1 - [B7FTU6_PHATC]	28,45	4,68%	1	1	1	30,4
B7FRH0	Cysteine synthase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=cysK PE=3 SV=1 - [B7FRH0_PHATC]	28,43	5,85%	1	1	1	36,3
B7GCY3	Lut1-1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LUT1-1 PE=3 SV=1 - [B7GCY3_PHATC]	28,42	6,51%	2	2	2	60,7
B7G849	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15371 PE=4 SV=1 - [B7G849_PHATC]	28,34	9,22%	2	2	2	15,6
B5Y3G9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46690 PE=4 SV=1 - [B5Y3G9_PHATC]	28,29	10,11%	1	2	2	30,8
A0T0C7	S05 ribosomal protein L19, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rp19 PE=3 SV=1 - [A0T0C7_PHATC]	28,29	17,50%	2	2	2	13,8
B7FYW0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45841 PE=4 SV=1 - [B7FYW0_PHATC]	28,28	12,99%	2	3	3	38,5
B7G128	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46395 PE=4 SV=1 - [B7G128_PHATC]	28,28	7,69%	1	1	2	22,5
B5Y3M6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36770 PE=4 SV=1 - [B5Y3M6_PHATC]	28,23	11,97%	1	3	3	44,9
B7G0R2	Small ubiquitin-like modifier OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SUMO PE=4 SV=1 - [B7G0R2_PHATC]	28,21	11,65%	1	1	1	11,5
B7G898	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39304 PE=4 SV=1 - [B7G898_PHATC]	28,19	12,44%	2	3	5	41,7
B7S433	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_141340 PE=4 SV=1 - [B7S433_PHATC]	28,1	17,56%	1	1	1	14,8
B7G7T6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39095 PE=4 SV=1 - [B7G7T6_PHATC]	28,05	5,62%	1	2	2	37,4
B7FQ81	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42981 PE=4 SV=1 - [B7FQ81_PHATC]	28	1,97%	1	1	1	63
B7FRR1	Ubiquitinyl hydrolase 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18008 PE=3 SV=1 - [B7FRR1_PHATC]	27,95	3,20%	1	2	2	91,6
B7G0D9	Methylmalonate semialdehyde dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MMSDH PE=4 SV=1 - [B7G0D9_PHATC]	27,94	2,26%	1	1	1	56
B7G5P2	Bifunctional aspartokinase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_2213 PE=4 SV=1 - [B7G5P2_PHATC]	27,91	3,22%	1	1	5	94,4
B5Y4R1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10319 PE=4 SV=1 - [B5Y4R1_PHATC]	27,91	4,36%	2	3	4	114,2
B5Y400	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46855 PE=3 SV=1 - [B5Y400_PHATC]	27,77	10,61%	2	2	2	26,9
B7FZV6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12894 PE=4 SV=1 - [B7FZV6_PHATC]	27,75	3,23%	1	1	1	45,2
B7FRD3	Fructose-1,6-bisphosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FBP3 PE=3 SV=1 - [B7FRD3_PHATC]	27,69	2,87%	1	1	1	45,6
B7FUE7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44526 PE=4 SV=1 - [B7FUE7_PHATC]	27,69	5,34%	2	2	2	61
B7FUM7	Adenylosuccinate synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26256 PE=3 SV=1 - [B7FUM7_PHATC]	27,63	6,84%	2	3	3	57,1
B7FRC7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9090 PE=3 SV=1 - [B7FRC7_PHATC]	27,43	7,42%	1	2	2	47,9
B7FYL4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_54466 PE=4 SV=1 - [B7FYL4_PHATC]	27,42	1,30%	1	1	1	74,5
B7G3N0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37749 PE=4 SV=1 - [B7G3N0_PHATC]	27,41	2,25%	1	1	1	63,8
B7FSJ7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CDK1 PE=3 SV=1 - [B7FSJ7_PHATC]	27,39	4,93%	1	2	3	34,2
B7GCF0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49951 PE=4 SV=1 - [B7GCF0_PHATC]	27,36	5,88%	1	1	2	19,7
B7FRM9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42538 PE=3 SV=1 - [B7FRM9_PHATC]	27,34	4,38%	1	1	1	31,7
B7FVQ8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19329 PE=4 SV=1 - [B7FVQ8_PHATC]	27,3	3,52%	2	2	2	64,7
B7FV55	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19341 PE=4 SV=1 - [B7FV55_PHATC]	27,22	4,02%	1	1	1	22
B7G840	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49580 PE=4 SV=1 - [B7G840_PHATC]	27,15	10,12%	1	2	2	27,6
B7FY03	Ribosome assembly factor mrt4 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12144 PE=3 SV=1 - [B7FY03_PHATC]	27,11	3,64%	1	1	1	25,1
B5Y3T7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36840 PE=4 SV=1 - [B5Y3T7_PHATC]	27,08	18,29%	1	3	4	27,5
B7GZ26	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47332 PE=4 SV=1 - [B7GZ26_PHATC]	27,08	8,44%	1	1	1	16,7
B7GE70	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50463 PE=4 SV=1 - [B7GE70_PHATC]	27,04	1,86%	1	1	2	59,6
B7GE85	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50480 PE=4 SV=1 - [B7GE85_PHATC]	27,04	4,09%	1	2	3	57
B7G3V6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_37459 PE=4 SV=1 - [B7G3V6_PHATC]	26,98	2,13%	1	1	1	46,9
B7G8T9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49764 PE=3 SV=1 - [B7G8T9_PHATC]	26,92	10,64%	1	2	2	30,2
B7GC30	Phospholipid scramblase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PLS1 PE=3 SV=1 - [B7GC30_PHATC]	26,88	10,16%	1	1	1	28
B7GCR3	Proteasome subunit alpha type (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_5685 PE=3 SV=1 - [B7GCR3_PHATC]	26,85	13,57%	1	2	3	28
B7G8C3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42245 PE=4 SV=1 - [B7G8C3_PHATC]	26,82	2,09%	1	1	1	62,9
B7FW60	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44936 PE=4 SV=1 - [B7FW60_PHATC]	26,81	4,85%	1	1	1	43,5
B7GCN8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50026 PE=3 SV=1 - [B7GCN8_PHATC]	26,78	1,35%	1	1	1	79,9
B7GAGO	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30315 PE=4 SV=1 - [B7GAGO_PHATC]	26,75	6,77%	1	1	1	21,4
B7GC94	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=GAPDH_3 PE=3 SV=1 - [B7GC94_PHATC]	26,74	7,12%	2	2	2	38,3
B5Y4D9	Long chain acyl-CoA synthetase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ACS3 PE=4 SV=1 - [B5Y4D9_PHATC]	26,69	1,14%	1	1	1	77,2
B7FQF2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43041 PE=4 SV=1 - [B7FQF2_PHATC]	26,57	7,09%	1	2	2	28,2
B7FYT2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35625 PE=3 SV=1 - [B7FYT2_PHATC]	26,52	9,25%	1	2	2	36,6
B7G554	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38175 PE=4 SV=1 - [B7G554_PHATC]	26,49	8,67%	2	2	2	43,5
B7FS37	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10148 PE=4 SV=1 - [B7FS37_PHATC]	26,4	5,43%	1	1	1	14,4
B7FSY9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_573 PE=4 SV=1 - [B7FSY9_PHATC]	26,39	1,50%	1	1	1	75,1
B7FS92	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43443 PE=4 SV=1 - [B7FS92_PHATC]	26,34	5,88%	1	1	1	18,1
B7G9P2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49158 PE=4 SV=1 - [B7G9P2_PHATC]	26,24	1,73%	1	1	1	51,6
B7GZV6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47322 PE=4 SV=1 - [B7GZV6_PHATC]	26,23	7,36%	2	2	2	40,4

87G582	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47879 PE=4 SV=1 - [87G582_PHATC]	26,17	1,79%	2	2	2	221
87FU28	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44430 PE=4 SV=1 - [87FU28_PHATC]	26,02	6,06%	1	1	1	28,8
87FV89	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34582 PE=3 SV=1 - [87FV89_PHATC]	25,92	3,89%	1	1	1	36
85Y554	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRA_44036 PE=4 SV=1 - [85Y554_PHATC]	25,92	1,02%	1	1	1	138,5
87G5K0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14472 PE=4 SV=1 - [87G5K0_PHATC]	25,88	18,87%	2	2	2	11,1
87G252	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47182 PE=4 SV=1 - [87G252_PHATC]	25,85	1,75%	1	1	1	56,3
87G5J4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47970 PE=4 SV=1 - [87G5J4_PHATC]	25,75	4,35%	1	1	1	34,4
87G0H5	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27719 PE=3 SV=1 - [87G0H5_PHATC]	25,66	6,72%	2	2	2	54,3
87FKX5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45403 PE=4 SV=1 - [87FKX5_PHATC]	25,57	4,75%	1	1	1	33,4
87GEM7	Carbamate kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_24238 PE=3 SV=1 - [87GEM7_PHATC]	25,56	5,06%	1	1	1	35,8
87G6X0	Peroxisome oxidoreductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23388 PE=4 SV=1 - [87G6X0_PHATC]	25,55	9,87%	2	2	2	25,9
87FKG6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35063 PE=4 SV=1 - [87FKG6_PHATC]	25,55	11,52%	1	2	2	16,9
87FR91	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31407 PE=4 SV=1 - [87FR91_PHATC]	25,54	5,75%	2	2	2	55,3
87GBG7	Methionine synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=METH PE=4 SV=1 - [87GBG7_PHATC]	25,51	2,01%	2	2	2	137,8
87FQV5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43169 PE=4 SV=1 - [87FQV5_PHATC]	25,48	3,22%	1	1	1	44,1
87FWL3	Oxidoreductase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45141 PE=4 SV=1 - [87FWL3_PHATC]	25,43	5,12%	1	1	1	35,6
87G802	T-complex protein 1 subunit delta OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_30445 PE=3 SV=1 - [87G802_PHATC]	25,38	2,27%	1	1	1	56,6
87GAG2	Phosphatase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_1048 PE=4 SV=1 - [87GAG2_PHATC]	25,38	1,44%	1	1	1	69,8
87G6I6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48258 PE=4 SV=1 - [87G6I6_PHATC]	25,35	5,97%	1	1	2	43,5
85Y5K9	5'-Nucleotidase or metallophosphoesterase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44174 PE=4 SV=1 - [85Y5K9_PHATC]	25,33	2,04%	1	2	2	152,6
87FRK6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42523 PE=4 SV=1 - [87FRK6_PHATC]	24,92	4,33%	1	1	1	35,8
87G2T6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47193 PE=4 SV=1 - [87G2T6_PHATC]	24,92	1,97%	1	1	1	79,3
87FWF2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45088 PE=4 SV=1 - [87FWF2_PHATC]	24,91	3,87%	1	1	2	54
87GCR8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50052 PE=4 SV=1 - [87GCR8_PHATC]	24,91	2,25%	1	2	2	102,8
87FNZ9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3851 PE=4 SV=1 - [87FNZ9_PHATC]	24,89	8,26%	1	1	1	23,2
87GAU8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49509 PE=4 SV=1 - [87GAU8_PHATC]	24,85	1,53%	1	1	1	85
85Y536	Transmembrane 9 superfamily member OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_25752 PE=3 SV=1 - [85Y536_PHATC]	24,84	1,85%	1	1	1	73,6
87FPH4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_1358 PE=4 SV=1 - [87FPH4_PHATC]	24,59	3,49%	1	1	1	53,3
87FUS7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44643 PE=4 SV=1 - [87FUS7_PHATC]	24,59	6,02%	1	1	1	27,9
87FZU4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12641 PE=3 SV=1 - [87FZU4_PHATC]	24,56	6,02%	1	1	1	27,1
87FRS9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43300 PE=4 SV=1 - [87FRS9_PHATC]	24,55	0,94%	1	1	3	116,7
87GEP3	Tic55 component of chloroplast import machinery OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=HTIC55 PE=4 SV=1 - [87GEP3_PHATC]	24,53	3,01%	1	1	1	56,9
87FQK6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43087 PE=4 SV=1 - [87FQK6_PHATC]	24,5	1,06%	1	1	1	74,4
87FX66	Histone linker H1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=H1 PE=3 SV=1 - [87FX66_PHATC]	24,48	5,68%	1	1	1	24,3
87G7I0	GpE protein homolog (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35832 PE=3 SV=1 - [87G7I0_PHATC]	24,44	7,01%	1	1	1	17,6
87FZ61	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45921 PE=4 SV=1 - [87FZ61_PHATC]	24,42	5,70%	1	1	1	25,4
85Y566	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44047 PE=4 SV=1 - [85Y566_PHATC]	24,32	2,38%	1	1	3	52,5
87G6H5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38662 PE=4 SV=1 - [87G6H5_PHATC]	24,28	7,26%	1	1	1	28,2
A0T0A2	Photosystem I assembly protein Ycf4 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ycf4 PE=3 SV=1 - [YCF4_PHATC]	24,27	4,97%	1	1	1	20,5
87G0B1	Cystathionine beta-synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Cbs PE=3 SV=1 - [87G0B1_PHATC]	24,2	4,05%	1	1	1	50,8
87FP52	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42675 PE=4 SV=1 - [87FP52_PHATC]	24,12	5,22%	2	3	3	77,1
87G1A1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46453 PE=4 SV=1 - [87G1A1_PHATC]	24,08	3,88%	1	1	4	50,1
87FYT9	Malate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MS PE=3 SV=1 - [87FYT9_PHATC]	23,99	1,99%	1	1	1	61,6
85Y4I0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43840 PE=4 SV=1 - [85Y4I0_PHATC]	23,97	32,73%	1	2	2	11,9
87GA24	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49545 PE=4 SV=1 - [87GA24_PHATC]	23,95	4,00%	1	1	1	33,7
87G8P3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48876 PE=4 SV=1 - [87G8P3_PHATC]	23,85	1,40%	1	2	3	163,3
85Y3W8	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bdb70 PE=4 SV=1 - [85Y3W8_PHATC]	23,78	6,13%	2	2	2	49
87FZ56	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_2097 PE=3 SV=1 - [87FZ56_PHATC]	23,72	2,17%	1	1	1	60,3
87FTE4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_18404 PE=4 SV=1 - [87FTE4_PHATC]	23,56	2,15%	1	1	1	56,9
87FU91	30S ribosomal protein S15 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_7859 PE=3 SV=1 - [87FU91_PHATC]	23,54	9,41%	1	1	1	10
87FV28	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_7639 PE=4 SV=1 - [87FV28_PHATC]	23,46	6,45%	1	1	1	13,4
85Y5I0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_10546 PE=3 SV=1 - [85Y5I0_PHATC]	23,34	8,28%	1	1	1	31,3
87FV69	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11373 PE=4 SV=1 - [87FV69_PHATC]	23,24	6,58%	2	2	2	49
87G3Q9	Branched-chain-amino-acid aminotransferase (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28585 PE=3 SV=1 - [87G3Q9_PHATC]	23,2	9,82%	1	3	3	35,8
87GCR5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50049 PE=4 SV=1 - [87GCR5_PHATC]	23,19	5,70%	1	2	2	50,3
87GCO2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49832 PE=4 SV=1 - [87GCO2_PHATC]	23,16	4,96%	1	1	1	29
87G252	GTP-AMP phosphotransferase, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13789 PE=3 SV=1 - [87G252_PHATC]	23,08	4,27%	1	1	1	23,7
87G672	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14715 PE=3 SV=1 - [87G672_PHATC]	23,06	19,23%	1	2	2	19,3
87FZ20	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45889 PE=4 SV=1 - [87FZ20_PHATC]	22,75	0,54%	1	2	2	322,1
87FWR3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45181 PE=4 SV=1 - [87FWR3_PHATC]	22,71	9,84%	1	1	1	20,8
87G1T1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13375 PE=4 SV=1 - [87G1T1_PHATC]	22,7	2,30%	1	1	1	45,5
87FP04	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3171 PE=4 SV=1 - [87FP04_PHATC]	22,7	4,55%	1	1	1	25,4
87G9T6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49202 PE=4 SV=1 - [87G9T6_PHATC]	22,7	4,85%	1	1	1	23,8
87FV55	Fumarate reductase flavoprotein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51720 PE=4 SV=1 - [87FV55_PHATC]	22,61	1,50%	1	1	1	71,4
A0T0K1	S0S ribosomal protein L13, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rpL13 PE=3 SV=1 - [A0T0K1_PHATC]	22,61	9,68%	1	1	2	17,8
87GEA9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16982 PE=4 SV=1 - [87GEA9_PHATC]	22,48	8,62%	1	2	2	33
87FWJ5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19615 PE=3 SV=1 - [87FWJ5_PHATC]	22,47	7,44%	1	1	1	13,7
87G4I9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47546 PE=4 SV=1 - [87G4I9_PHATC]	22,43	2,80%	1	1	1	35,6
87GBJ9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49815 PE=4 SV=1 - [87GBJ9_PHATC]	22,41	11,56%	1	1	1	17,5
87FQC0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9157 PE=3 SV=1 - [87FQC0_PHATC]	22,39	3,01%	1	1	1	32,7
87GCC9	Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_55126 PE=3 SV=1 - [87GCC9_PHATC]	22,33	3,35%	1	1	1	45,1
87FXU2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45477 PE=4 SV=1 - [87FXU2_PHATC]	22,21	6,11%	1	1	2	35,5
87G3A5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47412 PE=4 SV=1 - [87G3A5_PHATC]	22,18	3,03%	2	2	2	141,8
87GOU2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46323 PE=4 SV=1 - [87GOU2_PHATC]	22	4,20%	1	1	1	34,6
87FXH3	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_26975 PE=3 SV=1 - [87FXH3_PHATC]	21,99	3,42%	1	2	2	80,3
87G476	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_859 PE=3 SV=1 - [87G476_PHATC]	21,93	1,76%	1	1	1	69,7
87FR11	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42501 PE=4 SV=1 - [87FR11_PHATC]	21,81	2,25%	1	1	1	79,6
87G0Q0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3843 PE=3 SV=1 - [87G0Q0_PHATC]	21,76	6,69%	1	1	1	36,3

B7FXK7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50885 PE=3 SV=1 - [B7FXK7_PHATC]	21,76	1,99%	1	1	1	67,4
B7G7V4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_522 PE=3 SV=1 - [B7G7V4_PHATC]	21,73	3,90%	2	2	2	84,6
A0T01	S0S ribosomal protein L5, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrpL5 PE=3 SV=1 - [RK5_PHATC]	21,66	10,92%	1	2	2	27,8
B7GD14	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50123 PE=4 SV=1 - [B7GD14_PHATC]	21,62	5,33%	1	1	1	57,6
B7FSV2	Copline 1 (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CPME1b PE=4 SV=1 - [B7FSV2_PHATC]	21,53	4,48%	1	2	2	50,5
B7FT13	Coumaryl-coa ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CCLL PE=4 SV=1 - [B7FT13_PHATC]	21,49	7,46%	2	2	2	57,3
B7FPD1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42739 PE=4 SV=1 - [B7FPD1_PHATC]	21,44	2,18%	1	1	1	36,5
B7GCP8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23687 PE=4 SV=1 - [B7GCP8_PHATC]	21,44	7,55%	1	1	2	11,9
B7G7J3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48519 PE=4 SV=1 - [B7G7J3_PHATC]	21,42	1,68%	1	1	2	107,1
B7GDJ9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50281 PE=4 SV=1 - [B7GDJ9_PHATC]	21,4	3,84%	1	1	1	46,2
B7FVPO	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44796 PE=4 SV=1 - [B7FVPO_PHATC]	21,34	13,01%	1	1	1	13,3
B7FZT2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12810 PE=4 SV=1 - [B7FZT2_PHATC]	21,32	5,45%	1	1	1	21,8
B7G132	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46399 PE=4 SV=1 - [B7G132_PHATC]	21,24	4,90%	1	1	1	44,5
B7FV20	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44878 PE=4 SV=1 - [B7FV20_PHATC]	21,17	0,49%	1	1	1	200,1
B7G0R5	S0S ribosomal protein L18a OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36226 PE=3 SV=1 - [B7G0R5_PHATC]	21,16	6,56%	1	1	2	21,2
B7FPW8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42882 PE=4 SV=1 - [B7FPW8_PHATC]	21,16	11,72%	1	1	1	15,1
B7G4M9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47716 PE=4 SV=1 - [B7G4M9_PHATC]	21,14	12,50%	3	3	3	33,4
B7FZ31	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45898 PE=4 SV=1 - [B7FZ31_PHATC]	21,03	1,20%	1	1	1	81,3
A0T0E9	ATP synthase subunit b, chloroplastic OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=atpF PE=3 SV=1 - [ATP_F_PHATC]	20,97	8,38%	1	1	1	20,3
B7FV42	Protein fucoxanthin chlorophyll a/c protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=LhcL16 PE=4 SV=1 - [B7FV42_PHATC]	20,96	7,28%	1	1	1	21,9
B7G0T8	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46320 PE=3 SV=1 - [B7G0T8_PHATC]	20,76	3,33%	3	3	3	116,8
B7FPG1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42762 PE=4 SV=1 - [B7FPG1_PHATC]	20,72	1,54%	1	1	2	78,8
B7G853	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22666 PE=3 SV=1 - [B7G853_PHATC]	20,69	4,21%	1	2	2	59,3
B7FSB3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43464 PE=4 SV=1 - [B7FSB3_PHATC]	20,66	0,55%	1	1	1	321,7
B7G6V5	Damage-specific DNA binding protein 1 OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=DDB1 PE=4 SV=1 - [B7G6V5_PHATC]	20,64	1,48%	1	1	1	138,8
B7FU48	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44492 PE=4 SV=1 - [B7FU48_PHATC]	20,61	2,08%	1	1	1	52,6
B7FQT5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43154 PE=4 SV=1 - [B7FQT5_PHATC]	20,5	8,25%	1	1	1	21,6
B7FVY2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35643 PE=4 SV=1 - [B7FVY2_PHATC]	20,48	5,34%	1	1	1	36,5
B7G4V2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_29029 PE=3 SV=1 - [B7G4V2_PHATC]	20,44	5,75%	2	2	2	65,1
B7G0B6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50187 PE=4 SV=1 - [B7G0B6_PHATC]	20,4	2,63%	1	1	1	30,7
B7FUZ3	RuvB-like helicase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50825 PE=3 SV=1 - [B7FUZ3_PHATC]	20,4	4,21%	1	2	2	50,2
B7FSR7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP3mu PE=3 SV=1 - [B7FSR7_PHATC]	20,34	4,09%	1	1	1	46
B7FXT5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SYIA PE=3 SV=1 - [B7FXT5_PHATC]	20,24	4,32%	1	1	1	34,1
B7GE21	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50416 PE=4 SV=1 - [B7GE21_PHATC]	20,22	2,69%	1	1	1	53,8
B7FPV2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31973 PE=4 SV=1 - [B7FPV2_PHATC]	20,07	1,83%	1	1	2	71
A0T0L6	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=yef90 PE=4 SV=1 - [A0T0L6_PHATC]	20,01	2,82%	1	1	1	50,3
B7GEM5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50598 PE=4 SV=1 - [B7GEM5_PHATC]	19,97	2,08%	1	1	1	113,3
B7FNY0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_3241 PE=4 SV=1 - [B7FNY0_PHATC]	19,95	8,59%	2	2	2	29,9
B7G045	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41038 PE=4 SV=1 - [B7G045_PHATC]	19,8	5,85%	1	1	1	34,5
BSY3L9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46735 PE=4 SV=1 - [BSY3L9_PHATC]	19,76	5,52%	1	1	1	18,5
B7FV11	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44844 PE=4 SV=1 - [B7FV11_PHATC]	19,75	4,95%	1	1	2	47,5
B7G539	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47843 PE=3 SV=1 - [B7G539_PHATC]	19,73	4,10%	1	1	1	29,2
B7FXO9	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12107 PE=4 SV=1 - [B7FXO9_PHATC]	19,66	2,83%	1	1	2	50,7
B7FNV7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31620 PE=4 SV=1 - [B7FNV7_PHATC]	19,64	5,85%	1	1	1	20,8
B7GCV4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16499 PE=4 SV=1 - [B7GCV4_PHATC]	19,58	2,91%	1	1	1	41,7
B7G5G0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38283 PE=4 SV=1 - [B7G5G0_PHATC]	19,41	3,99%	1	1	1	43,7
B7GA40	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur subunit, mitochondrial OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SDH2 PE=3 SV=1 - [B7GA40_PHATC]	19,34	10,26%	2	3	4	31,2
B7G480	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47595 PE=4 SV=1 - [B7G480_PHATC]	19,24	1,64%	1	1	1	54
B7FZQ5	Tyrosine-tRNA ligase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_27323 PE=3 SV=1 - [B7FZQ5_PHATC]	19,14	6,35%	1	2	2	53,8
BSY477	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46924 PE=3 SV=1 - [BSY477_PHATC]	19,1	4,23%	1	1	1	21,5
B7FNV4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9199 PE=3 SV=1 - [B7FNV4_PHATC]	19,08	12,58%	2	2	2	17,2
B7GEL2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50589 PE=4 SV=1 - [B7GEL2_PHATC]	19,07	1,65%	1	1	1	75,2
B7FSJ0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_9983 PE=4 SV=1 - [B7FSJ0_PHATC]	18,96	6,50%	1	1	1	13,4
B7G4U2	Cleavage and polyadenylation specific factor OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_52285 PE=4 SV=1 - [B7G4U2_PHATC]	18,92	1,10%	1	1	1	108,4
B7FPB3	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_1794 PE=4 SV=1 - [B7FPB3_PHATC]	18,89	3,13%	1	1	1	55,7
B7G3C2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47425 PE=4 SV=1 - [B7G3C2_PHATC]	18,84	2,03%	1	1	1	46
B7FVW7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45848 PE=4 SV=1 - [B7FVW7_PHATC]	18,8	5,07%	1	1	1	29,8
B7G2R8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47178 PE=4 SV=1 - [B7G2R8_PHATC]	18,75	19,78%	1	3	3	19,7
A0T0E5	Iron-sulfur cluster formation ABC transporter ATP-binding subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SuIFC PE=4 SV=1 - [A0T0E5_PHATC]	18,71	7,54%	1	1	1	28,1
B7S454	UMP-CMP kinase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1367 PE=3 SV=1 - [B7S454_PHATC]	18,68	3,27%	1	1	1	27,2
B7G2U0	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_13602 PE=4 SV=1 - [B7G2U0_PHATC]	18,67	3,39%	1	1	1	69,3
B7G8E9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48802 PE=4 SV=1 - [B7G8E9_PHATC]	18,66	7,05%	1	1	1	16,4
B7G8C2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48778 PE=4 SV=1 - [B7G8C2_PHATC]	18,65	4,84%	1	1	1	38,3
B7FYNS	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12346 PE=4 SV=1 - [B7FYNS_PHATC]	18,63	2,70%	1	1	1	42,5
B7FUJ4	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_10912 PE=4 SV=1 - [B7FUJ4_PHATC]	18,6	5,76%	1	1	1	21,3
B7G786	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38930 PE=4 SV=1 - [B7G786_PHATC]	18,6	2,28%	1	1	1	34,3
B7FXT4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_35185 PE=4 SV=1 - [B7FXT4_PHATC]	18,58	4,02%	1	1	1	48,2
B7GB85	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49618 PE=4 SV=1 - [B7GB85_PHATC]	18,57	1,46%	1	1	1	101
B7FZL9	Amine oxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=POD1 PE=3 SV=1 - [B7FZL9_PHATC]	18,55	2,08%	1	1	1	69,2
B7G348	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47371 PE=4 SV=1 - [B7G348_PHATC]	18,26	0,45%	1	1	2	172,1
BSY3E3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46670 PE=4 SV=1 - [BSY3E3_PHATC]	18,21	6,30%	1	1	2	50,6
B7GDE2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23865 PE=4 SV=1 - [B7GDE2_PHATC]	18,08	1,81%	1	1	1	80,9
BSY5B2	Actin related protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ARP1 PE=3 SV=1 - [BSY5B2_PHATC]	18,05	6,91%	2	2	2	42,7
B7FJL2	Proteasome beta subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_51691 PE=4 SV=1 - [B7FJL2_PHATC]	18,01	6,67%	1	1	1	23,7
B7FQQ4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_17846 PE=4 SV=1 - [B7FQQ4_PHATC]	17,99	14,48%	2	2	2	16,5
B7G255	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47010 PE=4 SV=1 - [B7G255_PHATC]	17,95	1,77%	1	1	1	121,2
B7G8S0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48895 PE=4 SV=1 - [B7G8S0_PHATC]	17,93	3,69%	1	1	2	60,2

87G3H7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_21660 PE=3 SV=1 - [87G3H7_PHATC]	17,87	0,38%	1	1	1	267,5
87G2Q8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47168 PE=4 SV=1 - [87G2Q8_PHATC]	17,87	1,38%	1	1	1	171,5
87G9J2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_8113 PE=1 SV=1 - [87G9J2_PHATC]	17,87	14,56%	1	1	1	11,4
87G9U9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46329 PE=4 SV=1 - [87G9U9_PHATC]	17,76	3,75%	1	1	1	27,6
87FPL4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_31882 PE=4 SV=1 - [87FPL4_PHATC]	17,75	4,35%	1	1	1	29,9
87G703	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48402 PE=4 SV=1 - [87G703_PHATC]	17,68	4,62%	1	1	1	46,1
87FS00	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43360 PE=4 SV=1 - [87FS00_PHATC]	17,66	7,26%	1	1	2	27,4
87FW18	Peptidylprolyl isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_19690 PE=4 SV=1 - [87FW18_PHATC]	17,64	8,09%	1	1	1	18,5
87G054	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46126 PE=3 SV=1 - [87G054_PHATC]	17,62	7,32%	1	1	1	18,7
87G597	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47891 PE=4 SV=1 - [87G597_PHATC]	17,59	1,27%	1	1	1	96,8
87G2E2	Succinyl-CoA:3-ketoacid-coenzyme A transferase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_21350 PE=3 SV=1 - [87G2E2_PHATC]	17,58	6,10%	1	2	2	60,4
A0TDH9	SOS ribosomal protein L4, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrp4 PE=3 SV=1 - [87A0TDH9_PHATC]	17,56	5,12%	1	1	1	24,1
87S4E4	2-hydroxyacid dehydrogenase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd1469 PE=3 SV=1 - [87S4E4_PHATC]	17,55	9,90%	2	2	2	34,2
87FR38	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_25067 PE=4 SV=1 - [87FR38_PHATC]	17,54	4,59%	2	2	2	63,7
87G6P3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48306 PE=4 SV=1 - [87G6P3_PHATC]	17,51	1,56%	1	1	1	76,5
87GCC4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_40761 PE=4 SV=1 - [87GCC4_PHATC]	17,43	5,56%	1	1	4	16,3
87FVF4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44729 PE=4 SV=1 - [87FVF4_PHATC]	17,43	2,29%	1	1	2	74
87G4L3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47702 PE=4 SV=1 - [87G4L3_PHATC]	17,43	0,70%	1	1	1	112,9
87GEP6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Sec7C PE=4 SV=1 - [87GEP6_PHATC]	17,23	1,20%	1	2	3	202
87FQ48	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_17671 PE=4 SV=1 - [87FQ48_PHATC]	17,2	1,76%	1	1	1	45,1
87G050	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41268 PE=4 SV=1 - [87G050_PHATC]	17,16	4,28%	1	1	1	52,9
87FX38	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34932 PE=4 SV=1 - [87FX38_PHATC]	17,15	8,24%	1	1	1	18,9
87GAX8	ADP ATP carrier protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=NTT1 PE=3 SV=1 - [87GAX8_PHATC]	17,13	1,64%	1	1	1	65,7
87G8N9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_23429 PE=3 SV=1 - [87G8N9_PHATC]	17,07	5,69%	2	2	3	66,5
87G2V6	Transmembrane 9 superfamily member (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_33662 PE=3 SV=1 - [87G2V6_PHATC]	17,05	2,11%	1	1	1	65,6
85Y3U2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_36844 PE=4 SV=1 - [85Y3U2_PHATC]	17,05	2,88%	1	1	1	43
87G2W7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_37372 PE=4 SV=1 - [87G2W7_PHATC]	17,03	3,46%	1	1	1	30,9
87FTT2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44348 PE=4 SV=1 - [87FTT2_PHATC]	17,03	1,99%	1	1	2	111
85Y3Z5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46851 PE=4 SV=1 - [85Y3Z5_PHATC]	16,98	4,35%	1	1	1	33,7
87G9D7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49067 PE=4 SV=1 - [87G9D7_PHATC]	16,88	5,80%	1	2	2	52,6
87G092	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46160 PE=4 SV=1 - [87G092_PHATC]	16,84	2,69%	1	1	1	52,4
87G6E7	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=FbaCS PE=3 SV=1 - [87G6E7_PHATC]	16,72	2,99%	1	1	1	43,5
A0T0M4	Uncharacterized protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=ycf39 PE=4 SV=1 - [A0T0M4_PHATC]	16,68	3,76%	1	1	1	36,8
87G7W3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=AP2sigma PE=4 SV=1 - [87G7W3_PHATC]	16,59	4,61%	1	1	1	18,1
87G630	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_29340 PE=3 SV=1 - [87G630_PHATC]	16,49	2,40%	1	1	1	54,7
85Y4J7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_43856 PE=4 SV=1 - [85Y4J7_PHATC]	16,49	1,42%	1	1	1	109,5
87G8P5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48878 PE=4 SV=1 - [87G8P5_PHATC]	16,49	0,85%	1	1	2	128,7
87FPP5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42850 PE=4 SV=1 - [87FPP5_PHATC]	16,43	4,31%	1	1	1	52,4
87FVJ0	Small multidrug resistance protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44758 PE=4 SV=1 - [87FVJ0_PHATC]	16,43	5,31%	1	1	1	24,5
87FT89	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43727 PE=4 SV=1 - [87FT89_PHATC]	16,42	3,49%	1	1	1	34,8
87FT88	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43726 PE=4 SV=1 - [87FT88_PHATC]	16,33	6,25%	1	1	1	17,6
87S3R6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_bd291 PE=3 SV=1 - [87S3R6_PHATC]	16,3	1,74%	1	1	1	79,8
87FUZ0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_26363 PE=4 SV=1 - [87FUZ0_PHATC]	16,28	16,52%	1	2	2	25,1
85Y3G8	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_13511 PE=4 SV=1 - [85Y3G8_PHATC]	16,26	0,96%	1	1	1	102,2
87GQNS	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_43112 PE=4 SV=1 - [87GQNS_PHATC]	16,26	1,84%	1	1	3	81,2
87G0B7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_36080 PE=4 SV=1 - [87G0B7_PHATC]	16,22	3,31%	1	1	1	37,9
87G856	Peptidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_55100 PE=4 SV=1 - [87G856_PHATC]	16,1	7,02%	1	2	3	31,3
85Y4I9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_46872 PE=4 SV=1 - [85Y4I9_PHATC]	16,02	2,09%	1	1	1	70,6
87FQI2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41702 PE=3 SV=1 - [87FQI2_PHATC]	15,88	1,64%	1	1	1	71,6
87FWY8	Carotenoid isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CRISO4 PE=4 SV=1 - [87FWY8_PHATC]	15,87	2,01%	1	1	1	64,8
87GE55	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_41645 PE=3 SV=1 - [87GE55_PHATC]	15,79	5,42%	1	1	1	18,3
87FWV4	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_39699 PE=4 SV=1 - [87FWV4_PHATC]	15,76	1,59%	1	1	1	56
87FZV0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_46041 PE=4 SV=1 - [87FZV0_PHATC]	15,71	1,88%	1	1	1	69,5
87FRF1	Serine/threonine-protein phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_50645 PE=3 SV=1 - [87FRF1_PHATC]	15,66	8,43%	1	2	2	37,3
A0T0D4	SOS ribosomal protein S18, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrs18 PE=3 SV=1 - [A0T0D4_PHATC]	15,65	37,50%	1	1	3	8,1
87FX35	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45274 PE=4 SV=1 - [87FX35_PHATC]	15,64	2,49%	1	1	1	40,1
87FWA7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44924 PE=4 SV=1 - [87FWA7_PHATC]	15,59	2,83%	1	1	1	81,5
87FD22	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45976 PE=4 SV=1 - [87FD22_PHATC]	15,58	2,69%	1	2	2	82,2
87G8X8	Aliphatic amidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_54969 PE=4 SV=1 - [87G8X8_PHATC]	15,52	3,08%	1	1	1	39,5
87G0W1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_16537 PE=3 SV=1 - [87G0W1_PHATC]	15,49	54,44%	2	3	3	9,6
87FRP9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42555 PE=4 SV=1 - [87FRP9_PHATC]	15,36	1,04%	1	1	1	127,4
87GAS5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49302 PE=4 SV=1 - [87GAS5_PHATC]	15,34	0,95%	1	1	1	153
87FSQ7	Short-chain dehydrogenase/reductase acting with NAD or NADP as acceptor OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_25360 PE=3 SV=1 - [87FSQ7_PHATC]	15,33	3,06%	1	1	2	35,8
87G8G6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_49686 PE=4 SV=1 - [87G8G6_PHATC]	15,3	2,19%	1	1	1	74,1
A0TDI9	SOS ribosomal protein S11, chloroplast OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=rrs11 PE=3 SV=1 - [A0TDI9_PHATC]	15,29	10,00%	1	1	1	13,8
87G0W1	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_231 PE=4 SV=1 - [87G0W1_PHATC]	15,26	1,96%	1	2	2	112
87FWN3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_45159 PE=4 SV=1 - [87FWN3_PHATC]	15,24	2,49%	1	1	1	76,8
85Y542	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44024 PE=4 SV=1 - [85Y542_PHATC]	15,23	6,83%	1	1	1	23,1
85Y5X3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATR_44196 PE=4 SV=1 - [85Y5X3_PHATC]	15,19	1,11%	1	1	1	111,2
87FPV7	Protein pelota homolog OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_24748 PE=3 SV=1 - [87FPV7_PHATC]	15,1	5,08%	1	1	2	46,6
87FPQ3	Superoxide dismutase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=SOD2 PE=3 SV=1 - [87FPQ3_PHATC]	15,07	7,08%	1	1	1	24,8
87G674	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_48163 PE=4 SV=1 - [87G674_PHATC]	15,05	0,89%	1	1	1	85,1
87FNZ4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_42625 PE=4 SV=1 - [87FNZ4_PHATC]	15,04	1,93%	1	1	1	77,8
87FW81	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_44952 PE=4 SV=1 - [87FW81_PHATC]	15,03	2,70%	1	1	2	58
87FV01	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_34626 PE=4 SV=1 - [87FV01_PHATC]	15	4,53%	1	1	1	33,3
87G4B6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_47627 PE=4 SV=1 - [87G4B6_PHATC]	14,98	3,62%	1	1	1	54,1
87G012	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRRAFT_35973 PE=4 SV=1 - [87G012_PHATC]	14,93	4,10%	1	1	1	34,2

B7G397	Derlin OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=hDer1-2 PE=3 SV=1 - [B7G397_PHATC]	14,93	9,61%	1	1	1	30,3
B7G0G2	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_12577 PE=3 SV=1 - [B7G0G2_PHATC]	14,92	9,86%	2	2	2	32,8
B7GD8X	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_16911 PE=3 SV=1 - [B7GD8X_PHATC]	14,89	3,70%	1	1	3	42
B7GD7F	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50246 PE=4 SV=1 - [B7GD7F_PHATC]	14,87	1,70%	1	1	1	92,9
B7FW23	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45247 PE=4 SV=1 - [B7FW23_PHATC]	14,86	1,57%	1	1	1	56,7
B7GL2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48282 PE=4 SV=1 - [B7GL2_PHATC]	14,77	0,83%	1	1	1	165,1
B7FW08	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45178 PE=4 SV=1 - [B7FW08_PHATC]	14,75	2,96%	1	1	1	67,7
B7G6N9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48302 PE=4 SV=1 - [B7G6N9_PHATC]	14,74	4,37%	1	2	2	60,5
B7FYC7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45637 PE=4 SV=1 - [B7FYC7_PHATC]	14,73	9,63%	1	1	1	34,1
B7FTG4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43782 PE=4 SV=1 - [B7FTG4_PHATC]	14,64	5,58%	1	1	1	24,1
B7FWN4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45160 PE=4 SV=1 - [B7FWN4_PHATC]	14,63	0,95%	1	1	1	167,4
B7FTI0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_33660 PE=4 SV=1 - [B7FTI0_PHATC]	14,54	11,86%	1	3	3	27,8
B7FVJ9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44765 PE=4 SV=1 - [B7FVJ9_PHATC]	14,44	0,81%	1	1	1	147,7
B7FV51	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44822 PE=4 SV=1 - [B7FV51_PHATC]	14,42	3,75%	1	1	1	42,2
B7G1W7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46623 PE=4 SV=1 - [B7G1W7_PHATC]	14,38	1,44%	1	1	1	75,9
B7S3Y6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_bd1638 PE=4 SV=1 - [B7S3Y6_PHATC]	14,37	2,01%	1	1	1	59
B5Y503	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43990 PE=4 SV=1 - [B5Y503_PHATC]	14,33	5,43%	1	1	1	33,2
B7GEF4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_50541 PE=4 SV=1 - [B7GEF4_PHATC]	14,33	3,25%	1	1	1	54,4
B7GDU9	Protoporphyrinogen oxidase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PPO PE=3 SV=1 - [B7GDU9_PHATC]	14,28	2,12%	1	1	1	56,6
B7G9T9	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49205 PE=4 SV=1 - [B7G9T9_PHATC]	14,25	9,72%	2	2	2	22,9
B7G8D5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_48789 PE=4 SV=1 - [B7G8D5_PHATC]	14,21	1,33%	1	1	1	67,3
B7G2I6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_28359 PE=4 SV=1 - [B7G2I6_PHATC]	14,19	3,49%	1	1	2	25,6
B7GSJ6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47973 PE=4 SV=1 - [B7GSJ6_PHATC]	14,12	6,53%	1	1	1	22,6
B7FW38	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_11235 PE=4 SV=1 - [B7FW38_PHATC]	14,05	13,76%	1	1	1	11,7
B7GCC6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_40901 PE=3 SV=1 - [B7GCC6_PHATC]	14,01	4,20%	1	1	1	45,7
B7GB63	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49600 PE=4 SV=1 - [B7GB63_PHATC]	14	1,23%	1	1	1	79,4
B7G5L2	Replication protein a large 70 kD subunit OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=RP1A PE=4 SV=1 - [B7G5L2_PHATC]	13,99	2,15%	1	1	1	66,6
B7G9I2	DNA-directed RNA polymerase subunit (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15555 PE=3 SV=1 - [B7G9I2_PHATC]	13,99	0,76%	1	1	1	187,1
B7GBU1	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49766 PE=4 SV=1 - [B7GBU1_PHATC]	13,98	0,66%	1	1	1	198
B7GD90	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_23833 PE=4 SV=1 - [B7GD90_PHATC]	13,89	5,22%	1	1	1	27,7
B7G696	Serine/threonine-protein phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22247 PE=3 SV=1 - [B7G696_PHATC]	13,82	3,58%	1	1	1	40,4
B7FZ92	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45947 PE=3 SV=1 - [B7FZ92_PHATC]	13,8	2,73%	1	1	1	41,8
B7G5S0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_38394 PE=3 SV=1 - [B7G5S0_PHATC]	13,79	8,70%	1	2	3	29
B7FSJ4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43532 PE=4 SV=1 - [B7FSJ4_PHATC]	13,76	2,07%	1	1	1	82,3
B7GE80	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_41470 PE=4 SV=1 - [B7GE80_PHATC]	13,74	5,74%	1	1	1	37
B7FPS3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42848 PE=3 SV=1 - [B7FPS3_PHATC]	13,68	3,95%	1	1	1	42,9
B7G4Q8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47739 PE=4 SV=1 - [B7G4Q8_PHATC]	13,68	0,70%	1	1	1	178,1
B7GAH4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_49405 PE=4 SV=1 - [B7GAH4_PHATC]	13,67	5,06%	1	1	1	46,6
B7GBL4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_22803 PE=4 SV=1 - [B7GBL4_PHATC]	13,55	1,64%	1	1	1	68,2
B5Y4S4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43922 PE=4 SV=1 - [B5Y4S4_PHATC]	13,55	1,03%	1	1	1	105,7
B7FWD2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45070 PE=4 SV=1 - [B7FWD2_PHATC]	13,55	1,93%	1	1	1	63,3
B5Y3S5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36828 PE=3 SV=1 - [B5Y3S5_PHATC]	13,43	6,48%	1	1	1	35,2
B7FY95	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45609 PE=4 SV=1 - [B7FY95_PHATC]	13,43	1,65%	1	1	1	46,1
B7G8F7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39363 PE=4 SV=1 - [B7G8F7_PHATC]	13,42	5,19%	1	1	1	48,3
B7FV07	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=MYT1 PE=4 SV=1 - [B7FV07_PHATC]	13,41	1,90%	1	1	2	120,2
B5Y3J0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_46706 PE=4 SV=1 - [B5Y3J0_PHATC]	13,39	2,69%	1	1	1	36,7
B7FT02	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_32916 PE=4 SV=1 - [B7FT02_PHATC]	13,36	3,17%	1	1	1	27,9
B7FPX0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31991 PE=4 SV=1 - [B7FPX0_PHATC]	13,34	4,09%	1	1	1	30,2
B7FXV4	Carotenoid isomerase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=CRISO1 PE=4 SV=1 - [B7FXV4_PHATC]	13,33	4,58%	1	2	2	68,1
B7FZK6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45728 PE=4 SV=1 - [B7FZK6_PHATC]	13,32	2,72%	1	1	1	36,9
B7G6H6	Predicted protein (Fragment) OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_14688 PE=4 SV=1 - [B7G6H6_PHATC]	13,25	1,74%	1	1	1	44,8
B7G990	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_39650 PE=4 SV=1 - [B7G990_PHATC]	13,22	3,22%	1	1	1	52,6
B7FQ11	Glycerol 3-phosphate dehydrogenase [NAD(+)] OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_8975 PE=3 SV=1 - [B7FQ11_PHATC]	13,22	4,57%	1	1	1	37,3
B7G957	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_15844 PE=4 SV=1 - [B7G957_PHATC]	13,18	8,33%	1	1	1	13,8
B7FQ98	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_42993 PE=4 SV=1 - [B7FQ98_PHATC]	13,15	1,47%	1	1	1	103,3
B7G0L4	Phosphatase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_36257 PE=4 SV=1 - [B7G0L4_PHATC]	13,09	1,56%	1	1	1	94,1
B7FPL0	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_31878 PE=4 SV=1 - [B7FPL0_PHATC]	13,08	5,10%	1	1	1	18,9
B7G2Z7	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47334 PE=4 SV=1 - [B7G2Z7_PHATC]	13,06	2,86%	1	1	1	40,9
B7G3P3	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47243 PE=4 SV=1 - [B7G3P3_PHATC]	13,03	1,76%	1	1	1	96
B7FV51	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_19513 PE=4 SV=1 - [B7FV51_PHATC]	13,01	4,46%	1	1	1	76,4
B7FX70	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_34964 PE=4 SV=1 - [B7FX70_PHATC]	13,01	3,82%	1	1	1	72,4
B7FRX2	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43339 PE=4 SV=1 - [B7FRX2_PHATC]	13,01	11,06%	1	1	4	44,2
B5Y5W8	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_43791 PE=4 SV=1 - [B5Y5W8_PHATC]	13,01	11,36%	1	1	1	29,7
B7FVR5	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_44818 PE=4 SV=1 - [B7FVR5_PHATC]	13,01	2,89%	1	1	1	85,8
B7FYI4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_45682 PE=4 SV=1 - [B7FYI4_PHATC]	13,01	3,00%	1	1	3	69,4
B7G271	Albamine racemase OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47025 PE=3 SV=1 - [B7G271_PHATC]	13,01	4,23%	1	1	3	76,1
B7G2X6	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=PHATRDRAFT_47231 PE=4 SV=1 - [B7G2X6_PHATC]	13,01	2,21%	1	1	1	163,2
B7G1M4	Predicted protein OS=Phaeodactylum tricornutum (strain CCAP 1055/1) GN=Alpha-fucosyltransferase PE=3 SV=1 - [B7G1M4_PHATC]	13,01	4,16%	1	1	1	56,2