

T.C.
AHI EVRAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**ARPADA AĞ BENEK LEKE HASTALIĞINA NEDEN
OLAN *Drechslera teres f. maculata* FUNGUSUNUN MİSEL
PROTEOM PROFİLLEMESİ**

Mahmut EMİR

YÜKSEK LİSANS TEZİ
KİMYA ANABİLİM DALI

KIRŞEHİR 2016

T.C.
AHI EVRAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**ARPADA AĞ BENEK LEKE HASTALIĞINA NEDEN
OLAN *Drechslera teres f. maculata* FUNGUSUNUN MİSEL
PROTEOM PROFİLLEMESİ**

Mahmut EMİR

YÜKSEK LİSANS TEZİ
KİMYA ANABİLİM DALI

DANIŞMAN
Doç. Dr. Aslıhan GÜNEL

KIRŞEHİR 2016

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürlüğü'ne

Bu çalışma jürimiz tarafındanAnabilim Dalında YÜKSEK LİSANS
TEZİ / DOKTORA TEZİ olarak kabul edilmiştir.

Başkan(İmza)
Akademik Ünvanı, Adı-Soyadı

Üye.....(İmza)
Akademik Ünvanı, Adı-Soyadı

Üye.....(İmza)
Akademik Ünvanı, Adı-Soyadı

Üye.....(İmza)
Akademik Ünvanı, Adı-Soyadı

Üye.....(İmza)
Akademik Ünvan, Adı-Soyadı

Onay

Yukarıdaki imzaların, adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

.../.../2016

Prof. Dr. Levent KULA
Enstitü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Mahmut EMİR



ARPADA AĞ BENEK LEKE HASTALIĞINA NEDEN OLAN *DRECHSLERA TERES F. MACULATA* FUNGUSUNUN MİSEL PROTEOM PROFİLLEMESİ

Yüksek Lisans Tezi

Mahmut EMİR

Ahi Evran Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü

EYLÜL 2016

ÖZET

Buğdaydan sonra en önemli tahıl olan arpa üretim miktarında Türkiye dünya ülkeleri arasında FAO verilerine göre 8. sırada yer almaktadır. Üretim miktarını ve verimi etkileyen faktörler arasında tarıma ayrılan alanların erozyon, kuraklık gibi çeşitli nedenlerle azalması, kullanılan tohumlar hakkında çiftçilerin yeterli bilgiye sahip olmaması, hastalıklara dayanıklı ve sertifikalı tohum kullanımının azlığı ve çeşitli biyotik ve abiyotik faktörler sayılabilir. Verimi etkileyen biyotik faktörlerin başında fungal hastalıklar gelmektedir. *Drechslera teres* etmeninin iki biyotipi bulunmaktadır. *Drechslera teres f. teres* ağ tipi ve *Drechslera teres f. maculata* nokta tipi belirtiler oluşturmaktadır. Ülkemizde iki biyotip de görülmekte olup nokta formu daha yaygın olarak görülmektedir.

Bu çalışmada *in vitro* olarak geliştirilen *Drechslera teres f. maculata* patojeninin yüksek virülens izolatu (GPS 79) nın miselyum proteom profilini elde etmeyi amaçladık. Bu amaçla jel bazlı proteomik yaklaşım kullanıldı. İzolat miselyumundan total protein ekstraksiyonu yapıldıktan sonra 2-DE yöntemi ile pH 4-7 gradyentinde proteinlerin ayrımı gerçekleştirildi. 932 protein spotu belirlendi ve protein spotları jelden kesilip tripsin ile muamele edildikten sonra oluşturulan triptik peptidlerin nano-LC-MS/MS ile 108 spota ait protein profili çıkarıldı.

Sonuç olarak 108 spota karşılık 158 protein tanımlandı, dört spot veritabanındaki proteinlere hit vermedi. Tanımlanan proteinlerin % 94'ü hipotetik protein %61'i sitozolik proteindir. **Tanımlanan 108 spottan 12 spota karşılık 10 tek protein sinyal peptid içermekte ve ekstraselüler proteinlerdir. Bu proteinlerden 1 tanesi transit peptid içermektedir. Bu proteinler patojenin virülensliğinden sorumlu aday efektör proteinler olma özelliğindedirler.**

Bilim Kodu:

Anahtar Kelimeler: Proteomiks, ağ benek leke hastalığı, 2-DE, *Drechslera teres* f. *maculata*, arpa

Sayfa Adedi: 164

Tez Yöneticisi: Doç. Dr. Aslıhan GÜNEL



**PROTEOME PROFILING OF *DRECHSLERA TERES* F. *MACULATA*, THE
CAUSAL AGENT OF NET BLOTCH DISEASE OF BARLEY**

(Master's Thesis)

Mahmut EMİR

Ahi Evran University, Institute of Science

SEPTEMBER 2016

ABSTRACT

Barley is the second most important crop after wheat, in Turkey. According to FAO statistics Turkey is among the top 8 countries. Various biotic and abiotic stresses, limited use of certified seeds and disease resistant cultivars, limited knowledge about the seeds by farmers, decrease of land suitable for barley cropping due to erosion and drought affect the barley production and quality. Fungal diseases are the most important diseases affecting barley yield.

Net blotch disease caused by *Drechslera teres* is an important disease of barley. The fungus has two biotypes. *Drechslera teres* f. *teres* forms net type symptoms and *Drechslera teres* f. *maculata* forms spot type symptoms. Both forms are present in Turkey, however, spot form is more common.

In this study, we aimed to obtain proteome profile of *Drechslera teres* f. *maculata* isolate high virulence GPS 79. Gel based proteomics approach was applied. Total protein extraction was performed by phenol-SDS method. Extracted protein was separated using 2-DE. 932 protein spots common within the biological replicates treated with trypsin. Tryptic peptides belonging to 108 spots were analyzed with nano-LC-MS/MS.

As a result of 158 proteins were identified against 108 spots four spots did not give any hit the protein in database, 94% of identified proteins are hypothetical. 61% of these are predicted as cytosolic proteins. **For we predicted 10 unique proteins belonging to 12 spots are predicted as extracellular protein and they have signal peptides so these proteins are effector can the date proteins that are responsible from virulency of pathogen.**

Science Code: Proteomics, net blotch disease, 2-DE, *Drechslera teres* f. *maculata*, barley

Number of Pages: 164

Thesis Advisor: Assoc. Prof. Dr. Aslıhan GÜNEL



TEŞEKKÜR

Yüksek lisans çalışmam sırasında bilimsel katkıları ile bana birçok konuda yardımcı olan, bu çalışmayı bana vererek kendimi geliştirmeme imkân sağlayan, fikirlerinden ve tecrübelerinden yararlanırken göstermiş olduğu sabrından ve hoşgörüsünden dolayı değerli danışman hocam Doç. Dr. Aslıhan GÜNEL'e teşekkür ederim. Bunun yanı sıra yüksek lisans eğitimim süresince bilgisinden faydalandığım kimya bölümündeki diğer değerli öğretim üyelerine teşekkür ederim.

Laboratuvardaki çalışmalarım sırasında benden yardımlarını esirgemeyen arkadaşlarım Şükrü MERAL, Mehmet Rifat TÜRK, Merve ÇETİNTÜRK ve Ali Cem KARAKUŞ'a teşekkür ederim.

Tez çalışmam süresince GPS 79 izolatının devamlılığını sağlayan Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma bölümünden değerli hocalarım Prof. Dr. Aziz KARAKAYA ve Araş. Gör. Dr. Arzu ÇELİK OĞUZ'a teşekkür ederim.

İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü (İYTE) Kimya Bölümünden Prof. Dr. Talat YALÇIN ve ekibine teşekkür ederim.

LC-MS/MS çalışmalarındaki önemli desteğinden dolayı Dr. Christoph RAMPISTCH'e teşekkür ederim.

Bugünlere gelmemde en büyük pay sahibi olan maddi ve manevi fedakârlıkları ile her zaman yanımda olan ve bana inanan değerli aileme, özellikle meslektaşım kardeşim Sedat EMİR'e ve dostluğu ile hep yanımda olan sevgili arkadaşlarıma teşekkürlerimi sunarım.

Bu tezin gerçekleşmesinde finansal destek sağlayan TÜBİTAK'a (proje no:114Z084 no'lu 3001 PROJESİ) teşekkür ederim.

Bu çalışma Ahi Evran Üniversitesi PYO birimi tarafından PYO-FEN.4003.14.002- proje numarası ile desteklenmiştir. Desteklerinden dolayı teşekkür ederim.

Mahmut EMİR

İÇİNDEKİLER

TEZ BİLDİRİMİ	ii
ÖZET	iii
ABSTRACT	v
TEŞEKKÜR	viii
İÇİNDEKİLER	viii
TABLoların LİSTESİ	x
ŞEKİLLERİN LİSTESİ	xii
EKLERİN LİSTESİ	xiii
SİMGELER VE KISALTMALAR	xivv
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI	3
2.1. Ağ Benek Leke Hastalıkları	5
2.1.1. Proteom ve Proteomik	8
2.1.1.1. Proteomiks ve Fungus Proteomu.....	8
3. MATERYAL VE YÖNTEM	17
3.1. Tek İzolat Eldesi	17
3.1.1. Fungusun İzolasyonu ve Tek Spor Elde Edilmesi	17
3.1.2. Patojenisite Testlerinin Yapılması ve Yüksek Virülenslik Gösteren İzolatın Seçilmesi.....	17
3.1.3. <i>Drechslera teres f. maculata</i> Fungusunun Çoğaltılması	18
3.1.4. Misellerden Total Protein Ekstraksiyonu	19
3.2. Total Proteinin Ayrılması	22
3.2.1. İki Boyutlu Jel Elektroforezi.....	22
3.2.1.1. İzoelektrik Odaklama (1. Boyut)	22
3.2.1.2. SDS-PAGE (2. Boyut).....	24
3.2.2. Jel Görüntülerinin Elde Edilmesi.....	26
3.3. Kütle Spektrometrisi Analizi	27
3.3.1. Jelde Tripsin İle Kesim	27
3.3.2. LC-MS/MS Analizi	29
3.4. Biyoinformatik Analizler	30
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	31

5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	73
KAYNAKLAR.....	74
EKLER:.....	81
ÖZGEÇMİŞ.....	164



TABLO LİSTESİ

Tablo 1. Genomu Dizilenen Bitki Fungusları	10
Tablo 2. IEF Koşulları.....	23
Tablo 3. Gradient Jel Çözeltisi Hazırlanışı	24
Tablo 4. GPS 79 İzolatından Misel Protein Ekstraksiyonunda Kullanılan Petri Sayıları ve Misel Miktarları	32
Tablo 5. GPS 79 İzolatının Her Bir Biyolojik Tekerrürden Elde Edilen Protein Konsantrasyonu.....	32
Tablo 6. <i>Dechslerea teres f.maculata</i> GPS 79 İzolatı Proteom Profili	36
Tablo 7. Tanımlanan Proteinlere Ait Domain Bilgisi	59



ŞEKİL LİSTESİ

Şekil 1.1. Dünyada arpa üretimi	1
Şekil 2.1. Nekrotrof, biyotrof ve hemibiyotrof fungus stratejileri	4
Şekil 2.1.1. Ağ Benek Leke Hastalığı Yaprak Üzerinde Görünümü	6
Şekil 2.1.2. <i>Drechslera teres f. teres</i> ve <i>Drechslera teres f. maculata</i> 'nın yaşam döngüsü	6
Şekil 3.1.2.1. Hastalık etmeninin nokta formu için geliştirilen Tekauz skalası.....	18
Şekil 3.1.3.1 PDA üzerinde petrilere büyümeye bırakılan GPS 79 <i>Drechslera teres f. maculata</i> fungusu.....	19
Şekil 3.1.4.1. Misel örneklerinden protein ekstraksiyonu	19
Şekil 3.1.4.2. Bradford Protein tayin standart grafiği	21
Şekil 3.2.1.1.1. Proteinlerin rehidrate edilmesi (örnekli pasif rehidrasyon).....	22
Şekil 3.2.1.1.2. IPGfor 3'te IEF işlemi	23
Şekil 3.2.1.2.1. Gradient Jel Dökme Sistemi	25
Şekil 3.2.1.2.2. Elektroforez Düzenegi	25
Şekil 3.2.2.1. Jellerden spotların kesilmesi ve saklanması	26
Şekil 3.3.1.1. Speed vakum konsantratör (vakumlu santrifüj) cihazı	27
Şekil 4.1. <i>Drechslera teres f. maculata</i> tek spor profili	31
Şekil 4.2. <i>Drechslera teres f. maculata</i> GPS 79 izolatına ait proteom profili.....	33
Şekil 4.3. pH 4-7 GPS 79 biyolojik ve teknik tekrarların imaj analizi	34
Şekil 4.4. Teknik tekrarların imaj analizi sonucu numaralandırılan master jel görüntüsü.....	35
Şekil 4.5. <i>Drechslera teres f. maculata</i> GPS 79 izolatu proteom hücre yerleşimleri. 58	
Şekil Ek 2.1. (a) 1. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 1. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 1. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar.....	159
Şekil Ek 2.2. (a) 2. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 2. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 2. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar.....	160
Şekil Ek 2.3. (a) 3. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 3. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 3. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar.....	161
Şekil Ek 2.4. (a) 4. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 4. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 4. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar.....	162

Şekil Ek 2.5. (a) 5. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 5. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 5. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar..... 163



EKLER LİSTESİ

Ek 1. Dechslerea teres f.maculata Fungusu GPS 79 İzolatına Ait Proteom Dizi Bilgisi.....	81
Ek 2. GPS 79 Biyolojik Tekrar ve Teknik Tekrar Jel Görüntüleri.....	159

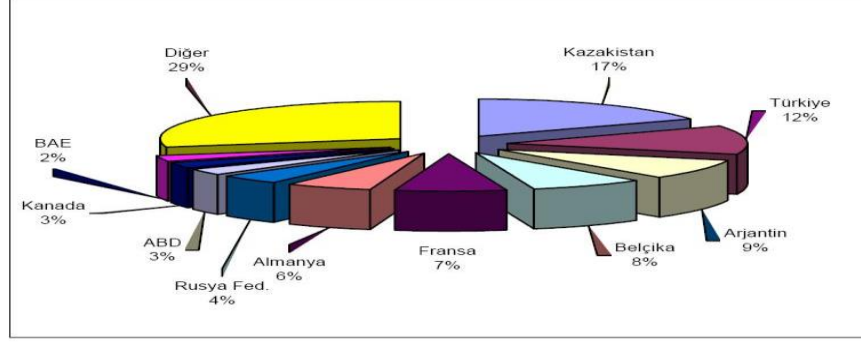


SİMGELER VE KISALTMALAR

<u>Simgeler</u>	<u>Açıklama</u>
ACN	:Asetonitril
APS	:Amonyum persülfat
CBB	:Commassia Brilliant Blue
CHAPS	:(3-[(3-Kolamidopropil)dimetilamino]-1-propansülfonat)
DTT	:1,4-Ditiyotreitol
HCl	:Hidroklorikasit
IAA	:2-iyodoasetamid
IEF	:İzoelektrik odaklama (Isoelectric focusing)
PDA	:Patato Dekstroz Agar
pI	:İzoelektrik nokta
PMSF	:Fenil metilsülfonil florür
PVPP	:Poli(vinilpoli) pirrolidon
SDS	:Sodyum Dodesil Sülfat
TCA	:Trikloro asetikasit
TEMED	:Tetrametiletilendiamin
TFA	:Trifloro asetikasit
UV	:Ultraviyole
v/v	:Hacim/Hacim
w/v	:Ağırlık/Hacim
μ L	:Mikrolitre
μ M	:Mikromolar
2-DE	:İki boyutlu elektroforez

1. GİRİŞ

Arpa dünyada üretimi buğdaydan sonra en fazla olan tahıllardandır. Ekonomik önemi açısından ise mısır, buğday ve pirinçten sonra dördüncü sırada yer almaktadır. Türkiye arpa üretiminde dünya sıralamasında 7.600.000 tonluk üretimi ile 8. sırada yer almaktadır (FAOSTAT 2011, <http://faostat.fao.org>).



Şekil 1.1. Dünyada arpa üretimi. FAOSTAT 2011, <http://faostat.fao.org>

Arpada verim kaybına neden olan en önemli hastalıklar arasında üst sıralarda fungal hastalıklar yer almakta ve bu hastalıklar arpada kök, yaprak, başak veya sap kısımlarını etkilemektedirler. Funguslar fungusun yaşamını idame ettirebilmesi için konağa ihtiyaç duyup duymamasına göre biyotrof, nekrotrof ve hemibiyotrof şeklinde sınıflandırılabilir. Dolayısı ile tahıllarda en çok görülen pas ve külleme hastalıklarına neden olan funguslar zorunlu biyotroftan ağ benek leke hastalığı, kurşuni küf hastalığı, başak yanıklığı hastalığı gibi hastalıkların etmenleri nekrotrofturlar. Türkiye'de en sık rastlanan ve önemli ürün kayıplarına neden olan arpa fungal hastalıkları külleme, yaprak lekesi, ağ benek leke hastalığı, kök çürüklükleri hastalıkları ve pas hastalıklarıdır.

Arpa üreticisi ülkelerde ekonomik olarak en önemli arpa hastalıklarından olan ağ benek leke hastalığı *Drechslera teres* fungusu tarafından meydana getirilmektedir. Etmenin iki formu bulunmaktadır. *Drechslera teres* f. *teres* ağ tipi belirtiler *Drechslera teres* f. *maculata* ise nokta tipi belirtiler meydana getirmektedir (Shipton vd. 1973; Mathre 1997; McLean vd. 2009). Bu hastalıklardan kaynaklanan ürün kayıpları %40'ları bulmakta hatta uygun iklim koşulları gerçekleştiğinde bu kayıplar %100'lere ulaşmaktadır (Douiyyssi vd.1998; Mathre 1997). Bununla beraber çoğu bölgelerde yeterli survey çalışmaları olmadığından net kayıplar tam olarak bilinmemektedir. Ağ benek leke hastalıkları Avrupa, Kanada, Güney Afrika, ABD ve

Akdeniz Bölgesinde oldukça ciddi bir problem oluşturmaktadır (Tekauz ve Buchannon, 1977; Khan ve Tekauz, 1982; Karki ve Sharp, 1986; Louw vd. 1995).

Drechslera patojeninin iki formu olan *Drechslera teres* f. *teres* ve *Drechslera teres* f. *maculata* formları yaprak üzerindeki belirtileri açısından farklıdırlar. *Drechslera teres* f. *teres* ağ şeklinde, uzun koyu kahverengi lekeler ve bunlara eşlik eden sararma (kloroz) belirtileri oluşturur. *Drechslera teres* f. *maculata* ise sarı bir hale ile çevrilmiş oval şekilli küçük lezyonlar oluşturmaktadır (Smedegard-Petersen, 1977). Yapılan genetik çalışmalar ve eşleştirilenin ardından yapılan gen dizilemeleri bu iki formun birbirleri ile yakın ilişkili olduğunu belirtse de bu iki formun birbirinden genetik olarak uzak ve filogenetik olarak da birbirinden bağımsız oldukları çoklu çalışmalarla gösterilmiştir (Liu vd., 2011).

Hastalık belirtileri olan kahverengi lekelerin ana nedeni fungusun ürettiği protein yapılı toksinlerdir. Sararmaların (kloroz) nedeni ise yine fungus kaynaklı düşük molekül ağırlıklı maddelerdir -ki bu maddelerin bir kısmı Toksin A ve Toksin C örneklerinde olduğu gibi N-(2-amino-2-karboksi etil) aspartik asid ve N-[2-(2-amino-2-karboksietil-amino)-2-karboksietil] aspartik asit gibi amino asit türevi maddeler (Bach vd. 1979; Friis ve Moller, 1991) yada prenilinler gibi maddedir. Bu maddelerin bir diğeri Sarpeleh vd. (2009) tarafından *Drechslera teres* kültür filtratlarından izole edilen Aspergillomarasmin B ve Toksin A ile fenilalaninin keto asit formunun konjugasyon ürünü olan düşük moleküler ağırlıklı maddeler olarak tanımlanan UV ışığı absorblayan toksindir.

Literatür incelendiğinde hastalığın nokta formuna neden olan *Drechslera teres* f. *maculata* fungusu hakkındaki moleküler çalışmalar arasında her iki form etmeninin SSH yöntemi ile savunma cevabında etkin olan 45 genin farklılaştığını Bogacki ve arkadaşları (2008) tarafından bulunmuştur. Hastalığın ağ tipine neden olan *Drechslera teres* f. *teres* 'in ürettiği protein bazlı toksinlerin bazıları (İsmail vd.2014) tarafından tanımlanmıştır fakat nokta formu etmeni olan *Drechslera teres* f. *maculata* için böyle bir proteomiks çalışması ne misel proteomu ne de sekretom profili olarak mevcut değildir. Bu çalışma kapsamında tanımlanan 158 proteine karşılık 127 tek proteinin 10 tanesi sinyal peptid içermekte ve bu proteinler ekstrasellüler özellikte olup aday efektördürler. Yani patojenin virülensliği ve patojenisite mekanizmaları hakkında önemli bilgi sağlayıcı moleküllerdir.

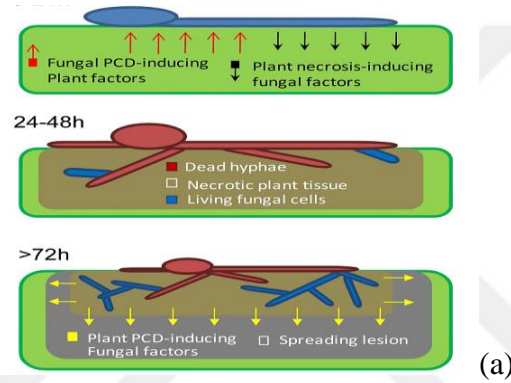
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Bitkide hastalık yapan funguslar parazitlik özelliklerine ve enfeksiyon stratejilerine göre; sınıflandırılırlar.

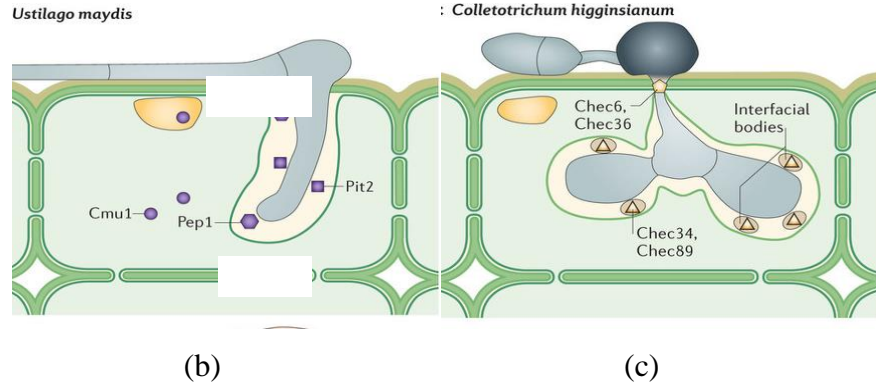
Nekrotrofik patojenler obligat olmayan parazitler olarak adlandırılırlar. Birçok bitki patojeni nekrotrofik mantar olarak sınıflandırılır. Bunlar konukçusunun hücrelerini öldürür ve onlarla beslenirler bu amaçla liziz enzimlerinin çok farklı çeşitlerini salgırlar (Schafer, 1994). Nekrotrofik mantarlar, hücredeki enzimleri hedef alan toksik maddeleri sentezleyerek hücrenin ölümüne yol açar ve ölü hücrenin içeriğini metabolize ederler. Bu mantarlar genellikle saprofitler ve yaşayan bir konukçu bulunmaması durumunda, sclerotia, spor ya da miseller oluşturarak ölü bitki dokusu içerisinde yaşarlar, fırsat bulduklarında ise, bu mantarlar parazite dönüşür ve bitkiyi öldürür ve ardından bu ölü bitki dokuları ile beslenirler. Nekrotrofiklerin ürettiği ikincil metabolitler, duyarlı konukçu hücreler için zehirlidir. Nekrotrofik patojenler genellikle konak spesifik değildirler geniş bitki çeşitlerinde hastalık oluştururlar (Lucas 1998)

Biyotrofik patojenler, bazen obligat parazitler olarak adlandırılırlar (Scott, 1972). Bunlar canlı hücreye gereksinim duyarlar. Biyotrofik patojenlerin çoğunluğu oldukça yüksek oranda özgün konukçuya gereksinim duyar yani belirli bitki türlerinde etkindirler (Lewis, 1973; Lucas, 1998). Özellikle bitkilerin organlarına saldırır ve bütün besinlerini konaklarından sağlarlar, bitkiden besini sağlamak amacıyla çeşitli infektör yapılar oluştururlar (Gay 1984; Mendgen vd. 2000). Patojenin yaşam koşullarına ve stratejilerine bağlı olarak haustoria oluşması için gerekli süre değişkendir. Örneğin; arpada külleme hastalığına neden olan *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* için haustoria oluşumu enfeksiyonu müteakip 15-18 saat içinde başlar (Eichmann ve Huckelhoven 2008). Bitki dokularını istila ederler, ancak onları öldürmezler veya aşamalı olarak yavaş yavaş öldürürler. Böylelikle sürekli besin sağlamayı garantiye almış olurlar. Bu patojenler, konukçu hücrelerine gelişme dönemlerinin sonunda zarar verirler Nekrotrofiklerden farklı olarak, biyotrofik mantarlar enfekte ettikleri hücrenin metabolizmasını, kendi gelişme ve üremelerini kolaylaştıracak şekilde değiştirirler ve salgıladıkları liziz edici enzimler sınırlı çeşit ve miktarlardadır (Cooper, 1984; Lewis,1973; Mendgen and Hahn, 2002).

Hemibiyotrofik patojenler, mikoparazitizmin erken döneminde konağa fazla zarar vermemektedirler. Ancak parazitizmin ileri aşamalarında bitkiyi öldürürler. Bu yaşam stratejisine sahip olduğu anlaşılan ilk patojenik bitki mantarları *Colletotrichum* türlerinden soya fasulyesinde antraknoz hastalığına neden olan *Colletotrichum lindemuthianum* ve Patateste geç yanıklık (late blight) hastalığının etkeni olan *Phytophthora infestans* gibi mantarlardır. Hemibiyotrofik mantarlar, bir süre biyotrofik olarak yaşamını sürdürdükten sonra aniden nekrotrofik safhaya geçer ve bitkinin ölümüne neden olurlar. Yine çalışmamızda proteom haritasını çıkardığımız *Drechslera teres* f. *maculata* patojeni de hemibiyotrof bir patojendir. (Lightfoot, D.J., Able, A.J. 2010)



(Shlezinger vd.2011)PL OS Pathogens



(Giraldo ve Valent 2013) Nature Reviews

Şekil 2.1. Nekrotrof, biyotrof ve hemibiyotrof fungus stratejileri (a) gri küf hastalığına neden olan nekrotrofik patojen *Botrytis cinerea* (b) Mısırdaki sarı pas etkeni biyotrof *Ustilago maydis* (c) Turpgiller ailesinden bitkilerde antraknoza neden olan hemibiyotrof patojen *Colletotrichum higginsianum*

2.1. Ağ Benek Leke Hastalıkları

Arpa üretiminde kalite ve kantitenin azalmasında arpa ekim alanlarının erozyon gibi çevresel faktörlerden dolayı azalmasının yanı sıra çiftçilerin sertifikalı ve hastalıklara dayanıklı tohum kullanma oranının düşük olması da etkilidir. Çeşitli bakterilerin, fungusların, virüslerin ve nematodların neden olduğu hastalıklar verimi önemli ölçüde etkileyen faktörlerin başında yer almaktadır. Arpada verim kaybına neden olan en önemli hastalıklar arasında üst sıralarda fungal hastalıklar yer almakta ve bu hastalıklar arpada kök, yaprak, başak veya sap kısımlarını etkilemektedirler.

Türkiye'de en sık rastlanan ve önemli ürün kayıplarına neden olan arpa fungal hastalıkları yaprak lekesi, ağ benek leke hastalığı, kök çürüklükleri, külleme hastalıkları ve pas hastalıklarıdır.

Arpa üreticisi ülkelerde ve ülkemizde ekonomik olarak önemli arpa hastalıklarından olan ağ benek leke hastalığı *Drechslera teres* fungusu tarafından meydana getirilmektedir. Etmenin iki formu bulunmaktadır. *Drechslera teres* f. *teres* ağ tipi belirtiler *Drechslera teres* f. *maculata* ise **nokta** tipi belirtiler meydana getirmektedir (Shipton vd. 1973; Mathre, 1997; McLean vd. 2009). Bu hastalıklardan kaynaklanan ürün kayıpları %40'ları bulmakta hatta uygun iklim koşulları gerçekleştiğinde bu kayıplar %100'lere ulaşmaktadır (Douiyyssi vd.1998; Mathre, 1997). Bununla beraber çoğu bölgelerde yeterli survey çalışmaları olmadığından net kayıplar tam olarak bilinmemektedir.

Drechslera patojeninin iki formu olan *Drechslera teres* f. *teres* ve *Drechslera teres* f. *maculata* formları yaprak üzerindeki belirtileri açısından farklıdır. *Drechslera teres* f. *teres* ağ şeklinde, uzun koyu kahverengi lekeler ve bunlara eşlik eden sararma (kloroz) belirtileri oluşturur. *Drechslera teres* f. *maculata* ise sarı bir hale ile çevrilmiş oval şekilli küçük lezyonlar oluşturmaktadır (Şekil 2.1.1 (b)) (Smedegard-Petersen, 1977). Yapılan genetik çalışmalar ve eşleştirmenin ardından yapılan gen dizilemeleri bu iki formun birbirleri ile yakın ilişkili olduğunu belirtse de bu iki formun birbirinden genetik olarak uzak ve filogenetik olarak da birbirinden bağımsız oldukları çoklu çalışmalarla gösterilmiştir (Liu vd. 2011).

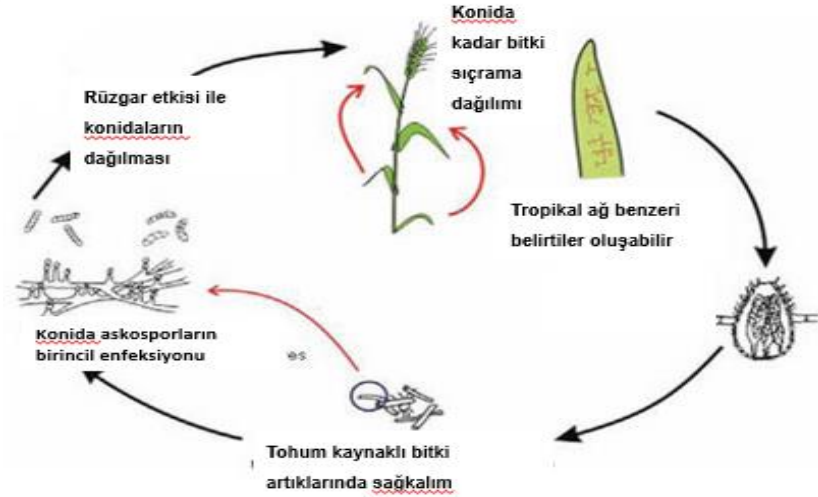


(a)

(b)

Şekil 2.1.1. (a)Net form ağ benek leke hastalığı. (*Drechslera teres* f. *teres*)
(b)Nokta form ağ benek leke hastalığı.(*Drechslera teres* f. *maculata*)

Ayrıca nokta formu ağ benek leke hastalığına neden olan *Drechslera teres* f. *maculata* fungusunun yaşam döngüsü ağ tipi ağ benek leke hastalığına neden olan *Drechslera teres* f. *teres* fungusunun yaşam döngüsü incelendiğinde önemli farklılıklar gözlenmemektedir.



Şekil 2.1.2. *Drechslera teres* f. *teres* ve *Drechslera teres* f. *maculata*'nın yaşam döngüsü

Yukarıda verilen döngü daha çok *Drechslera teres* f. *teres*'e ait yaşam döngüsü hakkında net bilgi vermektedir. *Drechslera teres* f. *maculata*'nın enfeksiyon süreci ile ilgili araştırma oldukça azdır. *Drechslera teres* f. *maculata*'nın enfeksiyonu

gerçekleştirmesi için gerekli zaman *Drechslera teres* f. *teres*'ten daha kısadır (Van den Berg ve Rossnagel 1990).

Yaprak yüzeyinde bulunan konidi veya askosporların çimlenmesi ile enfeksiyon başlar ve sporlar kısa sürede çimlenir.

Askosporların çimlenmesi ile apresoryum oluşur, bu apresoryum penetrasyon kancaları oluşturarak hücre içi enfeksiyon vezikülleri (haustorya benzeri yapılar) ile epidermal hücre duvarına nüfuz eder.

Askosporların ilk girişinden sonra patojen epidermal hücrelerde büyür ve koloniler oluşturur (Hargreaves ve Keon 1983). Bundan sonraki adım konida oluşum ve yayılmasıdır ve ilk enfeksiyonu takiben 2-3 haftayı alır.

Oluşan konidilar rüzgâr ve yağmurla uygun sıcaklık ve nem koşullarında yeni bitkilere onları enfekte etmek üzere taşınırlar.

Drechslera teres f. *teres* ve *Drechslera teres* f. *maculata* yaşam evreleri açısından karşılaştırıldığında her ikisinin de germ tüpleri ve apresorya oluşturduğu görülmektedir.

Drechslera teres f. *teres* doğrudan epidermal hücrelere girerken *Drechslera teres* f. *maculata* önce hostorya benzeri veziküller oluşturur ve biyotroflar gibi davranırken çok hızlıca nekrotrof büyümeye geçer.

Drechslera teres f. *teres* nekrotrof iken *Drechslera teres* f. *maculata* hemibiotroftur (Lightfoot ve Able 2010).

Drechslera teres f. *maculata* 'nın yaşam döngüsünün daha iyi anlaşılması için çeşitli seviyelerde moleküler çalışmalara ihtiyaç vardır. *Drechslera teres* tarafından oluşturulan ağ benek leke hastalığı etmeninin Ankara koşullarında biyolojisinin bir kısmını aydınlatacak çalışmalar yürütülmüştür. Toprak altında ve üstünde bırakılan hastalıklı yapraklarda etmenin konidi ve konidioforları ve pseudotheciumlar bulunmuştur. Askosporlara rastlanamamıştır. Piknitlere soğutmalı inkübatör çalışmalarında rastlanmıştır. Soğutmalı inkübatörde petri kutularındaki fungus 0 ve -10 °C lerde hastalıklı yapraklarda ise -10 °C de canlılığını muhafaza etmiştir. Hastalık etmeni kışı Ankara koşullarında canlı olarak geçirebilmekte ve konidilerin enfeksiyonda önemli rol oynadığı sanılmaktadır. (Karakaya vd. 2004)

2.1.1. Proteom ve Proteomiks

Proteom; tanımlanmış bir zamanda ve biyolojik, fiziksel veya kimyasal bir koşulda bir organizma, genomu tarafından ifade edilen tüm proteinlerdir.

Proteomiks; bu proteomların kütle spektrometrisinde içine alan ileri analitik teknikler ile aydınlatılmasıdır.

Proteomiks çalışmaları amaca yönelik olarak bir kaç madde altında toplanabilir;

1) Tanımlayıcı (descriptive) Proteomiks: Bir organizma, doku veya hücrenin tanımlanmış bir zaman ve koşulda ifade edilen bütün proteomunun tanımlandığı yöntemdir.

2) Farklılaşım (diffential) Proteomiks: Farklı izolatlar arasında, aynı organizmanın abiyotik veya biyotik stres koşullar altında proteinlerin ekspresyon düzeyindeki farklılıkları aydınlatmaya yönelik farklılaşım (diffential) proteomiks yöntemidir.

3) Post Translasyon Modifikasyon Proteomiks: Translasyon sonrası değişikliklerin tanımlanmasını esas alan post translasyon modifikasyon proteomiks çalışmaları yöntemidir.

4) Etkileşim Proteomiks: Tanımlanan proteinler arasındaki iletişimi ve bu etkileşim sırasındaki moleküllerin tanımlanmasını kapsamaktadır.

5) Sekretomiks: Hücrenin fizyolojik proseslerinde rol alan salgı proteinlerinin tanımlanmasını kapsar.

2.1.1.1. Proteomiks ve Fungus Proteomu

Canlılığın en temel iki ilkesi kataliz ve nesilden nesile bilginin aktarılmasıdır. Kataliz enzimler tarafından gerçekleştirilirken bilginin aktarılması DNA'nın kendini kopyalama özelliği ile sağlanmaktadır, yani DNA canlılığın kodudur. Bu molekülün kalıp olarak kullanılması ile diğer bir nükleik asit yapısı olan mRNA sentezlenmektedir yani DNA kodunun okunması -transkripsiyon- olayı gerçekleşmektedir. Organizma, organ, organel, doku, hücrede gerçekleştirilen ister katalitik isterse yapısal özellikleri belirleyen biyomoleküler yapılar transkripte edilen mRNA'nın traslasyonu ile oluşan proteinlerdir.

Mikro organizmalar, fare gibi hayvansal organizmalar, model bitkilerden *Arabidopsis thaliana*, pirinç gibi çeşitli organizmaların genom bilgileri değişik zamanlarda dizilenmiştir ve hala dizilmeye devam edilmektedir. İnsan genomu ise 2000 yılında dizilenmiştir ve 24-26000 gen den oluşmaktadır. Dr. Matt Ridley'in *Genom: The Autobiography of a species* in 23 chapters adlı kitabında genomu 23 bölümden (**kromozom**) oluşan bir kitap olarak tanımlarken her bölümdeki sayısız hikayenin **gen**lerden oluştuğunu ve bu hikayelerin her bir paragrafının **ekzonları** oluşturduğunu bu hikayelerden olduğunu ve bu hikayelerin **ekzon** adı verilen paragraflardan oluştuğunu paragrafların **intron**larla kesildiğini tanımlamaktadır. Bridley'e göre paragrafların cümleleri **kodon** denilen harflerini 4 çeşit bazın oluşturduğu kelimelerden oluşmaktadır. Kodonların dizilişine uygun olarak ribozomun yardımı ile amino asitlere ve bunların belli şekilde dizilenmesi ile proteinleri oluşturmak üzere **PROTEİN** diline çevrilir.

Yukarıda bahsettiğimiz gibi insan genomu yaklaşık 26000 gen içermektedir. Peki buna karşılık 26000 proteine mi sahibiz?

Proteomik hastalık, sağlık, çeşitli biyotik ve/veya abiyotik stresler altındaki biyolojik sistemlerin kontrolü, fonksiyonu ve detaylı yapısal özelliklerinin anlaşılması maksadı ile proteinlerin çeşitli özelliklerinin sistematik olarak çalışılmasını kapsamaktadır. Proteinlerin hemen hemen bütün biyolojik aktivitelerde rol alması nedeni ile biyolojik bilginin zengin bir kaynağıdır.

Proteomik proteinlerle ilgili olarak proteinlerin hücredeki lokasyonu, bolluğu, dönüşüm hızı diğer proteinlerle, nükleik asitlerle ve iyonlarla olan etkileşimleri, post translasyonel değişiklikleri (PTM) gibi çeşitli sorulara cevap verir.

Gerek *Drechslera teres* f. *teres* ve *Drechslera teres* f. *maculata* patojenlerini birbirinden ayırmak için gerekse dayanıklı hatların belirlenmesi amacı ile yapılan moleküler çalışmalar her iki patojen için sınırlı olmakla beraber *Drechslera teres* f. *maculata* patojeni için yapılan çalışmalar çok azdır. Bu çalışmalar genellikle survey çalışmalarıdır.

Yüzbinlerce bitki fungusundan 15000 tanesi hastalık yapmaktadır. Bugüne kadar 1000'e yakın fungusun genomu dizilenmiştir ve bunlardan 66 tanesi bitki funguslarıdır. Bunun yanında patojenik bitki fungusları ile ilgili *Proteomics* dergisinde yayınlanan proteom çalışmalarının sayısı 40'ı geçmemektedir

(<http://fungi.ensembl.org>), (<http://www.genomesonline.org>). Genomu bilinen bitki Funguslarının tablosu Tablo 1’de verilmiştir.

Tablo 1. Genomu Dizilenen Bitki Fungusları

Funguslar	Tahıllara Enfekte Edenler	Tahıl Çeşidi	*Neden Olduğu Hastalık
<i>Ashbya gossypii</i>			
<i>Aspergillus ochraceoroseus</i>			
<i>Aspergillus parasiticus SU-1</i>			
<i>Bipolaris maydis</i>	√	Mısır	Güney Yaprak Küfü
<i>Bipolaris Oryzae</i>	√	Çeltik	Kahverengi Nokta Hastalığı
<i>Bipolaris victoriae FI3</i>	√	Çeşitli Bitkiler	Viktoria Küfü
<i>Bipolaris zeicola</i>	√	Mısır	
<i>Blumeria graminis</i>	√	Arpa	Külleme
<i>Blumeria graminis f. sp. tritici</i>	√	Buğday	Külleme
<i>Botryobasidium botryosum</i>	√	Çeşitli Bitkiler	
<i>Botrytis cinerea</i>	√	Tahıllar ve diğer bitkiler	Gri Küf
<i>Ceratocystis platani</i>			

<i>Ceriporiopsis subvermispora</i> B			
<i>Chaetomium globosum</i>			
<i>Claviceps purpurea 20.1</i>			
<i>Colletotrichum fioriniae PJ7</i>			
<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>			
<i>Colletotrichum graminicola</i>	√	Mısır ve Buğday	
<i>Colletotrichum higginsianum</i>			
<i>Colletotrichum orbiculare</i>			
<i>Colletotrichum sublineola</i>			
<i>Coniophora puteana</i>			
<i>Dactylellina haptotyla</i>			
<i>Diaporthe ampelina</i>			
<i>Diplodia seriata</i>			
<i>Dothistroma septosporum</i>			
<i>Erysiphe necator</i>			

<i>Eutypa lata</i> UCREL1			
<i>Fibroporia radiculosa</i>			
<i>Fomitiporia mediterranea</i> MF3/22			
<i>Fomitopsis pinicola</i> FP- 58527 SS1			
<i>Fusarium fujikuroi</i>	√	Çeltik	Bakanae Hastalığı
<i>Fusarium graminearum</i>	√	Buğday, mısır ve diğer tahıllar	Başak Yanıklığı
<i>Fusarium oxysporum</i>			
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>Cubense</i>		Muz	Panama Hastalığı
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>Lycopersici</i>		Domates	Fusarium Solgunluğu
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>Pisi</i>		Bezelye	Fusarium Solgunluğu
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>radicis-lycopersici</i> 26381		Domates	Taç ve Kök Çürüklüğü
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>raphani</i>			
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp.			

<i>vasinfectum 25433</i>			
<i>Fusarium pseudograminearum</i>	√	Buğday	Başak Yanıklığı
<i>Fusarium solani</i>			
<i>Fusarium verticillioides</i>			
<i>Gaeumannomyces graminis var. tritici R3-111a-1</i>	√	Buğday	Karakök Çökerten
<i>Gibberella fujikuroi</i>	√	Çeltik	Bakanae Hastalığı
<i>Gloeophyllum trabeum</i>			
<i>Grosmannia clavigera kw1407</i>			
<i>Leptosphaeria maculans</i>		Lahanagiller	Karabacak Hastalığı
<i>Macrophomina phaseolina MS6</i>		Çeşitli Bitkiler	Kök Çürüklüğü
<i>Magnaporthe comparative</i>	√	Çeltik	Çeltik Yanıklığı
<i>Magnaporthe oryzae</i>	√	Çeltik	Çeltik Yanıklığı
<i>Magnaporthe poae</i>			
<i>Marssonina brunnea f. sp.</i>			

<i>'multigermtubi' MB_m1</i>			
<i>Melampsora larici-populina</i>			
<i>Microbotryum lychnidisdiocae</i>			
<i>Microbotryum violaceum</i>			
<i>Moniliophthora perniciosa</i>			
<i>Moniliophthora roreri</i>			
<i>Phaeosphaeria nodorum</i>	√	Buğday	
<i>Puccinia strii Formis f. sp. tritici</i>	√	Buğday	Sarı Pas
<i>Puccinia graminis f. sp. tritici</i>	√	Buğday	Kara Pas
<i>Puccinia triticina</i>	√	Buğday	Kahverengi Pas
<i>Pyrenochaeta sp. DS3sAY3a v1.0</i>			
<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	√	Buğday	Bronz Leke Hastalığı
<i>Pyrenophora teres f. teres</i>	√	Arpa	Ağ Formu Ağ Benek Leke Hastalığı
<i>Rhizopus oryzae</i>	√	Çeltik	
<i>Stagonospora nodorum</i>	√	Buğday ve diğer	Mürekkep

		tahıllar	Lekesi
<i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	√	Tahıllarıda içine alan 400 bitki türü	Beyaz Küf
<i>Ustilago maydis</i>	√	Mısır	Sürme Hastalığı

*Tahılları etkileyen patojenlerin neden olduğu hastalık isimleri verilmiştir.

Ağ benek leke hastalığına neden olan fungustaki moleküler çalışmalar *Drechslera teres f. teres* izolatlarına karşı konakta gelişen ve kalıtsal olan Pt1, Pt2, Pt3 olarak belirtilen direnç genleri 1955 ve 1958 yıllarında tanımlanmışlardır (Schaller 1955; Mode ve Schaller 1958). Bu tür direnç genleri *Drechslera teres f. maculata* için henüz tespit edilememiştir.

Drechslera teres f. maculata popülasyonları seksüel rekombinasyona uğrar ve farklı direnç genlerine sahip birden fazla virülensi olan patotiplere sahiptir dolayısı ile de oluşan direncin üstesinden gelebilecek güce sahiptir.

Fungus tarafından üretilen ve fungusun virülensliğinden sorumlu olan genlerin hangilerinin baskın olduğunu anlama açısından efektörler olarak isimlendirilen proteinlerin tanımlanması virülens ve/veya avirülens faktörlerinin anlaşılmasında önemlidir. Bu efektör proteinlerin biyotrof patojenler için enfeksiyonun ilerlemesini sınırlama özelliği olabilirken nekrotroflar için enfeksiyonun oluşmasını sağlarlar, hemibiotroflar için ise hastalığın bulunduğu faza göre farklı etkileri olabilir (Kamoun 2007). Bu moleküllerin tanımlanması patojenin ve hastalığın moleküler mekanizmalarının anlaşılmasında önemli kilometre taşlarının oluşmasını sağlayacak ve dayanıklı genotiplerin üretimine ve etkin mücadele stratejilerinin geliştirilmesine imkân sağlayacaktır.

Genom dizi bilgisine sahip olmak önemlidir ama tek başına yeterli değildir, genomu oluşturan genlerin fonksiyonunu, patogenez sırasında aktive olan yolları anlamamızı sağlayamaz. Genlerin fonksiyonlarını açıklayabilmek için knock-out, knock-down ve microarray tekniklerini temel alan transkriptomiks çalışmaları ile mRNA seviyesinde gen ekspresyonu ve bitki-patojen etkileşiminde rol alan moleküler mekanizmaların aydınlatılmasında da bu yöntemler önemlidir. Ama bir genin bir proteine karşılık gelmemesinden dolayı, post translasyonel modifikasyonlar

ve fonksiyonel moleküller olan proteinlerin tanımlanması mekanizmaların anlaşılmasında önemlidir. Bu nedenle son yıllarda proteomiks yaklaşımların yaygın biçimde kullanıldığı ve etkinliğinin her geçen gün attırıldığı çalışmalar büyük ilgi görmektedir.

Proteom haritalaması için gerek jel bazlı ve gerekse jelsiz teknikler kullanımının ardından her iki teknikte LC-MS/MS tekniği ile kombine edilerek (2DE-LC-MS/MS) proteom tanımlanmaktadır. Bu çalışmada jel bazlı (2-DE) proteomik yöntemi ile *Dechslerea teres* f. *maculata* izolatlarının proteom haritalarının çıkarılması hedeflenmektedir. Böylece virülenslikte ve/veya avirülenslikte rol alan moleküller, efektör proteinler tanımlanacaktır. Bununla birlikte *Pyrenophora teres*'in her iki formu içinde virülenslik mekanizmaları ve konak direnç mekanizmaları ile ilgili bilgi deklare edilmemiştir (İsmail vd. 2014). İsmail ve meslektaşlarınca gerçekleştirilen (2016) **Secretom** çalışması yine *Drechslera teres* f. *teres* patojeninin en virulent 7 izolatı için gerçekleştirilmiştir. Patojenin hastalığı indüklenme mekanizması ve patojenin konak tarafından nasıl tanınarak savunma oluşturduğu ancak efektör ve salgılanan proteinlerin tanımlanması ile mümkün olacaktır. Yapılacak çalışmaların sonuçlarının bu bağlamda da katkı sağlaması hedeflenmektedir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

Bu çalışma kapsamında izolattan elde edilen misel protein profillenmesi jel bazlı proteomiks yöntemi ile gerçekleştirildi. Proteom haritalaması için gerek jel bazlı ve gerekse jelsiz teknikler kullanımının ardından her iki teknikte LC-MS/MS tekniği ile kombine edilerek (2DE-LC-MS/MS) proteom profili tanımlanmaktadır. Bu çalışmada jel bazlı (2-DE) proteomiks yöntemi ile *Drechslera teres f. maculata* GPS 79 izolatının proteom haritalarının çıkarılması gerçekleştirildi.

Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü Öğretim Üyesi Prof. Dr. Aziz KARAKAYA'dan çeşitli coğrafi bölgelerden topladığı *Drechslera teres f. maculata* patojenine ait GPS 79 izolatının miselyumları yetiştirildi ve 7 günlük örneklerden total protein ekstraksiyonu Fenol-SDS (Chatterjee vd. 2012) yöntemi kullanılarak gerçekleştirildi.

3.1. Tek İzolat Eldesi

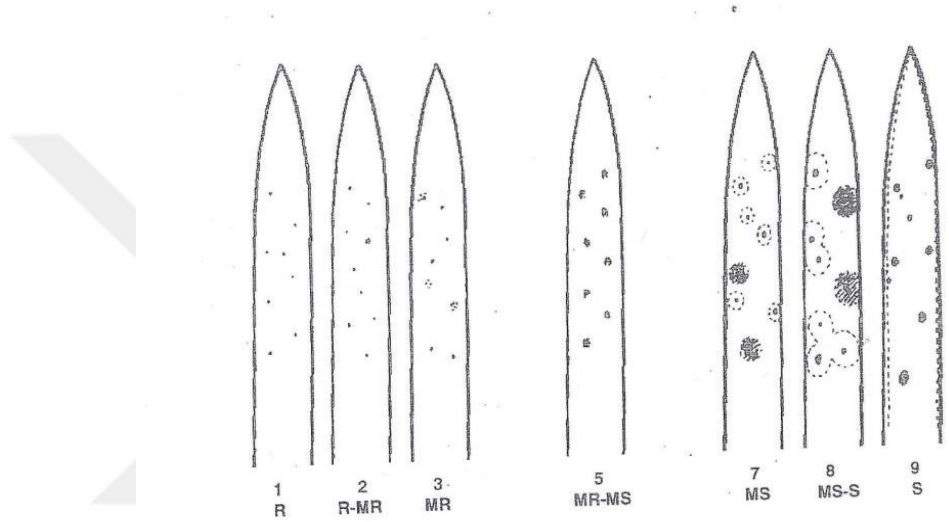
3.1.1. Fungusun izolasyonu ve tek spor elde edilmesi

Türkiye'nin çeşitli coğrafik bölgelerinden toplanan arpa ağ benek hastalığı ile bulaşık arpa yaprak örnekleri laboratuvara getirilerek %1' lik sodyum hipoklorit çözeltisi içinde 1-2 dakika bekletilerek yüzey sterilizasyonu yapılmıştır. Yaprak örnekleri daha sonra steril saf su ile durulanmış ve steril kurutma kağıdı arasına alınarak kurutulmuştur. Ardından steril nemli hücrelere aktarılmış ve 3-4 gün 23-25⁰C de spor üretimi sağlanmıştır. Sporulasyon sağlanan örneklerden ince uçlu steril iğne ile stereo mikroskop altında tek bir spor alınarak su agarına aktarılmıştır. Daha sonra gelişen spor Patates Dekstroz Agar (PDA) (Bismark, Almanya) ortamına aktarıldı.

3.1.2. Patojenisite Testlerinin Yapılması ve Yüksek Virülenslik Gösteren İzolatın Seçilmesi

PDA ortamında geliştirilen izolatlardan fırça ile miseller kazınarak spor süspansiyonu hazırlandı. Her 100 ml suya 1 damla yapıcı yapıştırıcı eklenerek arpa ağ benek hastalığına hassas çeşit olan Bülbül 89 çeşidine inokulasyon yapıldı. İnokulasyon yapılan bitkiler naylon torba ve/veya nemli kapaklı kutular içinde kontrollü koşullar altında 72 saat bekletildi. Kapaklı kutuların kullanıldığı

durumlarda kapaklı kutuların havalandırmaları açılarak 24 saat daha bekletilmiştir. İnokulasyondan 7-10 gün sonra Tekauz (1985) skalası kullanılarak değerlendirme yapıldı. Hastalık belirtilerinin skala değerlerine bakılarak patojen olup olmadığı ve virülenslik seviyesi değerlendirildi. Düşük ve yüksek virülenslik gösteren izolatların seçimi patojen olan izolatların hassas çeşit olan Bülbül 89'a tepkilerinin Tekauz (1985) skalası ile değerlendirmesi sonucunda gerçekleştirildi (Karakaya ve Akyol 2006, Taşkoparan ve Karakaya, 2009, Aktaşdoğan vd 2013, Usta vd2014).

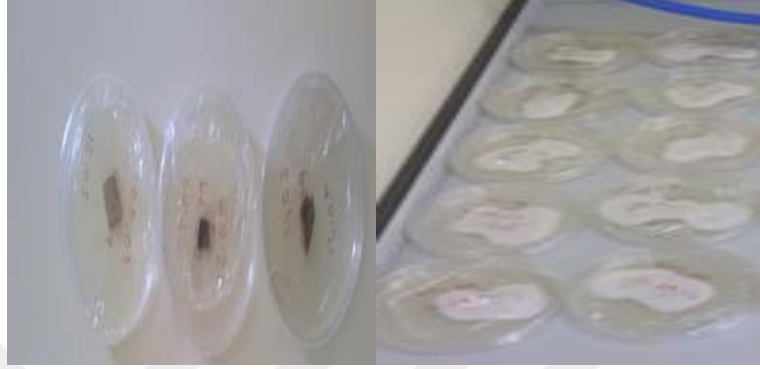


Şekil 3.1.2.1. Hastalık etmeninin nokta formu (*Dechslerea teres f. maculata*) için geliştirilen skala Tekauz (1985). R: Dayanıklı (D), R – MR: Dayanıklı – Orta Derecede Dayanıklı (D - OD), MR: Orta Derecede Dayanıklı (OD), MR – MS: Orta Derecede Dayanıklı – Orta Derecede Hassas (OD - OH), MS: Orta Derecede Hassas (OH), MS – S: Orta Derecede Hassas – Hassas (OH - H), S:Hassas (H)

3.1.3. *Drechslera teres f. maculata* Fungusunun Çoğaltılması

Drechslera teres f. maculata fungusunun yüksek virülens gösteren izolatu (GPS 79) PDA (Patates Dekstroz Agar) besiyerinde büyütüldü. PDA besiyeri üreticinin talimatları doğrultusunda hazırlandı (39 g/1L olacak şekilde PDA tartıldı ve bi destile su ile karıştırılarak 1 L ye su ile tamamlandı. Besi yerinin hazırlandığı şişelere otoklav bandı yapıştırılarak 30 dakika otoklavda steril edildi. Hazırlanan PDA sıcak halde 9 cm çaplı petri kaplarına eşit miktarda aktarıldı ve soğuma işlemi sonrasında izolatların ekim işlemi gerçekleştirildi. Her bir petriye 5mm'lik mantar

delici kullanılarak 3 adet misel parçası aktarıldı. 25oC de 12 saat aydınlık 12 saat karanlık döngüsüne sahip inkübatörde büyüme bırakıldı) ve daha önceden aktarılması gerçekleştirilen GPS79 örnekleri ilk aktarımdan 7 (yedi) gün sonra bisturi veya lamel yardımı ile izolat miselyumları buz üzerinde bulunan steril petriler içine toplandı ve 3.1.4.1'deki gibi protein ekstrakte edildi.



Şekil 3.1.3.1. PDA üzerinde petrilere büyüme bırakılan GPS 79 *Drechslera teres f. maculata* fungusu

3.1.4. Misellerden Total Protein Ekstraksiyonu

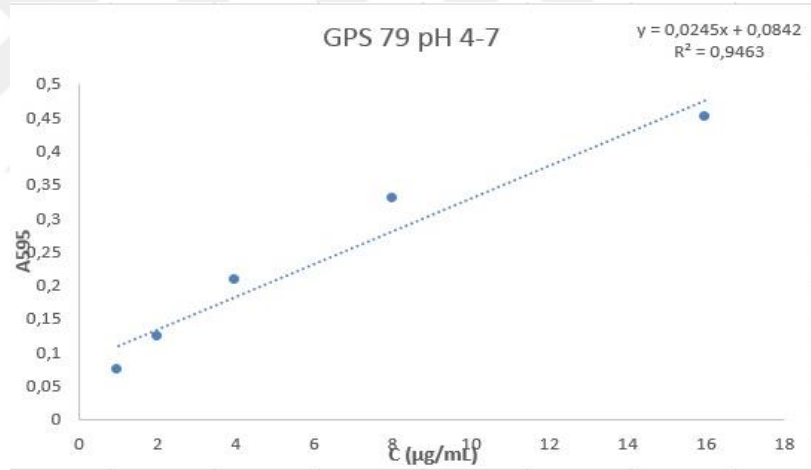
1. PDA besiyerine daha önceden aktarılması gerçekleştirilen GPS79 örneklerinden ilk aktarımdan 7 (yedi) gün sonra miselyum bisturi veya lamel yardımı ile buz üzerinde protein ekstraksiyonu yapılmak üzere toplandı.
2. Yukarıda belirtildiği şekilde toplanan miseller tartılarak sıvı azot yardımı ile havanda yaklaşık 1 saat çok ince toz haline getirildi.



Şekil 3.1.4.1. Misel örneklerinden protein ekstraksiyonu

3. Ezme işlemini takiben çok ince toz haline getirilen misel, ağırlığının 3 katı SDS-Tamponu (soğuk Sodyum Dodesil Sülfat ekstraksiyon tamponu)(% 30 sükröz(Merck, USA)(w/v), %2 SDS (Sodyum Dodesil Sülfat) (Merck, USA) (w/v), 0.1M Tris.HCl pH8.0 (Merck, USA)ve 1Mm PMSF (Fenil Metil Sülfonil Florür) (Sigma, USA))içeren tüp içerisine alındı.
4. Daha sonra bu karışım ultrasonik banyoda 6 defa 15 saniye buz içerisinde sonikasyon işlemine tabi tutuldu.
5. Sonikasyon sonrasında elde edilen örnek süspansiyonu üzerine başlangıç SDS-tamponuna eşit hacimde Tris ile doyurulmuş Fenol Solüsyonu (Sigma, USA) eklenerek +4⁰C'de 10 dakika vortekslendi.
6. Vorteks işleminden sonra çözelti santrifüj tüplerine alınarak 8,000 xgde 10 dakika +4⁰C'de Thermo Scientific (MR23i) soğutmalı santrifüj cihazı ile santrifüj yapıldı.
7. Santrifüj sonrasında proteini içeren en üstteki fenolik faz ayrı bir temiz tüpe alınarak alttaki pellet (katı) faza tekrar aynı miktar fenol katılarak ekstraksiyon işlemi tekrarlandı, elde edilen fenolik fazlar birleştirildi.
8. Bu toplanan fenolik fazın üzerine toplam hacmi kadar SDS-tampon eklenerek 3-10 dakika soğukta karıştırıldı.
9. 8,000 xg'de 10 dakika +4⁰C'de santrifüj yapıldı, süpernatant temiz bir santrifüj tüpüne alınarak hacminin 3 katı kadar 0.1M amonyum asetat/metanol çözeltisi eklendive bir gece boyunca(16-18 saat) -20⁰C'de çökmeye bırakıldı.
10. Bir sonraki gün -20⁰C'den çıkartılan örnekler 10,000xg'de 30 dakika +4⁰C'de santrifüj yapıldı ve bu işlem 6 defa tekrarlandı. 6.santrifüjden sonra süpernatant kısmı atıldı ve pellet kısmı alınarak % 0,07 (w/v) DTT (1,4-Dityotreitil)(Merck, USA) içeren aseton ile muamele edilerek 10,000xg de 30 dakika +4⁰C'de santrifüj yapıldı.
11. Süpernatant kısmı atıldı ve elde edilen saf proteinlerin bulunduğu pellet kısmıAzot gazı altında kurumaya bırakıldı.
12. Elde edilen protein, çözünürleştirme tamponunda (7 M üre (Sigma, USA), 2M tiyoüre (Sigma, USA), %4 (w/v) CHAPS (3-[(3-Kolamidopropil)dimetilamino]-1-propansülfonat) (Alfa Aesar, USA), 30mM DTT(Merck, USA)) ile süspanse edildi ve pipet ile al-ver yaparak soğukta 1 saat boyunca maksimum çözünürlüğü elde etmek için yavaşça karıştırıldı.

13. Proteinlerin çözünmesini arttırmak için 6x15 saniye soğukta sonike edildi ve 30,000 xg'de 30 dakika +4⁰C'de santrifüjlendi.
14. Protein içeren süpernatant temiz bir mikrotüpe alınarak aseton çöktürme işlemi için hacminin 4 katı kadar %100 aseton ile muamele edilerek -20⁰C'de 16-18 saat çökmeye bırakıldı.
15. Çökmeye bırakılan örnekler takip eden gün 30,000 xg'de +4⁰C'de 30 dakika santrifüj yapıldı.
16. Santrifüj sonrasında süpernatant atıldı ve pellet temiz bir tüpe alınarak kurutuldu.
17. Kurutulan protein örnekleri tartılarak yine aynı şekilde hazırlanmış çözünürleştirme tamponu ile süspansiyon edildi ve pipet ile al-ver yaparak soğukta 1 saat boyunca maksimum çözünürlüğü elde etmek için yavaşça karıştırıldı ve çözünür hale getirildi.
18. Örneklerden elde edilen protein konsantrasyonu Bradford Reaktif (Sigma) ile BSA proteini standart olarak kullanıldı ve protein tayini yapıldı.



Şekil 3.1.4.2. Bradford Protein tayin standart grafiği (0,1 mg/mL BSA Stok çözeltisinden standart proteinler hazırlandı)

19. Miktarı hesaplanan protein örnekleri 2DE'de kullanılmak üzere -20⁰C'de saklandı.

3.2. Total Proteinin Ayrılması

3.2.1. İki boyutlu jel elektroforezi

3.2.1.1. İzoelektrik odaklama (1. Boyut)

Yukarıda anlatıldığı şekilde elde edilen protein örnekleri EttanIPGfor (GE Healthcare) ile önce pH 3-10 gradyentine sahip olan 24 cm uzunluğunda IPG stripler kullanılarak izoelektrik noktalarına göre ayrıldı. Burada proteinlerin en fazla bulunduğu pH aralığı tespit edilerek ayırımın kalitesini arttırmak amacı ile daha dar pH skalasındaki (pH 4-7) IPG stripleri ile proteinler ayrıldı. Bu işlemler 6 biyolojik tekrardan her bir biyolojik tekrar için en az üç teknik tekrar olacak şekilde gerçekleştirildi.

-20⁰C de depolanan protein örnekleri pH 4-7 için 1140 µg /450 µL, konsantrasyonunda ve %1 (v/v) amfolit (Pharmalyte GE Healthcare, USA) (pH 3-10) içerecek şekilde hazırlandı.

Hazırlanan örnekler ile 24 cm pH 4-7 IPG stripler 12 saat süresince oda sıcaklığında rehidrate edildi (Şekil 3.2.2.1).



Şekil 3.2.1.1.1. Proteinlerin rehidrate edilmesi (örnekli pasif rehidrasyon)

Rehidrasyon kutusundaki kuyulara 450 µL örnek eklenmesini takiben -20⁰C'den buz üzerinde çıkarılan IPG striplerin plastik koruyucu bandı açılarak jel tarafı protein çözeltilisine degecek şekilde kuyulara yerleştirildi, en az 15 dakika protein örneğinin jel tarafından absorblanması için kapağı kapatılarak inkübasyonu

müteakip striplerin havayla teması mineral yağ eklenerek kesildi ve 25 °C de 12 saat inkübe edildi.

Rehidrasyon işlemini takiben IPGphor3GE Healthcare IEF (izoelektrik odaklama) cihazında bulunan odaklama tepsisinin kuyularına rehidrate edilen stripler yerleştirildi ve striplerin + ve – uçlarına 150 µL saf su ile ıslatılmış elektrod kağıtları yerleştirildi. Mineral yağ (Merck, USA) jelli ve jelsiz bütün kuyulara eklendi (toplam 108 mL) (Şekil 3.2.1.1.2) ve IEF işlemi başlatıldı. IEF koşulları Tablo 2.’de vermiştir.



Şekil 3.2.1.1.2. IPGfor 3’te IEF işlemi

Tablo 2. IEF Koşulları

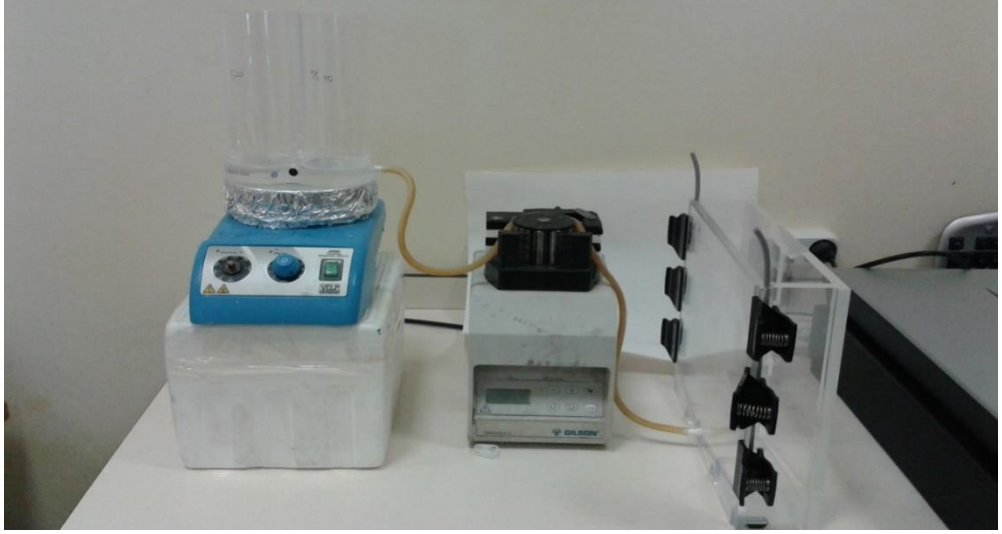
Step		U [V]	süre	Vh
1	Step	100	00:30	dk
2	Step	250	250	Vh
3	Grad	500	500	Vh
4	Grad	1000	1500	Vh
5	Grad	10000	22000	Vh
6	Step	10000	50000	Vh
7	Step	100	10:00	HH:mm

3.2.1.2. SDS-PAGE (2. Boyut)

İzoelektrik odaklama işlemi sonunda IPG stripler ikinci boyut jeli olan SDS-PAGE'e yüklenmeye uygun hale getirilmek üzere sırası ile indirgenme ve alkilasyon ajanları içeren dengeleme tamponları (50 mM Tris.HCl pH 8.8, 6 M üre, %30 gliserol, %2 (w/v) SDS) içinde 20 şer dakika 150 RPM de çalkalamalı inkübatörde muamele edildi. Kullanılan İndirgeme ve alkilasyon reaktif ve miktarları %1 (w/v) DTT ve % 2.5 (w/v) iyodo asetamid (IAA) dır. Dengeleme işleminden sonra stripler 30 saniye SDS-PAGE yürütme tamponu (192 mM glisin, 25 mM tris, % 0,1 (w/v) SDS) ile muamele edilerek (%10-%20) SDS-PAGE'e yüklendi. Gradient jel çözeltisi hazırlama koşulları Tablo 3'de verildiği gibidir. Ayrıca gradyent jelin hazırlama işlemi de Şekil 3.2.1.1.1'de verilmiştir.

Tablo 3. Gradient Jel Çözeltisi Hazırlanışı

Kullanılan Maddeler	%10 Konsantrasyon (az yoğun jel karışımı) 275 mL	%20 Konsantrasyon (çok yoğun jel karışımı) 275 mL
Akrilamid-Bisakrilamid (%30)	92 mL	183mL
1,5 mM Tris.HCl pH 8,8	69 mL	69 mL
Milliq Su	110 mL	1,2mL
%20 SDS	1,38 mL	1,38 mL
Gliserol	Yok	19 mL
%10 APS (10/100 w/v)	2,75 mL	1,4mL
%100 TEMED	47 µL	8 µL



Şekil 3.2.1.2.1. Gradient Jel Dökme Sistemi

Daha sonra birinci boyut jeli ikinci boyut jeline % 1 (w/v) düşük erime noktalı agaroz çözeltisi (birkaç partikül bromophenol blue içeren SDS-PAGE yürütme tamponu içinde) ile sabitlendi ve SDS-PAGE yürütme tamponu ile ilk bir saat 2W/jel daha sonra yaklaşık 5 saat 20W/jel olacak şekilde elektroforez uygulandı Kullanılan 2. Boyut sistemi Şekil 3.2.1.2.2. de verilmiştir



Şekil 3.2.1.2.2. Elektroforez Düzenği (Soğutucu, Dikey Elektroforez Tankı, Güç Kaynağı)

3.2.2. Jel görüntülerinin elde edilmesi

Elektroforez işlemi tamamlandıktan sonra jeller jel kasetlerinden çıkarılarak distile su ile 30 saniye yıkanarak fazla SDS uzaklaştırıldı.

Jeller 400 mL %12,5 (w/v) Trikloro asetik asit (TCA) ile 1 saat boyunca 250 RPM de çalkalanarak fiksasyon işlemine tabii tutuldu. Süre bitiminde %1 Kolloidal Coomassie Brilliant Blue R250 (%1 (w/v) Coomassie Brilliant Blue mutlak etil alkol içinde) çözeltisinden 27 mL alınarak Fiksasyon çözeltisi içinde çalkalanmakta olan jel üzerine damla damla eklendi ve ekleme işlemi bitiminde gece boyunca çalkalayıcıda boyamaya bırakıldı.

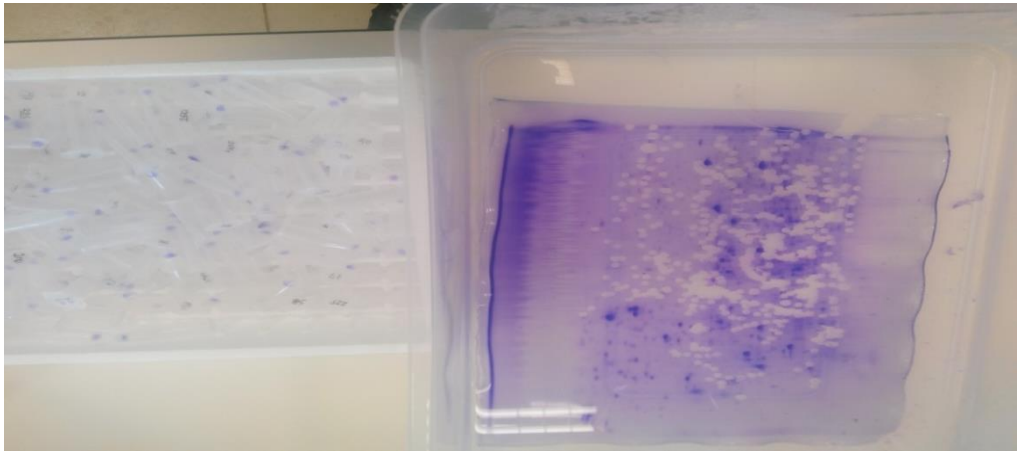
Boya Çıkarma işlemi: Takip eden gün 400 mL %12,5 Etil alkol çözeltisi içinde 1 saat aralıklar ile jeller yıkanarak boya çıkarma işlemi gerçekleştirildi.

Boyası çıkartılan jeller *Epson Perfection V750 Pro* marka jel tarayıcıda taranarak bilgisayar ortamına aktarıldı.

Herbir biyolojik tekrar ve bu tekrarlardan elde edilen herbir teknik tekerrürlerin Dymension Jel Görüntüleme Programı yardımı ile ayrı ayrı ortak spotları bulundu.

Ortak spotları içeren jeller içerisinde seçilen referans jeller isimlendirilerek daha sonra bu referans jeller arasında ortak spotlar belirlendi.

Referans jellerden ortak spotlar bisturi ve pipet ucu ile kesilerek Parafilm üzerine alınarak yaklaşık 1mm³ lük parçalar haline getirildikten sonra mikrotüplere aktarıldı (Şekil 3.2.2.1) ve -20 °C'de muhafaza edildi.



Şekil 3.2.2.1. Jellerden spotların kesilmesi ve saklanması

3.3. Kütle Spektrometresi Analizi

3.3.1. Jelde Tripsin ile Kesim

1. Jelden kesilmiş ve -20 °C'de muhafaza edilmiş olan spotlar çıkartılarak herbir spot 200 µL milli su ile yıkanarak 10 dakika vorteks yapıldı ve sonra 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapıldı ve süpernatant atıldı.
2. Jel parçaları 200 µL 100 mM NH₄HCO₃(Sigma, USA) ile yıkandı ve 10 dakika vorteks yapıldı.
3. Üzerine 200 µL Asetonitril (ACN) (Merck, USA) eklendi ve 10 dakika vortekslenedikten sonra 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapıldı.
4. Bütün sıvıyı uzaklaştırmak amacı ile en fazla 5 dakika olacak şekilde Speed vakum konsantratör (vakumlu santrifüj) ile kurutuldu.



Şekil 3.3.1.1. Speed vakum konsantratör (vakumlu santrifüj) cihazı

5. Jel parçalarının tamamını kapatacak kadar içerisinde 10mM DTT olan 100 µL 100 mM NH₄HCO₃ çözeltisi eklenerek 45dakika 56°C'de inkübe edildi ve 5-10 dakika oda sıcaklığına soğutulduktan sonra 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapıldı.
6. Sıvı kısım atıldı. 55mM IAA (100 mM NH₄HCO₃)(Merck, USA) (10mg/mL) olan çözeltisi eklendi. Oda sıcaklığında 30 dakika karanlıkta vortekslendi.
7. 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapıldı ve tüm sıvı atıldı. Jel parçaları 200 µL 100 mM NH₄HCO₃ ile 10 dakika vortekslenerek yıkandı.

8. Üzerine 200 µL ACN eklenerek 10 dakika vorteks yapıldı ve 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapılarak tüm sıvı atıldı.
9. Toplam hacmi 200 µL olacak şekilde 100 µL 50 mM NH₄HCO₃ ve 100 µL ACN hazırlandı ve 2 defa 5 dakika pellet kısım üzerine konularak yıkandı. Yıkama esnasında her defasında 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapıldı ve her defasında sıvı atıldı.
10. 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapıldı. Tüm sıvı atıldı. Vakumlu santrifüj ile 15 dakika kurutuldu.
11. 10 mL taze hidroliz tamponu hazırlandı(Saf ACN ile ilk olarak % 10 ACN hazırlanır ve 0,0316 gram NH₄HCO₃ tartılarak son hacmi % 10'luk ACN ile 10 mL'ye tamamlanır).
12. 1 şişe tripsin (20 µg) içine 200 µL 1mM HCl (Merck, USA) konuldu ve bu sayede 0,1 µg / µL stok solüsyonu hazırlandı. Bunu kullanana kadar soğukta bekletildi.
13. İlk olarak ne kadar toplam tripsin kesme tamponuna ihtiyacımız olduğunu hesapladık. (Spot büyüklüğüne bağlı olarak gerekli tampon miktarı her bir spot için 10-80 µL arası değişir). Son tripsin konsantrasyonu 12ng/ µL olacak şekilde tripsin stok solüsyonu eklendi ve bunlar hep soğukta tutuldu.
14. Her bir jel parçası üzerine tripsin kesim tamponu eklendi ve 30-40 dakika soğukta buz üzerinde rehidrate edildi.
15. 15 dakika sonra jel parçalarının sıvıyı absorbe edip etmediği kontrol edildi ve eğer absorbe etmişse jel üzerini kapatacak kadar bir miktar daha tampon eklendi.
16. Jel parçalarının bütün kesim süresince ıslak kalması sağlandı.
17. Tamponun buharlaşmasını engellemek için jel parçaları bulunan mikrotüp kapaklarıparafilm ile de sarıldıve 37⁰C'de bir gece bekletildi.
18. Sonraki gün örnekler 37⁰C'den alındı ve oda sıcaklığına getirildi. Santrifüj ile sıvı aşağıya kadar kondanse edildi.
19. Sıvı üzerine 50 µL % 5 Formik Asit (Merck, USA) eklendi ve 5 dakika kuvvetli bir şekilde vorteks yapıldıktan sonra 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapılarak sıvı olduğu gibi silikonize edilmiş tüp içerisine alındı. Sıvının toplanması esnasında hiçbir jel parçası gelmemesine dikkat edildi.

20. Katı jel parçaları bulunan tüplerin üzerine % 5 ACN içerisinde hazırlanan 100 µL % 1 Formik Asit eklendi. 15 dakika kuvvetli bir şekilde vorteks yapıldıktan sonra 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapılarak sıvı kısım bir önceki sıvı kısım ile birleştirildi.
21. Katı jel parçaları bulunan tüplerin üzerine % 60 ACN içerisinde hazırlanan 100 µL % 1 Formik Asit eklendi. 15 dakika kuvvetli bir şekilde vorteks yapıldıktan sonra 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapılarak yine sıvı kısım ekstrakt tüpündeki örnekle birleştirildi.
22. Jel parçaları bulunan tüplerin üzerine % 99 ACN içerisinde hazırlanan 50 µL % 1 Formik Asit eklendi. 15 dakika kuvvetli bir şekilde vorteks yapıldıktan sonra 3000xg'de 2 dakika santrifüj yapılarak sıvı kısım ekstrakt tüpüne alındı.
23. Her gün 50 spotun hidroliz işlemi gerçekleştirildi. Her bir spottan elde edilen tripsin hidrolizat tüpleri speedvac santrifüj ile kuruluğa kadar konsantre edildi.
24. MS analizlerine kadar bu örnekler -20°C'de muhafaza edildi.

3.3.2. LC-MS/MS analizi

Tripsinle muamele edilen protein spotlarının nano-LC-MS/MS analizi Dr. Christof Rampitsch tarafından AAFC, Cereal Research Center'da (Kanada) Aşağıda verildiği şekilde gerçekleştirildi. Her bir spot için elde edilen peptid karışımı için kütle spektrumları quadropole-orbitrap mass spectrometer (Q-Exactive: ThermoFisher, Bremen, Germany) ile alındı. Triptik peptidler C₁₈ kolonu (12 cm fused silica column, 75µm ID, packed with Vydac C₁₈, 3 µm beads, 300 Å pores) ile nanoelektrosprey iyonizasyon kaynağı kullanılarak ayrıldı Asetonitril gradyenti ((v/v) % 2- % 40(v/v) asetonitril % 0.1 (v/v) FA içinde) akış hızı 300nl/dk olacak şekilde 24 dakika (Easy nLC1000: ThermoFisher, San Jose, CA) boyunca uygulandı. .m/z değeri 300-2000 arasında olan peptid spektrumları seçilerek en yoğun iyonlar ile MS/MS 6 saniye içerisinde gerçekleştirildi ve protein tanımlama Mascot Server V2.4 (MatrixScience, London UK) tarama motoru kullanıldı. Mascot programında kullanılan parametreler: monoizotopik kütle hassasiyeti; ±5 ppm, yanlış kesilmiş peptid sayısı; 1, peptidlerin sahip olabildiği maksimum yük +5; sabit modifikasyonlar carbamidomethyl (C), değişken modifikasyonlar; oksidasyon (M) ve deamidasyon (NQ). Ham MS dosyaları Mascot Distiller (v2.5.1:

MatrixScience) yazılımını kullanılarak MGF dosyalarına çevrildi ve Pyrenophora teres f. teres GENOM veri tabanı kullanılarak tanımlandı. İyon skoru Perkins ve grubuna göre (1999) %95 güvenle yüksek olan ve en az 2 veya daha fazla peptid içeren ve proteinler doğru olarak tanımlandı.

3.4. Biyoinformatik Analizler

Tanımlanan proteinlerin hücre altı lokalizasyon tahmini, sinyal peptidi içerip içermedikleri, domain analizleri ve transmembran domainleri içerip içermedikleri sırası ile;

a. WoLF PSORT (<http://www.genscript.com/wolf-psort.html>) (Horton vd. 2007) programını kullanarak ve organizma türü olarak fungi seçilerek FASTA formatında protein dizisi kullanılarak gerçekleştirildi.

b. Sinyal peptid içerikleri SignalP 4.1 programı (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>) (Peterson vd. 2011) kullanılarak, ve N terminalde sinyal peptid bölgesi olup olmadığı ise TargetP 1.1 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TargetP/>) (Emanuelsson vd. 2000) ile tahmin edildi. Bu programların her ikisi de Hidden Markov temelli programlardır. SignalP de “ökaryot” seçeneği seçildi TargetP de ise “nonplant” canlı seçeneği seçilerek protein dizileri FASTA formatında programa aktarılarak tahminler gerçekleştirildi.

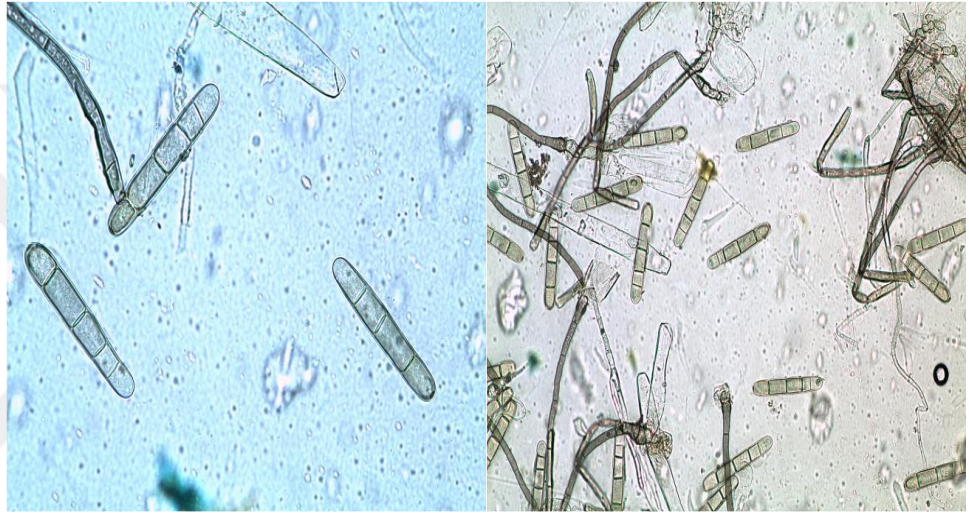
c. Domain Analizleri; hipotetik olarak tanımlanan proteinler için SMART (<http://smart.embl-heidelberg.de/>) (Letunic vd. 2014) ve PFAM (<http://pfam.xfam.org/>) (Finn vd. 2016) analizleri ile gerçekleştirildi. PFAM programının ana sayfasında “sequence search” opsiyonunda FASTA formatında protein dizisi girildi.

d. Transmembran domain varlığı; Sinyal peptid içeren proteinler için gerçekleştirildi ve proteinin sinyal peptid dizisi çıkarılarak protein dizisi TMHMM 2.0 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>) programına aktarılarak gerçekleştirildi.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Arpada ağ benek leke hastalığı nokta formuna neden olan *Drechslera teres* f. *maculata* patojeninin misel proteom profilinin çıkarılmasını amaçlayan bu çalışmada elde edilen bulgular ve bu bulguların literatürdeki durumu aşağıdaki gibi tartışılmaktadır.

Drechslera teres f. *maculata* ya ait tek spor profilleri Şekil 4.1’de verilmiştir, Şekil 3.1.2.1’de ise izolatların virülensliğinin tespitinde kullanılan Tekauz skalası verilmiştir



Şekil 4.1. *Drechslera teres* f. *maculata* tek spor profili

Çalışmada 5 biyolojik tekrar çalışılmıştır. Tablo 3 te GPS 79 izolatu için ekstraksiyonda kullanılan petri sayıları ve 7 günlük büyüme sonucunda elde edilen miselyum miktarları verilmiştir. GPS 79 izolatu için kullanılan petri sayısı 20 ± 3 ve elde edilen ortalama misel miktarı ise $7,20 \pm 2,07$ g dır. Tablo 4. de ise izolatu biyolojik tekrarlarından elde edilen protein konsantrasyonları verilmektedir.

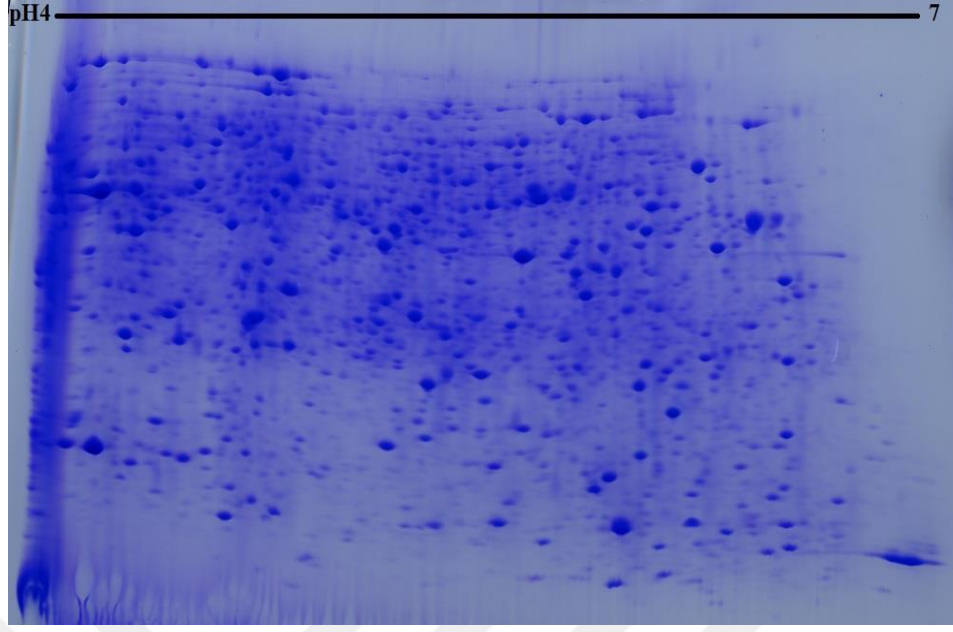
Tablo 4. GPS 79 izolatından misel protein ekstraksiyonunda kullanılan petri sayıları ve misel miktarları

Tekrar No	Ekstraksiyona Dahil Edilen Petri Sayısı	Toplanan Miselyum Miktarı (g)
Tekrar 1	20	9,2
Tekrar 2	26	9,98
Tekrar 3	17	5
Tekrar 4	19	7
Tekrar 5	19	7,2

Tablo 5. GPS 79 izolatının her bir biyolojik tekerrürden elde edilen protein konsantrasyonları

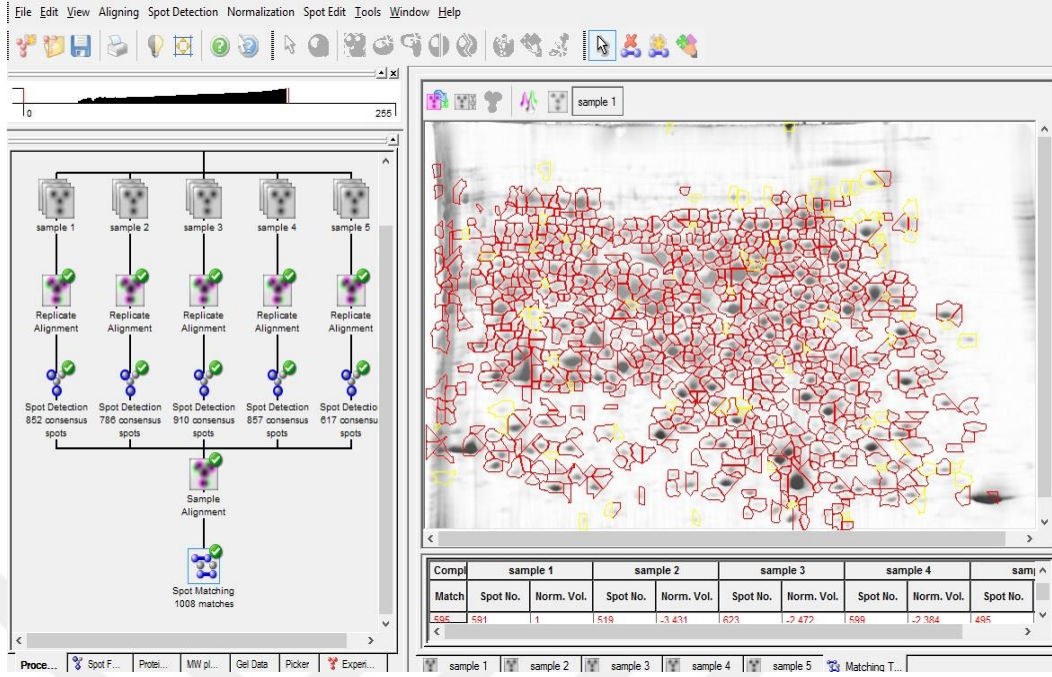
Tekrar No	GPS79 Protein Konsantrasyonu (mg/mL)
Tekrar 1	6,466
Tekrar 2	7,277
Tekrar 3	6,623
Tekrar 4	5,916
Tekrar 5	6,688

Çalışmada *Drechslera teres f. maculata* GPS 79 izolatına ait 7 günlük miselyum örneklerinden en iyi miktarda protein fenol-SDS metodu kullanılarak elde edildi. Elde edilen proteinin ayrılması işlemi pH 4-7 gradyentinde ve %10-20 akrilamid/bisakrilamid gradyent jelinde en yüksek miktarda gerçekleştirildi. Protein ayrılması sonucu elde edilen 2-DE görüntüsü Şekil 4.2’de sunuldu.



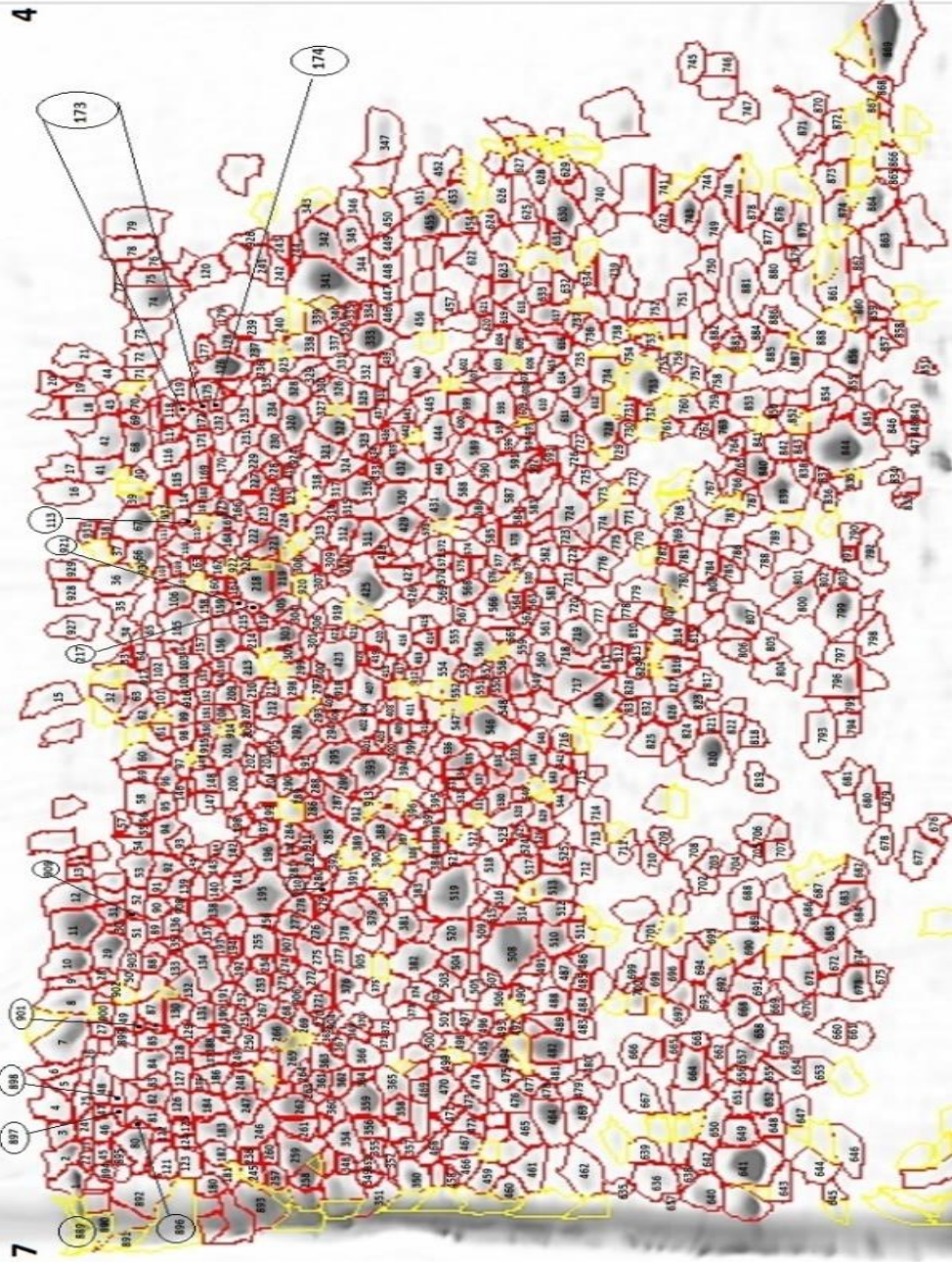
Şekil 4.2. *Drechslera teres* f. *maculata* GPS 79 izolatına ait proteom profili (1. Boyut pH 4-7 gradyenti, 24 cm, 2. Boyut %10-20 Akrilamid-bisakrilamid jeli)

Beş biyolojik tekrardan ve her bir biyolojik tekrar için gerçekleştirilen teknik tekrar 2DE işlemleri sonucu 15 jel elde edilmiştir. Böylece biyolojik tekrarlar arasındaki varyasyonlardan ve deneysel küçük değişikliklerden kaynaklı olabilecek farklılıkların berterafı gerçekleştirilmiştir. Syngene jel dökümantasyon ve spot analiz sistemi kullanılarak gerçekleştirilen imaj analizleri sonucunda elde edilen bu 15 jel kullanılarak Şekil 4.3. te gösterildiği gibi imaj analizi gerçekleştirilmiştir ve bu analiz sonucunda 1008 protein spotunun biyolojik tekrarlar arasında ortak olduğu tespit edildi fakat yapılan manuel değerlendirme ile sonuçlar birleştirildiğinde oluşturulan “**master jel**” de 932 protein spotu tespit edildi ve bu spotlar jelden kesilerek çıkarıldı.



Şekil 4.3. pH 4-7 GPS 79 biyolojik ve teknik tekrarların imaj analizi

Şekil 4.4.'te elde edilen ortak jel (master jel) de LC-MS/MS analizi için çıkarılan spotlar görülmektedir.



Şekil 4.4. pH 4-7 GPS 79 biyolojik ve teknik tekrarların imaj analizi sonucu numaralandırılan master jel görüntüsü.

Belirlenen 932 proteinlik proteom profilinden 108 spot seçilerek LC-MS/MS analizi ile kimlikleri tespit edildi ve sonuçlar Tablo 6’da sunulduğu gibidir.

Tablo 6. *Dechslerea teres f. maculata* GPS 79 İzolatu Proteom Profili

Spot no	Unique peptid sayısı	Teorik pI/mw (KDa)	Deneyisel pI/mw (KDa)	Protein tanımı	Accession No	Hücre altı Lokalizasyon*	Sinyal Peptit
4	68	5,69/72,88	6,67/170,636	Hipotetik protein	gi:311317371 (PTT_18412)	Mito	
10	3	5,25/248,34	6,32/155,357	Hipotetik protein	gi:311318543 (PTT_17390)	Nucl	
12	8	6,01/84,69	6,17/150,969	Hipotetik protein	gi 311321231 (PTT_15087)	Sito	
13	14	6,01/84,69	6,11/150,560	Hipotetik protein	gi 311321231 (PTT_15087)	Sito	
17	43	6,34/84,56	5,05/148,863	Hipotetik protein	gi 311323945 (PTT_12864)	Mito	
	58	6,01/84,69		Hipotetik protein	gi 311321231 (PTT_15087)	Sito	
18	13	6,01/84,69	4,89/143,474	Hipotetik	gi 311321231	Sito	

				protein	(PTT_15087)		
	4	5,77/83,43		Hipotetik protein	gi 311321252 (PTT_15053)	Extr	YES
22	9	6,34/84,56	6,82/153,819	Hipotetik protein	gi 311323945 (PTT_12864)	Mito	
23	7	6,43/86,40	6,79/154,321	Hipotetik protein	gi:311331996 (PTT_04937)	Sito	
25	5	5.46/68	6,68/156,781	Hipotetik protein	gi 311333512 (PTT_00362)	Extr	YES
	3	4.92/80.09		Hipotetik Protein	gi 311325385 (PTT_11683)	Sto	
48	2	5.16/95.20	6,67/144,589	Hipotetik protein	gi 311325613 (PTT_11535)	Sito	
	7	4.71/56.34		Hipotetik protein	gi 311317646 (PTT_18162)	Extr	YES
49	2	5.94/63.66	6,48/130,741	Hipotetik protein	gi 311315653 (PTT_19949)	Sito	
	7	6.43/71		Hipotetik	gi 311332457	Mito	

				protein	(PTT_03506)		
50	10	5.46/67.94	6,38/152,643	Hipotetik protein	gi 311333512 (PTT_00362)	Extr	YES
	9	5.10/74.21		Hipotetik protein	gi 311323556 (PTT_13087)	Extr	YES
	8	5.04/70		Hipotetik protein	gi 311325372 (PTT_11737)	Sito	
	8	5.50/81.97		Hipotetik protein	gi 311322599 (PTT_13902)	Mito	
	7	4.90/80.03		Hipotetik protein	gi 311325425 (PTT_11723)	Nucl	
51	25	6.01/84.69	6,27/147,808	Hipotetik protein	gi 311321231 (PTT_15087)	Sito	
	3	6.08/117.35		Hipotetik protein	gi 311321923 (PTT_14468)	Sito	
52	5	6.04/53.97	6,19/147,269	Hipotetik protein	gi 311328401 (PTT_09149)	Sito	YES
	4	5.80/64.64		Hipotetik protein	gi 311320766 (PTT_15486)	Sito	

	4	5.94/63.66		Hipotetik protein	gi 311315653 (PTT_19949)	Sito	
	4	5.87/58.09		Hipotetik protein	gi 311325385 (PTT_11683)	Sito	
53	16	5.23/98.46	6,10/144,052	Hipotetik protein	gi 311327612 (PTT_09804)	Sito	
56	16	5.87/58.09	5,96/132,479	Hipotetik protein	gi 311325385 (PTT_11683)	Sito	
	10	5.35/83.96		Hipotetik protein	gi 311323177 (PTT_13420)	Sito	
	12	5.62/67.30		Hipotetik protein	gi 311320690 (PTT_15531)	Sito	
57	12	5.50/81.97	5,96/133,541	Hypothetical protein	gi 311322599 (PTT_13902)	Mito	
	11	5.45/84.69		NADH-ubiquinone oxidoreducta	gi 187979835 (PTRG_03623)	Sito	

				se 75 kDa subunit, mitochondrial precursor [<i>P. tritici-repentis</i>]			
59	20	5.87/58.09	5,86/131,615	Hipotetik protein	gi 311325385 (PTT_11683)	Sito	
	15	5.84/56.96		Hipotetik protein	gi 311329308 (PTT_08331)	Extr	YES
60	22	5.52/79.014	5,82/139,615	Hipotetik protein	gi 311318794 (PTT_17182)	Sito	
62	25	5.62/67.30	5,71/139,120	Hipotetik protein	gi 311320690 (PTT_15531)	Sito	
	18	5.35/83.96		Hipotetik protein	gi 311323177 (PTT_13420)	Sito	
63	17	5.10/74.21	5,66/141,347	Hipotetik protein	gi 311323556 (PTT_13087)	Extr	YES
	11	5.46/67.94		Hipotetik	gi 311333512	Extr	YES

				protein	(PTT_00362)		
70	10	7.25/66.32	4.89.142.348	Hipotetik protein	gi 311321040 (PTT_15242)	Mito	
	6	5.93/62.33		Hipotetik protein	gi 311320708 (PTT_15515)	Sito	
72	9	4.75/58.51	4,75/134,882	Hipotetik protein)	gi 311316310 (PTT_19353)	Sito	
	5	5.06/67.54		Hipotetik protein	gi 311323030 (PTT_13533)	Extr	
73	29	5.62/67.30	4,69/133,422	Hipotetik protein	gi 311320690 (PTT_15531)	Sito	
	10	5.69/56.17		Hipotetik protein	gi 311320672 (PTT_15553)	Sito	
75	13	5.82/99.75	4,57/133,222	Hipotetik protein	gi 311328404 (PTT_09152)	Sito	
76	49	6.72/74.23	4,53/134,244	Hipotetik protein	gi 311332744 (PTT_02545)	Sito	

77	10	5.85/64.98	4,57/149,002	Hipotetik protein	gi 311324557 (PTT_12393)	Sito	
79	13	6.24/71.24	4,45/142,192	Hipotetik protein	gi 311316977 (PTT_18785)	Sito	
	16	5.88/57.74		Hipotetik protein	gi 311332959 (PTT_01922)	Sito-Perox	
	16	5.82/56.68		Hipotetik protein	gi 311321818 (PTT_14585)		
83	-	-	6,66/141,220	NO HIT	-	-	
84	32	5.36/64.37	6,6/139,121	Hipotetik protein	gi 311329933 (PTT_07786)	Sito	
85	34	5.78/63.09	6,54/138,997	Hipotetik protein	gi 311319944 (PTT_16162)	Sito	
	23	5.59/62.96		Pyruvate decarboxylase [<i>P. tritici</i> -5)	gi 187979272 (PTRG_03375)	Sito	

				<i>repentis]</i>			
87	11	6.00/46.74	6,46/137,604	Hipotetik protein	gi 311320725 (PTT_15505)	Extr	YES
91	9	4.90/80.03	6,15/136,655	Hipotetik protein	gi 311325425 (PTT_11723)	Nucl	
92	30	6.33/64.36	6,11/133,198	Hipotetik protein	gi 311318079 (PTT_17811)	Sito	
	14	6.22/64.35		WD repeat containing protein 2 [<i>P. tritici-repentis]</i>	gi 187977966 (PTRG_1154 2)	Sito	
93	48	6.69/60.88	6,03/126,309	Hipotetik protein	gi 311324041 (PTT_12822)	Mito	
94	-	-	6,01/131,357	NO HIT			
95	37	6.57/67.46	5,94/131,947	Hipotetik	gi 311319652	Mito	

				protein	(PTT_16417)		
	10	5.59/89.46		Hipotetik protein	gi 311321565 (PTT_14782)	Mito-Sito	
96	13	6.00/54.36	5,87/129,587	Hipotetik protein	gi 311320328 (PTT_15834)	Sito	
	12	6.44/54.44		Aldehyde dehydrogenas e [<i>P. tritici- repentis</i>]	gi 187984551 (PTRG_0712 0)	Sito	
97	10	6.12/58.87	5,84/122,241	Hipotetik protein	gi 311325199 (PTT_118799)	Sito	
	7	6.15/59.75		Hipotetik protein	gi 311331295 (PTT_06660)	Perox	
98	4	6.08/117.35	5,77/119,981	Hipotetik protein	gi 311321923 (PTT_14468)	Sito-Nucl	

99	31	6.00/54.36	5,72/120,254	Hipotetik protein	gi 311320328 (PTT_15834)	Sito	
100	10	5.23/98.46	5,62/119,240	Hipotetik protein	gi 311327612 (PTT_09804)	Sito	
104	13	4.92/80.03	5,52/117,822	Hipotetik protein	gi 311325425 (PTT_11723)	Nucl	
105	16	7.01/61.74	5,46/118,661	Hipotetik protein	gi 311319605 (PTT_16469)	Perox	
	11	6.65/262		Hipotetik protein	gi 311331188 (PTT_06770)	Nucl	
107	23	5.36/57.55	5,35/120,444	Hipotetik protein	gi 311328445 (PTT_09083)	Sito	
108	7	5.99/61.70	5,31/126,821	Hipotetik protein	gi 311330479 (PTT_07333)	Mito	

109	6	5.16/95.20	5,3/120,719	Hipotetik protein	gi 311325613 (PTT_11535)	Sito	
111	13	6.12/60.81	5,22/126,351	Hipotetik protein	gi 311315271 (PTT_20250)	Sito	
114	17	5.99/61.70	5,13/122,182	Hipotetik protein	gi 311330479 (PTT_07333)	Mito	
115	23	5.57/60.57	5,07/121,477	Hipotetik protein	gi 311325907 (PTT_11268)	Sito	
116	5	6.00/54.36	5,01/123,860	Hipotetik protein	gi 311324041 (PTT_12822)	Mito	
117	19	5.97/61.41	4,97/124,813	Hipotetik protein	gi 311320699 (PTT_15540)	Sito	
119	28	5.57/60.57	4,86/113,046	Hipotetik protein	gi 311325907 (PTT_11268)	Sito	

122	10	5.59/51.67	4,56/115,122	Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase [<i>P. tritici-repentis</i>]	gi 187981217 (PTRG_04936)	Mito	
123	14	6.00/54.36	6,85/132,652	Hipotetik protein	gi 311324041 (PTT_12822)	Mito	
124	9	5.31/56.49	6,81/131,308	Hipotetik protein	gi 311324131 (PTT_12738)	Sitoskl	
	10	5.29/55.45		Hipotetik protein	gi 311329057 (PTT_08562)	Extr	YES
128	15	5.36/66.89	6,58/129,124	Hipotetik protein	gi 311324579 (PTT_12415)	Sito	

130	25	5.69/56.17	6,45/130,030	Hipotetik protein	gi 311320672 (PTT_15553)	Sito	
131	31	5.65/57.34	6,47/119,361	Hipotetik protein	gi 311331024 (PTT_06848)	Sito	
	29	5.71/57		T-complex protein 1 subunit beta [P. tritici-repentis]	gi 187978674 (PTRG_02777)	Sito	
133	12	5.46/52.82	6,35/130,900	Hipotetik protein	gi 311330637 (PTT_07197)	Sito	
135	28	5.31/56.49	6,29/130,900	Hipotetik protein	gi 311324131 (PTT_12738)	SitoSkl	
138	19	YOK	6,22/113,685	Hipotetik protein	gi 311333477 (PTT_00408)	Mito	

139	9	5.82/99.75	6,15/128,465	Hipotetik protein	gi 311328404 (PTT_09152)	Sito	
143	-	-	6,1/112,204	NO HIT	-	-	
147	12	5.85/49.10	5,93/113,818	Hipotetik protein	gi 311323498 (PTT_13160)	Nucl	
	11	5.89/48.83		Hipotetik protein	gi 311326138 (PTT_11088)	Sito	
150	-	-	5,76/110,070	-	-	-	
152	6	5.71/51.79	5,66/109,816	Hipotetik protein	gi 311330702 (PTT_07156)	Mito	
155	23	6.14/54.07	5,57/103,558	Hipotetik protein	gi 311322842 (PTT_13680)	Sito	

156	12	5.84/82.99	5.51/103,951	Hipotetik protein	gi 311316573 (PTT_19133)	Sito	
158	16	5.57/60.57	5,41/111,929	Hipotetik protein	gi 311325907 (PTT_11268)	Sito	
159	6	5.69/56.17	5,41/104,679	Hipotetik protein	gi 311320672 (PTT_15553)	Sito	
162	22	5.77/67.68	5,31/106,412	Hipotetik protein	gi 311333111 (PTT_01506)	Mito	
	42	5.81/50.66		Hipotetik protein	gi 311322873 (PTT_13677)	Sito	
163	33	5.46/52.82	5,3/104,562	Hipotetik protein	gi 311330637 (PTT_07197)	Sito	
165	33	5.46/52.82	5,2/104,381	Hipotetik protein	gi 311330637 (PTT_07197)	Sito	

166	11	5.23/51.57	5,17/98,345	Hipotetik protein	gi 311327902 (PTT_09571)	Sito	
167	12	6.14/54.07	5,15/110,237	Hipotetik protein	gi 311322842 (PTT_13680)	Sito	
169	13	6.14/54.07	5,05/111,456	Hipotetik protein	gi 311322842 (PTT_13680)	Sito	
170	17	5.81/50.66	5,06/97,499	Hipotetik protein	gi 311322873 (PTT_13677)	Sito	
171	61	5.66/54.39	4,99/112,900	Hipotetik protein	gi 311315314 (PTT_20217)	Sito	
172	31	6.18/42.67	4,94/113,046	Hipotetik protein	gi 311329848 (PTT_07872)	Sito	
178	16	5.57/71.94	4,72/106,248	Hipotetik protein	gi 311316083 (PTT_19552)	Sito	

180	10	6.14/54.07	6,91/121,964	Hipotetik protein	gi 311322842 (PTT_13680)	Sito	
183	4	7.17/134.93	6,78/118,899	Hipotetik protein	gi 311328327 (PTT_09195)	Extr	YES
	4	6.06/49.15		Hipotetik protein	gi 311330604 (PTT_07229)	Nucl	
185	11	5.19/47.26	6,69/121,647	Hipotetik protein	gi 311331037 (PTT_06862)	Sito	
191	3	5.23/98.46	6,47/112,372	Hipotetik protein	gi 311327612 (PTT_09804)	Sito	
194	50	5.53/50.96	6,31/111,084	Hipotetik protein	gi 311318624 (PTT_17303)	Nucl	
197	10	6.09/43.64	6,08/95,553	Hipotetik protein	gi 311332617 (PTT_02982)	Sito	
199	55	5.45/41.64	5,98/93,507	Hipotetik protein	gi 311328903 (PTT_08677)	SitoSk1	

201	9	5.04/70.20	5,89/102,547	Hipotetik protein	gi 311325372 (PTT_11737)	Sito	
	7	5.82/99.75		Hipotetik protein	gi 311328404 (PTT_09152)	Sito	
	22	5.19/47.26		Hipotetik protein	gi 311331037 (PTT_06862)	Sito	
202	14	5.37/53.89	5,82/103,799	ATP synthase subunit beta [<i>P. tritici-repentis</i>]	gi 187979914 (PTRG_0370 2)	Mito	
203	19	5.19/52.95	5,86/91,462	Hipotetik protein	gi 311331866 (PTT_05307)	Sito	
	38	5.84/48.94		Hipotetik protein	gi 311316552 (PTT_19146)	Sito	
210	22	5.19/47.26	5,66/101,997	Hipotetik protein	gi 311331037 (PTT_06862)	Sito	
	21	5.69/110.41		Hipotetik protein	gi 311329324 (PTT_08317)	Sito	
	23	5.22/60.89		Karboksipeptidaz	gi 187976885 (PTRG_1046)	Extr	

				Yprecursor [<i>P. tritici-repentis</i>]	1)		
211	11	6.23/53.11	5,64/ 95,471	Hipotetik protein	gi 311323385 (PTT_13228)	Sito	
212	14	6.94/ 47.47	5,66/ 84,916	Hipotetik protein Partial	gi 311332885 (PTT_02105)	-----	
218	37	6.94/ 47.47	5,42/ 97,921	Hipotetik protein Partial	gi 311332885 (PTT_02105)	-----	
221	10	5.82/ 99.75	5,3/ 95,456	Hipotetik protein	gi 311328404 (PTT_09152)	Sito	
222	6	5.19/ 47.26	5,25/ 89,967	Hipotetik protein	gi 311331037 (PTT_06862)	Sito	
	5	4.98/ 48.71		Hipotetik protein	gi 311323483 (PTT_13145)	Extr	YES
224	15	5.47/ 42.78	5,17/ 91,068	Hipotetik	gi 311329409	Mito	

				protein	(PTT_08242)		
	12	5.63/ 48.10		Hipotetik protein	gi 311325431 (PTT_11669)	Sito	
227	11	5.98/31.56	5,13/ 88,424	Hipotetik protein	gi 311325728 (PTT_11420)	Mito	
	11	6.18/ 40.20		Hipotetik protein Partial	gi 311325538 (PTT_11597)	-----	
229	44	5.19/ 47.26	5,07/ 88,727	Hipotetik protein	gi 311331037 (PTT_06862)	Sito	
	37	5.31/ 47.48		Enolase [<i>P. triticum- repentis</i>]	gi 187978686 (PTRG_0278 9)	Sito	
231	62	6.14/ 54.07	4,99/ 90,159	Hipotetik proteiN	gi 311322842 (PTT_13680)	Sito	
232	72	5.45/ 41.64	4,99/ 97,499	Hipotetik protein	gi 311328903 (PTT_08677)	SiytoSkI	
	34	6.23/ 53.11		Hipotetik protein	gi 311323385 (PTT_13228)	Sito	

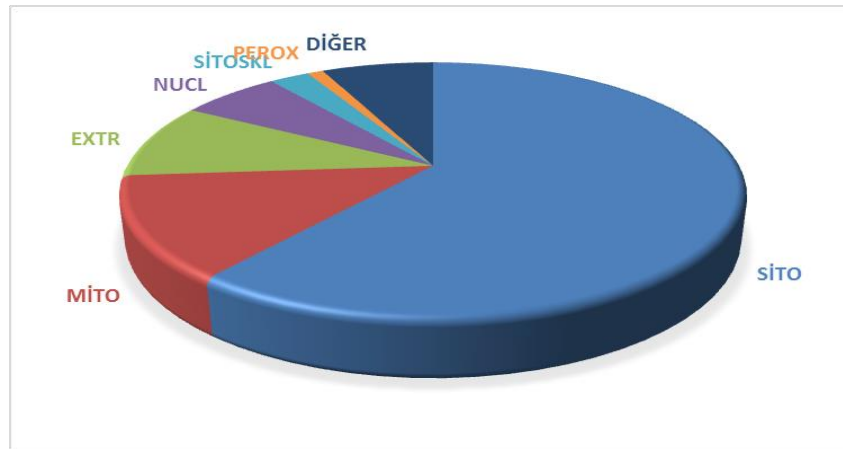
233	26	5.49/ 41.41	4,94/ 106,680	Survival factor 1 [<i>P. tritici-repentis</i>]	gi 187975430	Sito	
	31	5.25/ 41.34		Hipotetik protein	gi 311319520 (PTT_16544)	Sito	
	25	4.92/ 80.03		Hipotetik protein	gi 311325425 (PTT_11723)	Nucl	
235	172	5.19/ 47.26	4,91/ 91,229	Hipotetik protein	gi 311331037 (PTT_06862)	Sito	
	134	5.31/ 47.48		Enolase [<i>P. tritici-repentis</i>]	gi 187978686 (PTRG_02789)	Sito	
236	36	5.28/ 53.81	4,85/97,633	Hipotetik protein	gi 311316969 (PTT_18777)	Sito	
	32	5.53/ 52.28		Hipotetik protein	gi 311317832 (PTT_18008)	Sito	
237	13	6.64/ 44.64	4,8/96,711	Hipotetik		Sito	

				protein	gi 311328129 (PTT_09362)		
	13	5.63/ 36.05		Hipotetik protein	gi 311329210 (PTT_08465)	Sito	
239	17	6.64/ 44.64	6,83/ 106,496	Hipotetik protein	gi 311328129 (PTT_09362)	Sito	
240	58	5.51/ 47.80	4,69/ 98,359	Hipotetik protein	gi 311316234 (PTT_19429)	Mito	
	40	5.06/ 44.63		Hipotetik protein	gi 311330840 (PTT_07032)	Nucl	
	40	4.98/ 48.71		Hipotetik protein	gi 311323483 (PTT_13145)	Extr	YES
242	105	5.04/ 70	4,55/ 96,277	Hipotetik protein	gi 311325372 (PTT_11737)	Sito	
255	9	7.58/ 48.60	6,35/ 97,395	Hipotetik protein	gi 311333343 (PTT_00758)	Mito	
	6	5.48/42.56		Hipotetik protein	gi 311329985 (PTT_07756)	Sito	

İmaj analizi sonucu tespit edilen 932 spottan jelde ekspresyon seviyesi en yüksek olan protein spotlarının tanımlanmasına öncelik verilmiştir ve 108 protein spotu için yapılan LC-MS/MS analizleri sonucunda Mascotscience (www.mascotscience.com) algoritması kullanılarak elde edilen peptid kütle ve sekansları 2010 yılında ilk olarak yayınlanan *P.terres* f. *terres* genom dizisi ve *P. tritici-repentis* veri tabanları kullanılarak yapılan karşılaştırmalar sonucu belirlendi. Bu analiz sırasında 3 ve daha fazla sayıda peptid hit veren proteinler doğru ve anlamlı olarak kabul edildi. Çalışma kapsamında 108 spot için yapılan protein tanımlanması sonucunda 4 spotun her hangi bir proteine karşılık gelmediği tespit edildi.

Kimlikleri tespit edilen 104 spota karşılık ise 158 protein tanımlandı. Bazı spotlar aynı proteinlere hit vermişlerdir bunlar çıkarıldığında tanımlanan tek protein sayısı 127 dir. Tanımlanan proteinler incelendiğinde %94' ünün hipotetik protein olduğu görülmektedir. %2' si piruvat metabolizması, %1.3'ü glikoliz, %1.3' ü oksido redüksiyon aktivitesine, %1.3' ü ATP bağlama aktivitesine sahip diğerlerinin ise proteaz ve mRNA regülasyonunda görev aldığı tespit edilmiştir.

Tanımlanan proteinlerin hücredeki lokasyonları WoLF PSORT programı ile tahmin edilmiştir ve sonuçlar Şekil 4.5 te verilmiştir. Buna göre tanımlanan proteinlerin en büyük kısmını sitozolik proteinlerin oluşturduğu, ikinci sırada mitokondriyal proteinlerin yer aldığı ve onları ekstraselüler proteinlerin takip ettiği görülmektedir.



Şekil 4.5. Dresschlerea teres f. maculata GPS 79 izolatu protein yerleşimleri

Ekstraselüler özellikte olan proteinler ise özellikle patojenin virülensliği açısından son derece önemlidir. Toplam 15 proteinin ekstraselüler olduğu ve farklı spotlarda aynı proteine karşı gelenler çıkarıldığında 11 proteinin ekstraselüler olduğu saptanmıştır.

Tanımlanan proteinlerin sinyal peptid içerip içermedikleri incelendiğinde ise 14 proteinin sinyal peptid içerdiği tespit edildi bu peptidlerin 1 tanesi hariç tamamı ekstraselüler proteinlerdir. Ekstraselüler olmadığı halde sinyal peptid içeren protein spot 52 için tanımlanmış olan gi|311328401 numaralı proteindir. TargetP ile yapılan analizde ise bu proteinlerin salgılama yolağında (secretory pathway) yer aldıkları tespit edildi.

Sinyal peptid içeren bu proteinlerin sinyal peptid dizileri çıkarılarak trans membran domainleri içerip içermedikleri TMHMM 2.0 ile test edildiğinde ise spot 50 ve 63 için tanımlanan gi|311323556 kimlikli proteinin trans membran heliksine sahip olduğu görülmüştür.

Hipotetik olan proteinlerin fonksiyonu hakkında bilgi sahibi olmak için biyo informatik analizler yardımı ile yapılan domain analizleri sonucu (PFAM ve SMART analizleri) Tablo 7. de sunuldu.

Tablo 7. Tanımlanan Proteinlere Ait Domain Bilgisi

Spot no	Accession No	DOMAIN	
		Smart	Pfam
4	gi:311317371 (PTT_18412)	HSP70	HSP70
10	gi:311318543 (PTT_17390)	TPR/MLP1/MLP2- like protein	TPR/MLP1/MLP2- like protein
12	gi 311321231 (PTT_15087)	Peroksidaz	Peroksidaz
13	gi 311321231 (PTT_15087)	Peroksidaz	Peroksidaz
17	gi 311323945	Akonitaz	Akonitaz

	(PTT_12864)		
	gi 311321231 (PTT_15087)	Peroksidaz	Peroksidaz
18	gi 311321231 (PTT_15087)	Peroksidaz	Peroksidaz
	gi 311321252 (PTT_15053)	Beta Heliks Pektat Liyaz 3	Pektat Liyaz 3
22	gi 311323945 (PTT_12864)	Akotinaz	Akonitaz
23	gi:311331996 (PTT_04937)	Metiyonin Sentaz 1- 2	Metiyonin Sentaz 1- 2
25	gi 311333512 (PTT_00362)	Gliko Hidrolaz 20	Gliko Hidrolaz 20
	gi 311325385 (PTT_11683)	Piruvat Kinaz	Piruvat Kinaz
48	gi 311325613 (PTT_11535)	PH_6	PH_6
	gi 311317646 (PTT_18162)	Gliko Hidrolaz 47	Gliko Hidrolaz 47
49	gi 311315653 (PTT_19949)	Pirimidin Nükleotid Disülfit Oksido Redüktaz	Pirimidin Nükleotid Disülfit Oksido Redüktaz
	gi 311332457 (PTT_03506)		
50	gi 311333512 (PTT_00362)	Gliko Hidrolaz 20	Gliko Hidrolaz 20
	gi 311323556 (PTT_13087)	Mrb-Mbl	HSP70
	gi 311325372 (PTT_11737)	Mrb-Mbl	HSP70

	gi 311322599 (PTT_13902)	Molibdopterin Fer2	Molibdopterin Fer2
	gi 311325425 (PTT_11723)	HSP90 HATPase_c	HSP90 HATPase_c
51	gi 311321231 (PTT_15087)	Peroksidaz	Peroksidaz
	gi 311321923 (PTT_14468)	AAA ATPaz	ABC Transporter
52	gi 311328401 (PTT_09149)	Tiyoredoksin 6	Tiyoredoksin
	gi 311320766 (PTT_15486)	Tiamin Pirofosfat Binding Enzim	Tiamin Pirofosfat Binding Enzim
	gi 311315653 (PTT_19949)	Piridin Dinükleotid Disülfid Oksidoredüktaz	Piridin Nükleotid Disülfid Oksidoredüktaz
	gi 311325385 (PTT_11683)	Piruvat Kinaz	Piruvat Kinaz
53	gi 311327612 (PTT_09804)	Peptidaz m1 ERAP 1c	Peptidaz ERAP 1c
56	gi 311325385 (PTT_11683)	Peptidaz m1 ERAP 1c	Piruvat Kinaz
	gi 311323177 (PTT_13420)	Peptidaz M13	Peptidaz M13
	gi 311320690 (PTT_15531)	Peptidaz M13	GMC Oksidoredüktaz
57	gi 311322599 (PTT_13902)	Glukoz Metanol Kolin Oksidoredüktaz	Molibdopterin Oksidoredüktaz Fer2
	gi 187979835 (PTRG_0362)	Molibdopterin Fer2	Molibdopterin Oksidoredüktaz

	3)		Fer2
59	gi 311325385 (PTT_11683)	Piruvat Kinaz	Piruvat Kinaz
	gi 311329308 (PTT_08331)	DUF1237	DUF1237
60	gi 311318794 (PTT_17182)	Peptidaz M49	Peptidaz M49
62	gi 311320690 (PTT_15531)	Peptidaz M13	GMC Oksidoredüktaz
	gi 311323177 (PTT_13420)	Peptidaz M13	Peptidaz M13
63	gi 311323556 (PTT_13087)	Mrb-Mbl	HSP70
	gi 311333512 (PTT_00362)	Gliko Hidrolaz 20	Gliko Hidrolaz 20
70	gi 311321040 (PTT_15242)	PEP Mutaz	ICL
	gi 311320708 (PTT_15515)	Fosfoenol Piruvat Karboksikinaz	PEPCK_ATP
72	gi 311316310 (PTT_19353)	Tiyoredoksin_6	Tiyoredoksin_6
	gi 311323030 (PTT_13533)	Peptidaz M36	Peptidaz M36
73	gi 311320690 (PTT_15531)	Peptidaz M13	GMC Oksidoredüktaz
	gi 311320672 (PTT_15553)	UDPGP	UDPGP
75	gi 311328404 (PTT_09152)	HSP70	HSP70
76	gi 311332744 (PTT_02545)	Glukoz Metanol Kolin	Glukoz Metanol Kolin

		Oksidoredüktaz	Oksidoredüktaz
77	gi 311324557 (PTT_12393)	Tiamin Pirofosfat Binding Enzim	Tiamin Pirofosfat Binding Enzim
79	gi 311316977 (PTT_18785)	Amino Oksidaz	Amino Oksidaz
	gi 311332959 (PTT_01922)	GTP Siklohidrolaz 2	GTP Siklohidrolaz 2
	gi 311321818 (PTT_14585)	Sitokrom b5 like dom Glutamat sentaz	FMN Dehidrogenaz
84	gi 311329933 (PTT_07786)	Tetra trikopeptit tekrarları ve STI 1	
85	gi 311319944 (PTT_16162)	TPP Enzim	TPP Enzim
	gi 187979272 (PTRG_0337 5)	TPP Enzim	TPP Enzim
87	gi 311320725 (PTT_15505)	Selülaz	Selülaz
91	gi 311325425 (PTT_11723)	HSP90 HATPase_c	HSP90 HATPase_c
92	gi 311318079 (PTT_17811)	WD 40 tekrarları	WD 40 tekrarları
	gi 187977966 (PTRG_1154 2)	WD 40 tekrarları	WD 40 tekrarları
93	gi 311324041 (PTT_12822)	2-Metilsitrat Dehidrataz	2-Metilsitrat Dehidrataz
94			
95	gi 311319652	Ras	Ras

	(PTT_16417)	tRNA Sentaz 2-b	tRNA Sentaz 2-b
	gi 311321565 (PTT_14782)	Rafinoz Sentaz	Ras tRNA Sentaz
96	gi 311320328 (PTT_15834)	Aldehit Dehidrogenaz	Aldehit Dehidrogenaz
	gi 187984551 (PTRG_0712 0)	Aldehit Dehidrogenaz	Aldehit Dehidrogenaz
97	gi 311325199 (PTT_11879 9)	PGM Scop 3	PGM_PMM 1 PGM_PMM 4
	gi 311331295 (PTT_06660)	Fosfo Enol Pruvat Mutaz	İzositrat Liyaz
98	gi 311321923 (PTT_14468)	AAA ATPaz	ABC Transporter
99	gi 311320328 (PTT_15834)	Aldehit Dehidrogenaz	Aldehit Dehidrogenaz
100	gi 311327612 (PTT_09804)	Peptidaz m1 ERAP 1c	Peptidaz M1 ERAP1
104	gi 311325425 (PTT_11723)	HSP90 HATPase_c	HSP90 HATPase_c
105	gi 311319605 (PTT_16469)	Malat Sentaz	Malat Sentaz
	gi 311331188 (PTT_06770)	2,3 bifosfogliserat mutaz	NACHT
107	gi 311328445 (PTT_09083)	NACHT	Metaloenzim
108	gi 311330479	Cpn60_TCP1	Cpn60_TCP1

	(PTT_07333)		
109	gi 311325613 (PTT_11535)	PH_6	PH_6
111	gi 311315271 (PTT_20250)	Amidaz	Amidaz
114	gi 311330479 (PTT_07333)	Cpn60_TCP1	Cpn60_TCP1
115	gi 311325907 (PTT_11268)	PGM_PMM	PGM_PMM
116	gi 311324041 (PTT_12822)	2-Metilsitrat Dehidrataz	2-Metilsitrat Dehidrataz
117	gi 311320699 (PTT_15540)	Fosfo Glukoz Ízomeraz	Fosfo Glukoz Ízomeraz
119	gi 311325907 (PTT_11268)	PGM_PMM	PGM_PMM
123	gi 311324041 (PTT_12822)	2-Metilsitrat Dehidrataz	2-Metilsitrat Dehidrataz
124	gi 311324131 (PTT_12738)	Fosfoglukó Ízomeraz	ATP Sintáz_ab
	gi 311329057 (PTT_08562)	FAD binding 4	FAD binding 4
128	gi 311324579 (PTT_12415)	B3_4 B5 scop	B3_4 B5 scop
130	gi 311320672 (PTT_15553)	UDPGP	UDPGP
131	gi 311331024 (PTT_06848)	Cpn60_TCP1	Cpn60_TCP1
	gi 187978674 (PTRG_0277 7)	Cpn60_TCP1	Cpn60_TCP1

133	gi 311330637 (PTT_07197)	M20 Dimer	Peptidaz_M20
135	gi 311324131 (PTT_12738)	Fosfogluko İzomeraz	ATP Sintaz_ab
138	gi 311333477 (PTT_00408)	Hekzokinaz	Hekzokinaz_1 Hekzokinaz_2
139	gi 311328404 (PTT_09152)	HSP70	HSP70
147	gi 311323498 (PTT_13160)	Metil Transferaz	Metil Transferaz
	gi 311326138 (PTT_11088)	Glutamat/Lösin/Feni lalanin/Valin Dehidrogenaz	Glutamat/Lösin/Feni lalanin/Valin Dehidrogenaz
152	gi 311330702 (PTT_07156)	Biotin-lipoil attachment dom 2-okzo asid dehidrogenaz	2-okzo asid dehidrogenaz Biotin-lipoil attachment dom
155	gi 311322842 (PTT_13680)	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz, NAD binding 2	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz, NAD binding 2
156	gi 311316573 (PTT_19133)	Pdb(metal binding hidrolaz), Aldehit Dehidrogenaz	Aldehit Dehidrogenaz
158	gi 311325907 (PTT_11268)	PGM_PMM,	PGM_PMM
159	gi 311320672 (PTT_15553)	UDPGP	UDPGP
162	gi 311333111 (PTT_01506)	DUF	DUF1899 WD40
	gi 311322873	HMG_CoA_Sentaz	HMG_CoA_Sentaz

	(PTT_13677)		
163	gi 311330637 (PTT_07197)	M20 Dimer	Peptidaz_M20
165	gi 311330637 (PTT_07197)	M20 Dimer	Peptidaz_M20
166	gi 311327902 (PTT_09571)	GDI	GDI
167	gi 311322842 (PTT_13680)	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz, NAD binding 2	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz, NAD binding 2
169	gi 311322842 (PTT_13680)	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz, NAD binding 2	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz, NAD binding 2
170	gi 311322873 (PTT_13677)	HMG_CoA_Sentaz	HMG_CoA_Sentaz
171	gi 311315314 (PTT_20217)	Aldehit Dehidrogenaz	Aldehit Dehidrogenaz
172	gi 311329848 (PTT_07872)	Galakto homoserin Kinaz	GHMP_Kinaz
178	gi 311316083 (PTT_19552)	Peptidaz	Peptidaz M1, Lökotrien A4 Hidrolaz
180	gi 311322842 (PTT_13680)	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz, NAD binding 2	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz NAD binding 2
183	gi 311328327 (PTT_09195)	Gliko Hidrolaz3	Glikosil Hidrolaz, GlutaminAmido Transferaz, KarbamolFosfat Sentaz, Fibronektin type3

	gi 311330604 (PTT_07229)	AAA ATPaz	AAA ATPaz
185	gi 311331037 (PTT_06862)	Enolaz	Enolaz
191	gi 311327612 (PTT_09804)	Peptidaz m1 ERAP 1c	Peptidaz m1 ERAP 1c
194	gi 311318624 (PTT_17303)	Metil Transferaz	Metil Transferaz
197	gi 311332617 (PTT_02982)	Mannitol Dehidrogenaz	Mannitol Dehidrogenaz
199	gi 311328903 (PTT_08677)	Aktin	Aktin
201	gi 311325372 (PTT_11737)	Mreb-Mbl	HSP70
	gi 311328404 (PTT_09152)	HSP70	HSP70
	gi 311331037 (PTT_06862)	Enolaz	Enolaz
202	gi 187979914 (PTRG_0370 2)	ATP Sintaz_ab	ATP Sintaz_ab
203	gi 311331866 (PTT_05307)	Prenil Transferaz	Prenil Transferaz ve sequalin oksidaz tekrar
	gi 311316552 (PTT_19146)	S-adenozil homosistein hidrolaz	S-adenozil-L- homosisteinHidrolaz NAD binding domain
210	gi 311331037 (PTT_06862)	Enolaz	Enolaz
	gi 311329324	Fosfodiesteraz,	Fosfodiesteraz,

	(PTT_08317)	Glutatyon S-Transferaz, EF1G	Glutatyon S-Transferaz EF1G
	gi 187976885 (PTRG_10461)	Karboksi Peptidaz, Peptidaz_S10	Karboksi Peptidaz Peptidaz_S10
211	gi 311323385 (PTT_13228)	Aldehit Dehidrogenaz	Aldehit Dehidrogenaz
212	gi 311332885 (PTT_02105)	Peptidaz M16	Peptidaz M16
218	gi 311332885 (PTT_02105)	Peptidaz M16	Peptidaz M16
221	gi 311328404 (PTT_09152)	HSP70	HSP70
222	gi 311331037 (PTT_06862)	Enolaz	Enolaz
	gi 311323483 (PTT_13145)	Peroksidaz_2	Peroksidaz_2
224	gi 311329409 (PTT_08242)	Glutamin Sentetaz C	Glutamin Sentetaz Katalitik domain
	gi 311325431 (PTT_11669)	DUF1688	DUF1688
227	gi 311325728 (PTT_11420)	PeptidaZ S 9	Esteraz
	gi 311325538 (PTT_11597)	DAHP Sentetaz_1	DAHP Sentetaz_1
229	gi 311331037 (PTT_06862)	Enolaz	Enolaz
	gi 187978686 (PTRG_0278)	Enolaz	Enolaz

	9)		
231	gi 311322842 (PTT_13680)	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz NAD binding 2	6-Fosfo Glukonat Dehidrogenaz NAD binding 2
232	gi 311328903 (PTT_08677)	Aktin	Aktin
	gi 311323385 (PTT_13228)	Aldehit Dehidrogenaz	Aldehit dehidrogenaz
233	gi 311319520 (PTT_16544)	Svf 1	Svf1-like domain
	gi 311325425 (PTT_11723)	HSP90 HATPase_c	HSP90 HATPase_c
235	gi 311331037 (PTT_06862)	Enolaz	Enolaz
	gi 187978686 (PTRG_0278 9)	Enolaz	Enolaz
236	gi 311316969 (PTT_18777)	Hekzokinaz	Hekzokinaz
	gi 311317832 (PTT_18008)	Aldehit dehidrogenaz	Aldehit dehidrogenaz
237	gi 311328129 (PTT_09362)	E3rlu5_pyrтт Fosfo gliserat kinaz (uniprot)	PGK
	gi 311329210 (PTT_08465)	Transaldolaz	TAL_FSA
239	gi 311328129 (PTT_09362)	E3rlu5_pyrтт Fosfo gliserat kinaz (uniprot)	PGK
240	gi 311316234 (PTT_19429)	ATP_grasp_2 CoA Ligaz	ATP_grasp_2 CoA Ligaz

	gi 311330840 (PTT_07032)	Dead like Helicases superfamily	DEAD Helikaz
	gi 311323483 (PTT_13145)	Peroksidaz_2	Peroksidaz_2
242	gi 311325372 (PTT_11737)	Mrb-Mbl	HSP70
255	gi 311333343 (PTT_00758)	Acyl_CoA dehidrogenaz	Acyl_CoA dehidrogenaz
	gi 311329985 (PTT_07756)	S-adenozil metiyonin sentaz	S-adenozil metiyonin Sentaz

Tablo 7. incelendiğinde 5 spotta (#25, #48, 50, #63, #183) tanımlanan proteinlerin savunma sistemi proteinlerinden olan glikohidrolaz ailesine ait domainler içerdiği görülmektedir. 19 spota ait hipotetik proteinlerin ise çeşitli dehidrogenaz domainine sahiptirler. 14 spota (#4, #50, #63, #75, #91, #104, #139, #201, #221, #233, #242, #108, #114, #131) ait hipotetik protein ise ısı şok protein domainlerine ve şaporonin domainlerine sahiptirler. 6 spota (#185, # 201, # 210, #222, #229, # 235) ait 2 protein ise sırası ile gi|311331037 ve gi|187978686 kimlikli proteinler enolaz domaini ne sahiptirler. 15 spot (#53, #56, #60, #62, 73, #100, #133, #163, #165, #178, #191, #210, #212, #218, #227) peptidaz domainine sahiptirler, belirtilen bu spotlar için tanımlanan hipotetik proteinler; gi|311327612, gi|311325385, gi|311323177, gi|311320690, gi|311318794, gi|311323030, gi|311330637, gi|311316083, gi|187976885 ve gi|311325728 dir. Spot 23, 79, 183 ve 255 ise amino asit metabolizması ile ilgili domainlere sahiptirler. Diğer hipotetik proteinler ise çeşitli protein domainlerine sahiptirler.

İsmail ve Able tarafından 2016 yılında yayınlanan arpada ağ benek leke hastalığı ağ tipine neden olan *P.teres* f. *teres* patojeninin yüksek virülenslikteki izolatları ile gerçekleştirilmiş olan sekretom çalışmasında (İsmail ve Able 2016) tanımlanmış olan proteinler ile bizim çalışmamızda tanımlanan proteinler arasında veri tabanı numaraları bazında benzerlik yoktur. Bahsedilen çalışmada salgılanan proteinlerin tanımlanması hedeflenmiştir, bizim çalışmamızdaki ekstraselüler proteinler ile de bu çalışmada tanımlanan proteinler aynı veri tabanı numarasına

sahip deęillerdir. İsmail ve Able`in (2016) alıřmasında veri tabanı numarası aynı olmayıp domain olarak pektin liyaz domaini ieren proteinin ekstraseller olduęu tespit edilmiřtir, bizim alıřmamızda da tespit edilen pektat liyaz domainli gi|311321252 kimlik numaralı protein tanımlanmıřtır.



5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Yapılan bu çalışma sonunda bugüne kadar arpada ağ benek leke hastalığı nokta formuna neden olan ve hem Türkiye’de hem de Amerika’nın en yüksek dirençliliğe sahip arpa hatlarını enfekte edebilen GPS 79 izolatının misel proteom analizi ilk defa gerçekleştirilmiş olup sonucunda pH 4-7 arasında izo elektrik noktaya sahip toplam 932 spottan oluşan proteomu tespit edilmiş olup bunların 108 tanesine karşılık 158 protein, bazı spotların aynı proteinlere hit verdiği dikkat edildiğinde ise 127 protein tanımlanmış ve bu proteinlerin %50’ den fazlasının sitozolik oldukları tespit edilmiştir. Çalışmanın yayına dönüştürülmesinden önce tez kapsamında tanımlanamamış olan yaklaşık 800 spotun da tanımlanması gerçekleştirilerek patojenisitede görevli proteinlerin ve yolakların tespit edilmesi patojenle mücadelede hedef yolakların belirlenmesi yolunu açabilecektir.

KAYNAKLAR

Able, A. *Protoplasma* , 2003, 221, 137–143.

Aktaş, H. 1997. “Untersuchungen über die Netzfleckenkrankheiten (*Drechslera teres* Shoem. f. sp. *teres* Smedeg. *D. teres* Shoem. f. sp. *maculata* Smedeg.) an Gerste”, J T Phytopathol, 28: 17-22.

Aktaşdoğan, D., Karakaya, A., Oğuz, A.Ç., Mert, Z., Sayim, İ, Ergün, N., Aydoğan, S. 2013. “Bazı arpa genotiplerinin *Drechslera teres* f. *maculata* (Smed.-Pet., 1971)'ya karşı fide dönemi reaksiyonlarının belirlenmesi. Bitki Koruma Bülteni, 53:175-183.

Bach, E., Christensen, S., Dalgaard, L., Larsen, P.O., Olsen, C.E. 1979. "Structures, properties and relationship to the aspergillomarasmines of toxins produced by *Pyrenophora teres*", *Physiol Plant Pathol*,14: 41–46.

Bartlett, D.W., Clough, J.M., Godwin, J.R., Hall, A.A., Hamer, M., Parr-Dobrzanski, B. 2002. "The strobilurin fungicides", *Pest Manag Sci*, 58: 649-662.

Beattie, A.D., Scoles, G.J., Rossnagel, B.G. 2007. "Identification of molecular markers linked to a *Pyrenophora teres* virulence gene", *Phytopathol*, 97: 842–849.

Bogacki, P., Oldach, K.H., Williams, K.J. 2008. "Expression profiling and mapping of defence response genes associated with the barley–*Pyrenophora teres* in compatible interaction", *Mol Plant Pathol*, 9: 645–660.

Crous, P.W., Janse, B.J.H., Tunbridge, J., Holz, G. 1995. "DNA homology between *Pyrenophora japonica* and *P.teres*”, *Mycol Res*, 99: 1098–1102.

Dilger, M., Felsenstein, F.G., Schwarz, G. 2003. "Identification and quantitative expression analysis of genes that are differentially expressed during conidial germination in *Pyrenophora teres*" *Mol Genet Genomics*, 270: 147–155.

- Douiyyssi, A., Rasmusson, D.C., Roelfs, A.P. 1998. "Responses of barley cultivars and lines to isolates of *Pyrenophora teres*", *Plant Dis*, 82: 316-321.
- Ellwood, S.R., Liu, Z., Syme R.A., Lai, Z., Hane J.K., Keiper, F., Moffat, C.S., Oliver, R.P., Friesen T.L. 2010. "A first genome assembly of the barley fungal pathogen *Pyrenophora teres* f. *teres*", *Genome Biol*, 11: R109.
- Eichmann, R., R. Huckelhoven 2008. "Accommodation of powdery mildew fungi in intact plant cells." *Journal of Plant Physiology* 165: 5-18.
- Friis, P., Olsen, C.E., Moller, B.L. 1991. "Toxin production in *Pyrenophora teres*, the asco-mycete causing the net-spot blotch disease of barley (*Hordeum vulgare*.)", *J Biol Chem*, 266: 13329–13335.
- Finn, R.D., Coghill, P., Eberhardt, R.Y., Eddy, S.R., Mistry, J., Mitchell, A.L., Potter, S.C., Punta, M., Qureshi, M., Sangrador-Vegas, A., Salazar, G.A., Tate, J., Bateman, A. 2016. "The Pfam protein families database: towards a more sustainable future" *Nucleic Acids Research Database Issue* 44:D279-D285.
- Giraldo, M. C., Valent, B. 2013. "Filamentous plant pathogen effectors in action" *Nature Reviews Microbiology* v11: 800-814.
- Hane, J.K., Lowe, R.G.T., Solomon, P.S., Tan, K.C., Schoch, C.L., Spatafora, J.W., Crous, P.W., Kodira, C., Birren, B.W., Torriani, S.F.F., McDonald, B.A., Oliver, R. 2007. "Dothideomycete–plant interactions illuminated by genome sequencing and EST analysis of the wheat pathogen *Stagonospora nodorum*", *Plant Cell*, 19: 3347–3368.
- Hargreaves, J.A., Keon, J.P.R. 1983. "The binding of isolated meso-phyll cells from barley leaves to hyphae of *Pyrenophora teres*", *Plant Cell Rep*, 2, 240–243.
- Horton, P., Park, K.-J., Obayashi, T., Fujita, N., Harada, H., Adams-Collier, C. J., & Nakai, K. 2007. WoLF PSORT: protein localization predictor. *Nucleic Acids Research*, 35(Web Server issue), W585–W587. <http://doi.org/10.1093/nar/gkm259>.

Ismail, A.I., Able, A.J. 2016. *Proteomics* doi: 10.1002/pmic.201500498.

Kamoun, S. 2007. "Groovy times, filamentous pathogen effectors revealed", *Curr Opin Plant Biol*, 10, 358–365.

Karakaya, A., Aktaş, H., Katircioğlu, Y. Z. 2004. "Studies on the biology of *Drechslera teres* under Ankara conditions", *Tarım Bilimleri Dergisi*, 10,133-135.

Karakaya, A., Akyol, A. 2006. "Determination of the seedling reactions of some Turkish barley cultivars to the net blotch", *Plant Pathol J*, 5, 113-114.

Karki, C.B., Sharp, E.L. 1986. "Pathogenic variation in some isolates of *Pyrenophora teres* f. sp. *maculata* on barley", *Plant Dis*, 70, 684-687.

Keiper, F.J., Grcic, M., Capio, E., Wallwork, H. 2008. "Diagnostic microsatellite markers for the barley net blotch pathogens, *Pyrenophora teres* f. *maculata* and *Pyrenophora teres* f. *teres*", *Australian Plant Pathol*, 37, 428–430.

Khan, T.N., Tekauz, A. 1982. "Occurrence and pathogenicity of *Drechslera teres* isolates causing spot-type symptoms on barley in Western Australia", *Plant Dis*, 66, 423-425.

Krupinska, K., Haussuhl, K., Schafer, A., Van Der Kooij, T.A., Leck-band, G., Lorz, H., Falk, J. 2002. "A novel nucleus-targeted protein is expressed in barley leaves during senescence and pathogen infection", *Plant Physiol*, 130, 1172–1180.

Lai, Z., Faris, J.D., Weiland, J.J., Steffenson, B.J., Friesen, T.L. 2007. "Genetic mapping of *Pyrenophora teres* f. *teres* genes conferring avirulence on barley", *Fungal Genet. Biol*, 44, 323–329.

Leisova, L., Kucera, L., Minarikova, V., Ovesna, J. 2005. " AFLP-based PCR markers that differentiate spot and net forms of *Pyrenophora teres*", Plant Pathol, 54, 66-73.

Letunic et al. (2014) *Nucleic Acids Res* doi: [10.1093/nar/gku949](https://doi.org/10.1093/nar/gku949).

Lightfoot, D.J., Able, A.J. 2010. "Growth of *Pyrenophora teres* in planta during barley net blotch disease", Australain Plant Pathol, 39, 499-507.

Liu, Z., Ellwood, S.R., Oliver, R.P., Friesen, T.L. 2011. " *Pyrenophora teres*: profile of an increasingly damaging barley pathogen", Mol Plant Pathol, 12, 1-19.

Louw, J.P.J., Victor, D., Crous, P.W., Holz, G., Janse B.J.H. 1995 "Characterization of *Pyrenophora* isolates associated with spot and net type lesions on barley in South Africa", J Phytopathol, 143, 129-134.

Mathre, D.E. 1997. Compendium of Barley Diseases (2nd edn.) St. Paul, MN: American Phytopathological Society.

McLean, M.S., Howlett, B.J., Hollaway, G.J. 2009. "Epidemiology and control of spot form of net blotch (*Pyrenophora teres f. maculata*) of barley, a review", Crop Pasture Sci, 60, 303–315.

Mode, C.J., Schaller, C.W.1958. "Two additional factors for host resistance to net blotch in barley", Agron. J.50, 15–18.

Neta Shlezinger, Anna Minz, Yonatan Gur, Ido Hatam, Yasin F. Dagdas, Nicholas J. Talbot, Amir Sharon 7(2011) Anti-Apoptotic Machinery Protects the Necrotrophic Fungus *Botrytis cinerea* from Host-Induced Apoptotic-Like Cell Death during Plant Infection PLOS Pathogens.

Olof Emanuelsson, Henrik Nielsen, Søren Brunak and Gunnar von Heijne.

“Predicting subcellular localization of proteins based on their N-terminal amino acid sequence” J. Mol. Biol., 300: 1005-1016, 2000.

SignalP 4.0: discriminating signal peptides from transmembrane regions Thomas Nordahl Petersen, Søren Brunak, Gunnar von Heijne & Henrik Nielsen *Nature Methods*, 8:785-786, 2011.

Rampitsch, C., Subramaniam, R., Djuric-Ciganovic, S., Bykova, N.V. 2010. " The phosphoproteome of *Fusarium graminearum* at the onset of nitrogen starvation" *Proteomics*, 10, 124–140.

Rampitsch, C., Day, J., Subramaniam R., Walkowiak, S. 2013. “Comparative secretome analysis of *Fusarium graminearum* and two of its non-pathogenic mutants upon deoxynivalenol induction in vitro”, *Proteomics*, 13, 1913–1921.

Ruiz-Roldán, M.C., Maier, F.J., Schäfer, W. 2001. "PTK1, a mitogen-activated-protein kinase gene, is required for conidiation, appressorium formation, and pathogenicity of *Pyrenophora teres* on barley", *Mol Plant Microbe Int*, 14, 116–125.

Sarpeleh, A., Tate, M.E., Walwork, H., Catcheside, D., Able, A.J. 2009."Characterisation of low molecular weight phytotoxins isolated from *Pyrenophora teres*", *Physiol Mol Plant P*, 73, 154-162.

Schaller, C.W. 1955. "Inheritance of resistance to net blotch of barley" *Phytopathol*, 45, 174–176.

Shipton, W.A., Khan, T.N., Boyd, W.J.R. 1973. "Net blotch of barley", *Rev. Plant Pathol*, 52, 269–290.

Smedegard-Petersen, V. 1977. "Inheritance of genetic factors for symptoms and pathogenicity in hybrids of *Pyrenophora teres* and *Pyrenophora graminea*", *Phytopathol Z*, 89, 193–202.

Taşkoparan, H., Karakaya, A. 2009. Assessment of the seedling reactions of some barley cultivars to *Drechslera teres* f. *maculata*. Selçuk Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi 23 (50): 60-62.

Tekauz, A., Buchannon, K.W. 1977. "Distribution of and sources of resistance to biotypes of *Pyrenophora teres* in Western Canada", Can J Plant Sci, 57, 389-395.

Usta, P., Karakaya, A., Oğuz, A.Ç., Mert, Z., Akan, K., Çetin, L., 2014.

“Determination of the seedling reactions of twenty barley cultivars to six isolates of *Drechslera teres* f. *maculata*”, Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi, 29, (baskıda-in press).

Wallwork, H., Lichon, A., Sivanesan, A. 1992. "Pyrenophora hordei– a new ascomycete with *Drechslera* anamorph affecting barley in Australia", Mycol Res, 96, 1068–1070.

Weiland, J.J., Steffenson, B.J., Cartwright, R.D., Webster, R.K. 1999. "Identification of molecular genetic markers in *Pyrenophora teres* f. *teres* associated with low virulence on ‘Harbin’ barley. Phytopathol, 89, 176–181

Williams, K.J., Smyl, C., Lichon, A., Wong, K.Y., Wallwork, H. 2001. "Development and use of an assay based on the polymerase chain reaction that differentiates the pathogens causing spot form and net form of net blotch of barley”, Australian Plant Pathol, 30, 37–44

Williams, K.J., Platz, G.J., Barr, A.R., Cheong, J., Willsmore, K., Cakir, M., Wallwork, H. 2003. "A comparison of the genetics of seedling and adult plant resistance to the spot form of net blotch (*Pyrenophora teres* f. *maculata*)" Aust J Agr Res, 54, 1387-1394.

Wong, D.C.J., Ismail, I.A., Godfrey, D., Able, A.J. 2012. "Death by toxin net blotch disease of barley", *Microbiology Australia*, 1, 34-35.

van den Berg, C.G.J., Rossnagel, B.G.1990. "Effects of temperature and leaf wetness period on conidium germination and infection of barley by *Pyrenophora teres*" *Can J Plant Pathol*,12, 263–266.



EKLER:

Ek 1. *Drechslera teres f. maculata* fungusunun GPS 79 izolatına ait Proteom

Dizi Bilgisi

Spot 4:

>gi|311317371|hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MLSSRLSRNVLPVASAARRTPVFRAPAMFARGYAEGGQEKVKGSVIGIDL
GTTNSAVAVMEGKVPRIIENSEGGRTTPSVVGFTKEGERLVGIAAKRQAVVN
PENTLFATKRLIGRKFTDAEVQRDIQQVPYKIVQHTNGDAWLEAQQQKYS
QVGGFVLGKMKETAESYMGKNVKNAVVTVPAYFNDSQRQATKDAGQIAG
LNVLRVVNEPTAAALAYGLDKATDNVAVYDLGGGTFDISILEIQAGVFEV
KSTNGDTHLGGEDFDITLVRHLVDQFKKEQGIDLNSDRMAIQRIREAAEKAK
IELSSSSQTDINLPFITADASGPKHINTKLSRAQLEKMMMDPLISRTVEPV
RKALKDANLKATDISEVILVGGMTRMPKVTVESVKSIFGRDPAKSVNPDEA
VAIGAAIQAVLAGEVTDLLLLDVTPLSLGIETLGGVFTRLINRNTTIPTKKS
QVFSTAADFQSAVEIKVYQGERELVRDNKLLGNFQLVGIPPAHRGVPQIEV
TFDIDADSIVHVHAKDKSTNKDQSITIASGSGLSESEIENMVKDSEQYAEQD
KERKNAIEAANRADS VVNDTEKALKEFEDRLDKAEAEKIKEKIASMREFIS
QSQS GEGSATAAEIKEKTDELQNASLSLFDQM HKARSESQNSQSEQPQQP
GEGEGDKKQ

Spot 10:

>gi|311318543|hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAATAVDVGYLAASYAVPETTLHSLLEPTVELVQSLLTQIEAKARAYDDL
QSEKIRADVELEAAVQGGEQRARSLKATAEKAQKEAEELKKKLIQEENARQ
EAQTALQKLQATATSSTSETQALESRIKTLESHNRDAIAIHEAKTAAHDRLAK
ELSEQHQSVELRKQVSALEEKNSLESAA TNVKFREANLQQEIEQLRNNND
WYTTELKTRADDH SKYRKEKNAQIAQLQRENADAAETIDTLRRSETLLRQHI
EELKSKAEEDRLRIEELENEVSQAETKFHLELDSARRLATLHQQNHEMTKKR
LEQLQADTERVQEDAANEIGQLQAEYEMERNRAAEAEARTVELETLVESLK
SDNSDLRSSVRVPGTTPRHGMNGGFSTPGRAGSPAVFSPGGSQ LKADASKTQL
LVENNDLKKELRRVREKHEEQNAVLNEMLQELESRQPEFEEIRRQNDALIEQ

NNEISSLLDDAISEREEAAQRDSRKALGDLEGIQSENGLLQRQLGDLTIQLRSL
MWRTEAEKNGLGSLPEEQQRFLITAVEKNEVADEFPLPDDSPTQNMITQYLTL
YNDIKTLQGQNSELLRTLQVGVDEQEQESRMKSEQYQKDIEELGHLRSVL
AEKDEEIQSLHVRSQTLKTERDMYSRIVSGRNQPSSHAQSTSFAQSVPATG
APLQLENGAASREIPEYSKLIKDLQSHINLLKEESATDRATLKSQVDSLTKDN
TQLQSDKLRCESQLRREQDRYARLEGSIKLLQSEKDSLQERYNKVQATMAQ
QDDNLVKATQNAEAEARLQSLQGEMVQLRASQQMSATIEARLKERNQEL
MTERDRLSSMVSSIQSLRNEAELATAESRRELQNSVDKLRMDLQSAERRLED
ESAEHKRATQQRDYERMEAQRRIDDLITARNSEA VKAATADSTRQQLQRI
KDLQNQLQTAEEVAALQPRPDSTEEQDSASREEELIAQVSELKRKLERKEE
DLEAVTAQIAGFQDIAQEAENRLQTFVEAHERLQEQNLAEQEKDATINDLQ
QRVNDISSELATSSSTELTELRGQHEQDTLVLKQEKETLEAEIIRLQNDMADYK
AEAENQTQYVKTQAEIAERAQKDYEHFQKHAESMQKLRVDRDQYNELQT
QITEFKTQAEAARTTLEQSQEHWKSTEGRYEEQLAEAKRRHDDLKQYNQTL
LKQFDEYKEQINSLKSDRGASAAAGDAGSAEAGSSNLQDIESYLRREKEILE
VQLNLKVQESKRLEQQLAHAQGQLDQDTREKLLQAKASGSQNGSSLAHLN
KNLEELNVYRESNATLRNENLRLQASFAEKAKALEDLQSELEPLQVRVSELE
GELELNNGHLKAVEEDRDRWQKRHQDVLQRYDRIDPKELEDLKKQIEEYKS
ERDQALEQVNGLNEQLKDATEKLEKALATKAEEIQAAKEAEMKIAREKFNR
RHAEKMNEKKAEMAELQKKLDAVQTELTNSQAAHAGAVVSQEQVAKLQK
ELEQTRTQLAAAQRDLKSANTARDEALAKAATSTQSVRDADRGEEGQINEG
GHGAITQRLAELEKQLEEAQRKAAEAHQSEAVAQLTNLQAQLSAQKNGL
QSLQKETAEKDTHIELQQQLSRPQAQDPQSAANPAPAVDSTIQAEIEKLKNE
LASKAREVDDLRAQLNVAKSAERTTGPETSQNNEAVAALKASLDQRETELK
ALEASLNIREADLNTRQDAVAKREVKSEDLKVKANKRIAELKKDYESQIATL
HEEHQAEVERLQQEKQTSVASVAPVPDGMITTEDLPRPTVTSNQFALWLRA
NAAAGDVVKAQIGINVKKACVGRDEVITKLRQEVEQLNTQKAIDSITAVKQ
EPEQAKPAEDPEVTAAWEEKVKQKVKEKEVNLTKTFEMKSKVKDSQLALV
RARLAYVDKASKETPTEEVAKVYAIAMTQKPEVKTATQPATPAKQDAVQS
GGQSQTPNTSTPSQPGPQPTIAQQQQATPMATNTPQANDANNMSAGQVAQP
VPFNQMNPFQGSAGHGTPMNPFLQGNNQMGRGLPQPGFAYPGQIPGQQLPQ
GQQQQQFGRGNGLQQPARGALQSNIPRGGSNIPMPGGRGRGQQNQPPQQ

QQHPQQQAQQPQNQNQVQVASQIGRGGGRGGGGRRGGRGGQQNQNTQNQNP
NSPRTSLSANAPGFVPGQGGGQQQGRRGQKRGAEDEGDGAATRGGKRARG
GRGGGGGNAQAGAE

Spot 12:

>gi|311321231| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSQGECPVKKVPSVAGSGTRNTDWWPNELRTNLRQHDPRQNPLGPDFNY
VEEFKLDYDALKKDLNALMTESQDWWPADFGHYGGLFIRMAWHSAGTY
RVTDGRGGGGDGQQRFAPLNAWPDNVSLDKARLLWPIKQKYGNKISWAD
LMLLTGNVALESMGCPTFGFAGGRADTFQSDESVYWGGGETEWLGS DVRYA
DGAKGVKGEIVDGDQHKTDKSEPHTSRNLEQPLAAAHMGLIYVNPEGPEG
IPDPVAAAHDIRTTFRMAMNDEETAALIIGGHSFGKTHGAAPSENTGPDPN
SEDLATQGFQWMNKHGRGNGPDTITSGLEVTWTGTPTKWSNKYLEYLYKF
EWELEKSPAGANQWVAKTDEHIIPDAYDQNKKHKPRMLTTDL SMRMDPAY
EKITRRWLEHPEELHDTFVRAWFKLLHRDMGPRSRWLGPVPEVLLWEDP
VPQPEGELIGESDIATLKKQVLDAGVEPAKLIRTAWASAASFRGSDKRGGAN
GARIRLAPQKDWEVNNPKELAEVLKALEGVQSKFN S GSKKVSMADLIVLAG
TAAVEKAAGVQVPFTPGRTDATQEQTDVKSFEHLEPVTDGFRNYGKGTDRV
RTEQLDVKHAHLLRLTAPEMVVL TGGMRALNANWDGSSHGIFTKRPGQLT
NDFVFNLLDNTEWKATDSSKELYEGFDRKSGQKKWTATR HDL VFGHHPE
LRAVAETYAQADNTDKFVKDFVAGWEKIMNDRFDIKNKS VSAQSRGANK
PRL

Spot 13:

>gi|311321231| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSQGECPVKKVPSVAGSGTRNTDWWPNELRTNLRQHDPRQNPLGPDFNY
VEEFKLDYDALKKDLNALMTESQDWWPADFGHYGGLFIRMAWHSAGTY
RVTDGRGGGGDGQQRFAPLNAWPDNVSLDKARLLWPIKQKYGNKISWAD
LMLLTGNVALESMGCPTFGFAGGRADTFQSDESVYWGGGETEWLGS DVRYA
DGAKGVKGEIVDGDQHKTDKSEPHTSRNLEQPLAAAHMGLIYVNPEGPEG
IPDPVAAAHDIRTTFRMAMNDEETAALIIGGHSFGKTHGAAPSENTGPDPN

SEDLATQGFQWMNKHGRGNGPDTITSGLEVTWTGTPTKWSNKYLEYLYKF
EWELEKSPAGANQWVAKTDEHIIPDAYDQNKKHKPRMLTTDLRMDPAY
EKITRRWLEHPEELHDTFVRAWFKLLHRDMGPRSRWLGPEVPKEVLLWEDP
VPQPEGELIGESDIATLKKQVLDAGVEPAKLIRTAWASAASFRGSDKRGGAN
GARIRLAPQKDWEVNNPKELAEVLKALEGVQSKFNNSGSKKVSMADLIVLAG
TAAVEKAAGVQVPFTPGRDATQEQTVDKSFHLEPVTDFRNYGKGTDRV
RTEQLDVKAHLLRLTAPEMVVLTTGMRALNANWDGSSHGIFTKRPGQLT
NDFVFNLLDNTEWKATDSSKELYEGFDRKSGQKKWTATRHDLVFGHHPE
LRAVAETYAQADNTDKFVKDFVAGWEKIMNNDRFDIKNKSVSQAQSRGANK
PRL

Spot 17 (1):

>gi|311323945| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MQKFSRLGRLGQSLASRRQLATVSDAALSARKVEMTNWEKGHYINYKQMND
NLNIVRSRLNRPLTFAEKILYSHLDDPHGQEIERGSSYLKLRPDRVACQDATA
QMAILQFMSAGLPSVATPTTVHCDHLIEAQVGGKDLARANEINKEVYNFLS
TSCAKYNIGFWKPGSGIIHQIVLENYAFPGALLIGTDSHTPNAGGLGMAAIGV
GGADAVDVMAGLPWELKAPKVVIGVKLTKGLSGWTAPKDIILKVAGILTVKG
GTGAIVEYHGPGETSLSCTGMATICNMGAIEGATTSVFPFNDRMYDYLAATK
RRDIGDFSREYASQLREDEGAQYDELIEINLDELEPHINGPFTPDLATPISKFKE
AVKANKWPEELKVGLIGSCTNSSYEDMSRAASIAEDAMAHGKAKSLFTVT
PGSEQIRATIARDGQLKTFEEFGGMVLNACGPCIGQWDRKDVKKGQANSII
SSYNRNFTGRNDANPATHSFVTSPDLVVAMTIAGTLNFNPLVDELGTADGK
KFKLKEPTGAGLPANGYDPGQDTYQAPPEDRASVSVAVSPTSDDLQLLSPFS
AWDGKDAKNLPILIKCQGKTTTTHISMAGPWLKYRGHLDNISNNMLIGAIN
AENGEANKVKNALTGEYGAVPDVARDYKKNVVPWVVIGDWNYGEGSSRE
HAALPRHLGGAAITRSFARIHETNLKKQGMLPLTFSDPADYDKIGPNDRVD
LASTELAPGKPLTMTVHPADGSKEFQIKLSHTFNEGQIEWFKNGSALNTMAK
NAKQ

Spot 17 (2):

>gi|311321231| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSQGECPVKKVPNVAGSGTRNTDWWPNELRTNLRQHDPRQNPLGPDFNY
VEEFKLDYDALKKDLNALMTESQDWWPADFGHYGGLFIRMAWHSAGTY
RVTDGRGGGGDGQQRFAPLNAWPDNVSLDKARRLLWPIKQKYGNKISWAD
LMLLTGNVALESMGCPTFGFAGGRADTFQSDSESVYWGGETE WLGS DVRYA
DGA KG VKGEGIVDGDQHKTDKSEPHTSRNLEQPLAAAHMGLIYVNPEGPEG
IPDPVAAAHDIRTTFGRMAMNDEETAALIIGGHSFGKTHGAAPSENTGPDPN
SEDLATQGF GWMNKHGRGNGPDTITSGLEVTWTGTPTKWSNKYLEYLYKF
EWELEKSPAGANQWVAKTDEHIIPDAYDQNK KHKPRMLTTDL SMRMDPAY
EKITRRWLEHPEELHDTFVRAWFKLLHRDMGPRSRWLGPEVPKEVLLWEDP
VPQPEGELIGESDIATLKKQVLDAGVEPAKLIRTAWASAASFRGSDKRGGAN
GARIRLAPQKDWEVNNPKELAEVLKALEGVQSKFN S GSKKVSMADLIVLAG
TAAVEKAAGVQVPFTPGRTDATQEQT DVKSFEHLEPVT DGFRNYGKGTDRV
RTEQLD VDKAHLRLTAPEMVVL TGGMRALNANWDGSSHGIFTKRPGQLT
NDF FVNLLDN NTEWKATDSSKELYEGFDRKSGQKKWTATR HDLVFGHHPE
LRAVAETYAQADNTDKFVKDFVAGWEKIMNNDRFDIKNKS VSAQSRGANK
PRL

Spot 18 (1):

>gi|311321231| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSQGECPVKKVPNVAGSGTRNTDWWPNELRTNLRQHDPRQNPLGPDFNY
VEEFKLDYDALKKDLNALMTESQDWWPADFGHYGGLFIRMAWHSAGTY
RVTDGRGGGGDGQQRFAPLNAWPDNVSLDKARRLLWPIKQKYGNKISWAD
LMLLTGNVALESMGCPTFGFAGGRADTFQSDSESVYWGGETE WLGS DVRYA
DGA KG VKGEGIVDGDQHKTDKSEPHTSRNLEQPLAAAHMGLIYVNPEGPEG
IPDPVAAAHDIRTTFGRMAMNDEETAALIIGGHSFGKTHGAAPSENTGPDPN
SEDLATQGF GWMNKHGRGNGPDTITSGLEVTWTGTPTKWSNKYLEYLYKF
EWELEKSPAGANQWVAKTDEHIIPDAYDQNK KHKPRMLTTDL SMRMDPAY
EKITRRWLEHPEELHDTFVRAWFKLLHRDMGPRSRWLGPEVPKEVLLWEDP
VPQPEGELIGESDIATLKKQVLDAGVEPAKLIRTAWASAASFRGSDKRGGAN
GARIRLAPQKDWEVNNPKELAEVLKALEGVQSKFN S GSKKVSMADLIVLAG
TAAVEKAAGVQVPFTPGRTDATQEQT DVKSFEHLEPVT DGFRNYGKGTDRV
RTEQLD VDKAHLRLTAPEMVVL TGGMRALNANWDGSSHGIFTKRPGQLT

NDDFFVNLLDNNTTEWKATDSSKELYEGFDRKSGQKKWTATRHDLVFGHHPE
LRAVAETYAQADNTDKFVKDFVAGWEKIMNNDRFDIKNKSVAQSRGANK
PRL

Spot 18 (2):

>gi|311321252| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MHLSSLIACLGAVGAQAAAIAPWARLRSVNETDFADAAAATFPDGYWMND
LSGKGRAAFNSNPNYKIFRNVKEYGAKGDGVTDDSDAINLAISDGARCGPW
VCDSSSTDSPAVVYIPSGTYLISKPIIFYETQLIGNPRALPVLKASPSLQALALI
DASPYNQNGQPWISTNLFVRQIRNLIIDGTA VPPTSGFQGIHWPASQATTI
QNVKIRMTQASNSVHAGIFVENSGGHHMADLDISGGLYGMNIGNQQFTMR
NVKISKAVTGISQIWDWGWL YAGLSISDCGTAFSMSNGGSAGKLEVGSVII
DSEITNCNKFVDMAWSKTTMPTGAGQLILENIVLNNVPNAVVGNGATVLAG
GSLTIKAWGQGKNKYAPNVNGPEKFQGPITPATRPSLLDGGKFYSKSKPTYE
TLTTGDFISARGAGATGDGRTDDTQAVQNAINSAVSQGKV VYFEHGTYKVT
NTIYVPGGARMVGETFSVIMGSGSVFGNKDSPVPIVQVKGSGESGSVEWSD
MIVATQGATPGAIVIQYNLNTARGSGLWDVHTRIGGAKGTELQVAQCPIVG
QVKPECMAAHTNVHITKGANGAYFENNWFWTADHDQDDAKSTRVNVYTG
RGLHVEAQNVWLWANGVEHHAIYQYQFNGASNIFAGFIQTETPYYPSPDA
SNQPYGSSAAYS DPTYPSGASAWGLRVLNSKNVMIYGGGLYSFFRNIDVSCS
SPDAPGGNRNCQQRIFSIEGSSSVQAFALSEVGVQSMITVDGVDKANWSDNL
SVYPNTIGWVSNGF

Spot 22:

>gi|311323945| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MQKFSRLGRLGQSLASRRQLATVSDAALS RKVEMTNWEKGHYINYKQMND
NLNIVRSRLNRPLTFAEKILYSHLDDPHGQEIERGSSYLKLRPDRVACQDATA
QMAILQFMSAGLPSVATPTTVHCDHLIEAQVGG EKDLARANEINKEVYNFLS
TSCAKYNIGFWKPGSGIIHQIVLENYAFPGALLIGTDSHTPNAGGLGMAAIGV
GGADAVDVMAGLPWELKAPKVIGV KLTGKLSGWTAPKDILKVAGILTVKG
GTGAIVEYHGPGETESLSCTGMATICNMGAEIGATTSVFPFNDRMYDYLAATK

RRDIGDFSREYASQLREDEGAQYDELIEINLDELEPHINGPFTPDLATPISKFKE
AVKANKWPEELKVGLIGSCTNSSYEDMSRAASIAEDAMAHGVKAKSLFTVT
PGSEQIRATIARDGQLKTFEEFGGMVLANACGPCIGQWDRKDVKKGQANSII
SSYNRNFTGRNDANPATHSFVTSPDLVVAMTIAGTLNFNPLVDELTGADGK
KFKLKEPTGAGLPANGYDPGQDTYQAPPEDRASVSVAVSPTSDDLQLLSPFS
AWDGKDAKNLPILIKCQGKTTTDHISMAGPWLKYRGHLDNISNNMLIGAIN
AENGEANKVKNALTGEYGAVPDVARDYKKNVVPWVWVIGDWNYGEGSSRE
HAALEPRHLGGAAITRSFARIHETNLKKQGMLPLTFSDPADYDKIGPNDRVD
LASTELAPGKPLTMTVHPADGSKEFQIKLSHTFNEGQIEWFKNGSALNTMAK
NAKQ

Spot 23:

>gi|311331996| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MVHSSVLGFPRMGADRELKKANEAYWADKLSRDDLIKEGKRLRLEHWKIQ
KDAGVDVIPSNDFAFYDHLLDHIQLFNAIPERYSKHSLHKLDEYFAMGRGHQ
KDGVDVPSLEMVVKWFDSNYHYVKPTFQDQGSFTLAENPKPVVEFLEAKEA
GIVTRPVLIGPVSFLALGKADRQTVDPISLLEKLLPVYVELLQKLKEAGAAY
VQIDEPVLVYDLPQVKDAFKPAYEKLVASGLPKLILATYFGDVVHNLDFVP
SLQGVAGIHIDLVRNPEQLDQVISKLGSSQVLSAGVVDGRNIWKTNFKNAIEI
IETAVQKLGKDRVVVATSSSLHTPHSLDSEKKLPEEVKDWFSFAVQKVSEV
VVIKAVNDGPAAVREALEANAKSMQARASSARTNNKAVKDRQASVTPEQ
HERKSAFPERYAQQKKHLSLPTFPTTTIGSFQTKAIRSRNKFTKGEITAKE
EKFIEKEIDDVIKIQDELDDVYVHGEPERNDMVQYFGERLDGYVFTTKGW
VQSYGSRVVRPPIVGDISRPAVMTVKESKYAASVSKKPMKGMLTGPITCLR
WSFPRDDVHQSVQAQQLALALRDEVVDLEAAGIYVIQVDEPALREGLPLRA
GTEREKYLSWAVDSFKLACAGVQDSTQIHSFCYSEFQDFHAIALDADVL
SIENSKSDAKLLKVFEDKAYPRHIGPGVYDIHSPRVPSEQEIKDRMAEMLKYL
KPEQLWVNPDCGLKTRQWKETKAALINMVNAAKFYREKYSS

Spot 25 (1):

>gi|311333512| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MRDFILASALTASALFAGHAEAVAANPLPAPTKIIVWGNSGCFSPAPSGSFDLP
QSKLLSDAADRTMKSITTLKWVPQAVEAPVREFEPFPGATTKASRRKNRRQ
YNAAPAGNCTGSVKNVRITVANLNADLQHGVGESYTLNLKDGSDTLFITSQ
TVYGALHALTTLQQIVISDGTGKLIIEQPVSIVDAPLYPVRGIMIDTGRNFISK
AKIEEQLNAMALSKLNVLHWHLVDSQSWPVEVKQYPKMTEDAYSANEMFT
QDTLKEIVSYAAARGIRVIPEIDMPGHASSGWTQIDESIVTCEDSWWSNDEW
PKHTAVQPNPGQLDILNNKTYEVTGQVYKEMTSIFPDNWFHIGGDELFCNC
NNFSAAALAFFNSGKSMGDLYQVWVDRAIPNFRGIANKTFVMWEDVKISAD
VAATGNVPKDILQAWNGLDHSNLTAQGYRVIVSSSDFMYLDCGYGGWW
GNDPRYNVMVNPANNDTTIFNFNWGGGGGSWCAPYKTWQRIYDYDFTFN
MTDAQKALIQGAIAPLWSEQVDDAVVSQKMWPRAAALAEVWVSGNRDAN
GKKRTTELTQRILNFREYLVASGVSASPLMPKYCLQHPHECDLYLNQTALW
T

Spot 25 (2):

>gi|311325385| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MANALDHLNSGRTRIEWLSQLNTEYTPAKQYRRTSIICTIGPKTNSAEKINSL
RKVGLNVVRMNFSGSYEYHQSVIDNAREAERTQPGRPLAIALDTKGPEIRT
GNTVDDADIPIKAGAVINITTDEKYATAACDDKNMYVDYKNITKVIAPGRTIY
VDDGVLSFEVLEVTDEKTLKCKCVNNGKISSRKGVNLPKTDIDLPLSEKDK
ADLRFVGNKVDVMVFASFIRRGSDITAIREVLGEEGKDIQIIAKVENQQGVN
NFDEILRETDGVMVARGDLGIEIPPSQVFIAQKMMITKCNIAAGKPAICATQML
ESMTYNPRPTRAEVSDVGNVLDGADCVMLSGETAKGDYPVEAVTMMHE
TCLLAEVAIPYVNAFDELRLKLPVPCPTTETCAMAAVSASLEQNAGAILVLT
TSGTTARLVSKYRPVCPHIMVTRNEMAARYSHLYRGVYYPFYFPEQKPDFKTE
PWQEDVDRRLKVGIMNAIKLGVLSKGDVVICVQGWRRGGMGHTNTRLRIVPA
QEDLGLDQDA

Spot 48 (1):

>gi|311325613| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSAPVDAPKPVEVPDVGTAGTVEPAPAPVVASDNTAAPVEAPTTEEAPKVV

EGEAAAPAEVVAETKEEDKVVTPIESGALGYKAPGLKNAFRFSKKYFWLGD
EPVAAENLREYLRGEKPEVAHSVAAWSSQTGKGLLFFVKHADQKEHPAGV
LNLAYATDLAKDGAVAFKISGHKHTFEAQTAERDGFWAFAVERAITEAK
ASKDGIETSDSYKEAKEKISKPAALAGATSSAPKKSMDAAPKLAEAESPAAG
EASAAPIRTGSSSSSSSDEAKAKKAKNKSRSVSRGKRASLFGLLGKKDKEH
KEESEAVKEDAEAKKEDGTTAPQLDEVPTSAPVNANDVVKPADETTEPTAA
VAVPEDATKVDETPAPVAQEKPKPAKRASIFGNFVEKLKSPTTEKKESEAAL
APATVKETETAASKPLEEAEVAAPVSAEGAATETTEAKPVAAVSTPGKEKE
HFSFGKLFSGKDRAKSPAPESKVDAAAPKIEDASATPVVAEPTAVEAAPVAA
ETKPEETTPATEAPKADKRKSFFGNLSRSLSKATGGKTQPKDKKDATSPAPV
VEEETTATAPVEEKKEETAVPAVGDVPAENISVGDASKSVNPTVATTADDDT
APVIRTQHSSSRNITAPSTRRNSIPSPRASHASQAAAATAGGGGGGGGILDNRP
NTPLKPIVVSQRSRLPNTLAPTATTTKRVKPLTQPTTPVWTRSRLDKERGDW
WDTQVTGSQEIWGAIRLAAQYLQKGELQEAQTLMDVTGCTCPTGVLWRGV
YDVTGVQYKVPWVVEPEGVNEDAGGDGDGDDGVAGAAAATEEEEDGE
GAGGEEVMVRVRTSHDQRDVSLAIRKRDSVGTVVEKLKREAKLDSSFKVRL
VYSGRVYHDHETLDAVPRWNFDQDFVLTALVSAI

Spot 48 (2):

>gi|311317646| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAPLATFLYGTALCCSITLAFPSHAAQDVSRISPEERAQGVVDAFRVSWDG
YYKYAFPMDLQPVSNNGSNSRNGWGASAVDALSTALIMGEKTTVNQILEH
IPTINWAVTNDVSLSFETTIRYLGGMLSGYDLLKGPLAHLADDDASVDALLT
QSINLANNLSFAFETPTGLPWNILYFNNRTNDGGLGGPATLGLILEWTRLAD
LSGNQTYADLVAKAEYLLNPLPTWTEPFPGSIGAINVTTGQFTNARGGWV
GGSDSFYEYLIKMYIYDKSRYDFLKDRWVLAVDSSIKHLASHPEPRPDITFLA
SYNGTKLRLSSQHLACFDGGNFILGGQILNRQDYIDFGLELVNGCHETYISTA
TGIGPEIFSWNTSAVPANQSTFFNESGFFITNSEYVLRPEVIESFYAYRATSDP
KYQDWAFLAINATTRVGSYSSISDVNVVGGGEFTNFQESFWFAEVLK
YSYMIHAEDAKWQVGKDGVNEFVFNTEAHPVRVLGKGSK

Spot 49 (1):

>gi|311315653| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MVHFRTDIGATNEAADPNDENYAKELETDLVIVGAGFGGIYMMHKLRRQQG
LKCKIMEAGSNIGGIWHWNCYPGARVDSQVPVYEYSMPEVWQDWNWSCR
YPGAELQKYFDHVEKKLEIKKDCAFNTRVVSQAQYDKRSSRWIVKTEDGRI
ARCKYFLLAIGFAAKRHFDPWGLEKFGGEIHHSSFWPESGVDVKGKRVAVI
GAGSTGVQIAQETAKEAASVTQFVRTPNLCLPMQQKTLTKEEQDKRKQGEY
QEVFKRLDTFAGFPYDFIEKNTFDDSAEEREAFYEKMWENGGFEFWLAN
KDLLFDNKANREAYNFWAKKTRARITDPEKREILAPLEPPHAFGTKRPSLEQ
NYYEMLDRPENKVIDVKKTPIKEFNEKGIMLSDGTLHEFDVIALATGFDSVT
GGIKNMGLKDVDGVELAEKWNGTYSYLGMTLSGFPNCFMYGAQGPTAF
ANGPTCVEVQGDWIVDAIVKLRDEGITYCDPTHEAEQQWRKKIMELNDKTL
FPQTKSWYMGDNVPGKLREQLNFAAGFPLYKQLTRSALENGFEGFITA

Spot 49 (2):

>gi|311332457| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSCLRMRRTQLASQLAKSFRPTARAFSSTRPARRIFATENLRAKEVSGFISSK
YPVIDHEYDAIVVGAGGAGLRAAFGLAEAGFNTACISKLPTRSHTVAAQGG
INAALGNMHEDDWRWHMYDTVKGSDWLGDQDAIHMTREAPQSUIELEN
YGC PFSRTDDGKIYQRAFGGQSQKYGKGGQAYRCCAAADRTGHALLHTLY
GQSLRHNTKYFIEFFATDLIMEDGVCKGVVAYNQEDGTIHRFIAKNTVLATG
GYGRAYFSCTSAHTCTGDGMAMVARAGLPNQDLEFVQFHPTGIYGAGCLIT
EGSRGEGGYLLNSEGERFMERYAPTAKDLASRDVVSRSMTLEIREGRGVGPE
KDHIYLQLSHLPAEVLHERLPGISETAAIFAGVDVTKQPIPVLPVHYNMGGI
PTKYTGEVITQDAQGNDQVVPGLFACGEAASVSVHGANRLGANSLLDLVVF
GRAVSHTIRDNFSPGQTADPVQADAGADSI AVLKIRNSDGAKSTAEIRLQM
QKVMQTDVAVFRTQQSLDEGVKKIHDVDADFANVGIKDRSMIWNSDLVET
LELRNLLTCAVQTAESAANRKE SRGAHAREDFPDRDDEKWMKHTLSWQKQ
PHGKTELGYRSVVGHTLDEAECKAVPPFKRTY

Spot 50 (1):

>gi|311333512| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MRDFILASALTASALFAGHAEAVAANPLPAPTKIIVWGNSGCFSPAPSGSFDLP
QSKLLSDAADRTMKSITTLKWVPQAVEAPVREFEPFPGATTKASRRKNRRQ
YNAAPAGNCTGSVKNVRITVANLNADLQHGVGESYTLNLKDGSDTLFITSQ
TVYGALHALTTLQQIVISDGTGKLIIEQPVSIVDAPLYPVRGIMIDTGRNFISK
AKIEEQLNAMALSKLNVLHWHLVDSQSWPVEVKQYPKMTEDAYSANEMFT
QDTLKEIVSYAAARGIRVIPEIDMPGHASSGWTQIDESIVTCEDSWWSNDEW
PKHTAVQPNPGQLDILNNKTYEVTGQVYKEMTSIFPDNWFHIGGDELFCAN
NNFSAAALAFFNSGKSMGDLYQVWVDRAIPNFRGIANKTFVMWEDVKISAD
VAATGNVPKDILQAWNGLDHSNLTAQGYRVIVSSSDFMYLDCGYGGWW
GNDPRYNVMVNPANNDTTIFNFNWGGGGGSWCAPYKTWQRIYDYDFTFN
MTDAQKALIQGAIAPLWSEQVDDAVVSQKMWPRAAALAEVWVSGNRDAN
GKKRTTELTQRILNFREYLVASGVSASPLMPKYCLQHPHECDLYLNQTALW
T

Spot 50 (2):

>gi|311323556| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MARSSRSSSRSTWSIALYLLLVLVGGMLAKTAHAKEQEPLKEDSNAVSGP
VIGIDLGTTYSCVGIMKNGKVEIITNDQGNRITPSWVAFTDDERLVGDAAKN
QFASNPERTIFDIKRLIGQKFKDKSVQNDIKHFPFKVINKNGQPNVGVVHGQ
QKTFTPEEISAMVLGKMKEVAESYLGEPVKNAVVTVPAYFNDAQRAATKD
AGTIAGLNVLRVVNEPTAAALAYGLDKTDQKERQVLVYDLGGGTFDVSILTI
EEGVFEVQSTAGDTHLGGEDFDNRVINYFAKKYNKENDVDITKDAKTMGK
LKREVEKAKRTLSSQKTTKIEIESFHKGKDFSETLTRAKEELNNDLFFKTKL
PVEQVLKDAKMKKSDIDDIVLVGGSTRIPKVQAMLEEFFGKKARKDVPDE
AVAYGAAVQGGVLSGDAAAESLILMDVNPLTLGIETTGGVMTHLIKRGTTIP
TKKSQIFSTAADNQPVVLIQVFEGERSMTKDNNQLGKFELTNIPPAPRGVPQI
EVTFELDANGILKVS AIDKGTGKGESITITNDKGRLSKEDIDRMVEEAEKYAE
EDKAHKERIESRNKLENYAYSLRNQLKDEEGLGGKIEDDDKESLLEAVKETQ
DWLQSNADAEAQAEDFDEQFQKLSDVAYPITSKLYGSSGGPGGDDDDAPEDHD
EL

Spot 50 (3):

>gi|311325372| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAPAIGIDLGTTYSCVGFRRDDRIEIIANDQGNRTTPSFVAFTDSERLIGDSAK
NQVAMNPVNTVFDKRLIGRKFADAQADMKHFPFKVIDKGGKPVQVEF
KGEEKVFTPEEISSMVLTKMRETAESYLGTVNNAVVTVPA YFNDSQRQAT
KDAGLIAGLNVLRINEPTAAAIAYGLDKKTEGERNVLIIFDLGGGTFDVSLLTI
EEGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRLVNHFTNEFKRKHKKDLTSNARALRRL
RTACERAKRTLSSSAQTSIEIDSLYEGIDFYTSITRARFEELCQDLFRSTMPEVE
RVL RDAKIDKSSVHEIVLVGGSTRIPK VQKMVSDFNGKEPNKSINPDEAVA
YGA AVQAAILSGDTSSKSTSEILLLDVAPLSIGIETAGGVMTALIKRNTTIP
TKKSEVFSTFSDNQPGVLIQVYEGERARTKDNLLGKFELTGIPPAPRGVPQI
EVTFDVDANGIINVS ALEKGTGKTNKIVITNDKGRLSKEEIERMLAEAEKYK
AEDEAEAARIAAKNALESYAYSLRNTLSDSKVDEKLDAGDKEKLKAEIDKT
VAWLDDNQ TATKDEYESQQKELEGIANPIMMKFYGAGGEGGMPGGMPGG
GMPGGGAPGGAGGDDGPTVEEVD

Spot 50 (4):

>gi|311322599| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MLRQHMIRSLQRPAHRAALNGCRAFTASARRPADVELTIDGKKVSIEAGSAL
IQACDKAGVTIPRYCYHEKLMIAGSCRMCLVEVERAPKPVASCAWPVQPGM
VVKTDSP LVHKAREGIMEFLLANHPLDCPICDQGGCEDLQDQSMRYGADRG
RFHELEGKRAVEDKNVGPLVK TSMNR CIHCTRCVRF SNDIAGAPEFGSFRG
NDLEIGTYLETALDTELSGNVIDLCPVGALTSKPYAFKARPWELYKTETIDVL
DGLGSNIRVDSRGIQVMR VIPRLNDDVNEEWINDKTRFACDALSTQRLVNPL
VRVDEQFQPATWEQALVEIGNAYKKIAPKGNFKVIAGHLVETEALVAMKD
LANKLGS ENLALDQPGGSEPIAHGIDVRSNYSFN SKIYGVEDADVMLIIGSNP
RWEAAVLNARIRKQWLRTDLEIGYVGQDFESTFEYEKLDGNANDVKSALSG
EFGKKLASAKKPMIIVGSGVTEHPDAKSIYEQVGAFVEKNKANFQTEEWNG
FNILQRTASRTGAYEVGFTVPSTEVAQTKPKFVWLLGADEINETDIPKDAFV
VYQGHGDRGAQFADVVLPGAAYTEKSVTYVNTEGRVQMTRAAVGLPGA
SREDWKIVRAASEYLGAE LPYDDVEALRDRMEEISPALRSYDLVEPASLPSLS
KVQLVDQNQGAQATGQVLKNPIENFFFTDAISRNSPTMARCSAAKAQGNPQ

TNFMAPGEPYPQVGYGPQVAAAANV

Spot 50 (5):

>gi|311325425| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSGETFEFQAEISQLLGLIINTVYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYEALSDPSK
LDSGKDLRIDIPNKEAKTLTIQDSGIGMTKADLNNLGTIARSGTKQFMEALS
AGADISMIGQFGVGFYSAYLVADRVTVVSKNNDDEQYVWESSAGGTFKITE
DTEGEQIGRGTKIILHLKEEQMDYLNESKIKEVVKKHSEFISYPIYLHVLKETE
KEVEDEDAAEETTEGDEKKPKVEEVDDEEEEEKKKEKTKKVKESKIEEEL
NKTKPIWTRNPQDITTEEYASFYKSLSNDWEDHLGVKHFSVEGQLEFRILF
VPKRAPFDLFETKKTNNIKLYVRRVFITDDATDLIPEWLSFVKGVVDSLEDLP
LNLSRETLQQNKIMKVIRKNIVKKTLELFNEIAEDREQFDKFYSAFGKNIKLG
HEDSQNRASLAKLLRFNSTKSGEELTSLTDYVTRMPEHQKQMYIITGESLKA
VQKSPFLDTLKDKGFEVLFLVDPIDEYAMTQLKEFDGKKLVDITKDFELES
EEKKEREAEKEFEGLAKSLKTVLGDKVEKVVVSHKLVGSPCAIRTGQFG
WSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPKSAIIKELKRKVEADGEDD
RTVKSITLLLFETSLLVSGFTIDEPVQYAERIHKL VSLGLNVDEEVETE QEKGE
ASTEQTATAGESAMEEVD

Spot 51 (1):

>gi|311321231| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSQGECPVKKVPNVAGSGTRNTDWWPNELRTNLRQHDPQNPGLPDFNY
VEEFKKLDYDALKKDLNALMTESQDWWPADFGHYGGLFIRMAWHSAGTY
RVTDGRGGGGDQQRFAPLNAWPDNVSLDKARRLLWPIKQKYGNKISWAD
LMLLTGNVALESMGCPTFGFAGGRADTFQSDESVYWGGETEWLGS DVRYA
DGA KGVKGE GIVDGDQHKTDKSEPHTSRNLEQPLAAAHMGLIYVNPEGPEG
IPDPVAAAHDIRTTFRMAMNDEETAALIIGGHSFGKTHGAAPSENTGPDPN
SEDLATQGFQW MNKHGRGNGPDTITSGLEVTWTGTPTKWSNKYLEYLYKF
EWELEKSPAGANQWVAKTDEHIIPDAYDQNKKKHKPRMLTTDL SMRMDPAY
EKITRRWLEHPEELHDTFVRAWFKLLHRDMGPRSRWLGPPEVPKEVLLWEDP
VPQPEGELIGESDIATLKKQVLDAGVEPAKLIRTAWASAASFRGSDKRGGAN

GARIRLAPQKDWEVNNPKELAEVLKALEGVQSKFNSSGSKKVSMA DLIVLAG
TAAVEKAAGVQVPFTPGR TDATQEQT DVKSFEHLEPVTDGFRNYGKGTDRV
RTEQLD VDKAHLRLTAPEMV VLTGGMRALNANWDGSSHGIFTKRPGQLT
NDFVFNLLDNNT EWKATDSSKELYEGFDRKSGQKKWTATR HDLVFGHHPE
LRAVAETYAQADNTDKFVKDFVAGWEKIMNNDRFDIKNKS VSAQSRGANK
PRL

Spot 51 (2):

>gi|311321923| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAPAASHDAKDVKSENSKSLKALEEMMQKLTMSKAQDEINASAQAIATFIN
GDIEEADAPTKAVQVLKKQLASKKDAVARERALDAIRAIAQHSHVSASVEP
YLVSLLPDVLAAVGDKMSGVKVAAQTAESIVQAANPNAVKA IIPHIHSLE
NAQKWPEKMADLKCIEVLTKSAPAQMAFRVPDLIPVISSAMWDTKPEVKKA
AYGTMETLCSLISNKDIERFIPELIKCIAKPENVPETVHLLGATTFVTDVHEPT
LAIMVPLLERGLVERETAIKRKS AVIIDNMCKLVEDPQIVAAFLPRLMPALEK
NHDNLADPEAREKTRQGLDTLIRVGHVQNGKIPDIEKSGDISTIANNLTAVIP
SGIKIDERFTPVVNYIGAIGGQLIDEKDYEPLNWQANAGPFVAVLVGDEKAK
DVTEELRRRSLPGAAAERLVEPDEEEGEDLCNCTFNLAYGAKILLNQTHLRL
KRGQRYGLLGPNGSGKTTLMRAINNEQVEGF PKQNEVKTVYVEHDLDSAD
TEMTVLAWTMNLKKA V GIDKPEDEVKTTLNEFGFSDAMYNGGIGALS GGW
KMKLALARA VFEQPDILLLDEPTNHLDVKNV KWLEDYLTSSPCTSIVISHDS
KFLNNVIQHV IHYERFKLKRYRGNLDDFVKRVPA AKSYHELAASDMEFKFP
EPGFLEGVKT KAKAILRATNMSFYEGT SKPQIEDITFQCSLGSRIA VIGPNGA
GKSTLVNVL TGELVPTKGEIYHHENIRIA YIKQHAF AHIDHHLDKTPSEYIQW
RFQTGEDRETMDRANKIVTEEDEKAMDKIYKIEGTERRVIGINSRRKFKNSY
EYEC SFALGENVGMKNERWTPMMSADNAWIPRSEIMASHAKMVAEVDQK
EALASGQFRPLVRKEIEAHCANFGLDAELVSHSRMRGLSGGQRVKV VLSAC
SWQRPHLIVLDEPTNYLDRDSL GALS KAIKTFEGGVIII THSAEFTANL TEEV
WAVMDGRMTPSGHNWVQGGAGPRLAKDDGEEEEKIASQKKKAKLTSSE
MRKKKKDRMARRKRGE EVFSDEDE

Spot 52 (1):

>gi|311328401| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MVRTSTLFAATAALALNAHAESMYPKNSAVIQLTGMDYDRVIAKSNYTSIV
EFYAPWCGHCKNLKPAYEAAAKSLNGIAKVAAVNCDEEMNKPFCGKMGV
QGFPTLKLVRPSKKPGKPTVEDYQGPRTAKGIVDAVKDKVPNMVKR VNDK
NLDEWLQENKDTAKAILFSEKGIVSATMRALAI DFAGLISVAQVKKSEQAAV
EKYGITEFPTLILIPAGSDTPIKH EGKADKESMVKFLSQVAPPNPDCPPPKEKK
SKPKKDTKESKSSSKFAKASASHKSADKSSAAASATDETVEEPIVPTESPDP
NIKDETTPEPIVLPEEELKPTIPLLSETTELQSMCLNEQSKTCILALLPKDEASE
AATTAVASLASIHKKYDASGSHLFPFFSIPSTNPLAASLLTELSLGSADQVHLI
ATNGKRAWYKKYSGSAFGLLEDVEQWVDSIRMGEGRKEKLPESLLVAAEKS
EAKPEKAADPEQVKINVEEVKDDASPEHSEL

Spot 52 (2):

>gi|311320766| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MVYTASFAFFEALWEYGVSHVFN LGSDHPSIIEAIVKGQNEKKGQFPKIITC
PNEMVALSMADGYARLTGKPQC VIVHVDVGTQGLGAAVHNASCGRAPVLI
FAGLSPFTIEGEMRGS RTEYIHWIQDVPDQKQIVAQYCRYTGEIKSGRNVKQ
MVNRALS FAMS DPKGPVYLYGAREPMEEDLTPYKLDMDYWQPVEPAALPP
SGVKTIAEALAH AQEPLIVTGYSGRNHDAVQELVRLADNIKGIRVLD TGGS D
MCFPANHPAWLGLRYGNDPAIKSADVILVLDCDVPWINTQCHPKDSAKIFH
VDVDPLKQQMPVFYLNATQR YRADS YTSLTQLNEYLESALKEKLSSQLFSQ
RWSALQESHKKKLDGIANEAKVDDNGHFSTPYLCSQLNKFCPNDTIWAIEA
VTQTGFVADQIQATLPGSWINCGGGGLGWSGGGALGIKLATETEGKKQFVC
QIVGDGTYLFSVPGSVYWISQR YQIPILTIVLNNKGWNAPRRSMLLVHPDGE
GSKVSNEELNISFAPTPDYSGIAKAASGGEIWA AHASTAEELGKLLPEAIKSV
LEGKSAVLDAHLEGPEGKYGGAKGRLG

Spot 52 (3):

>gi|311315653| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MVHFRTDIGATNEAADPN DENYAKELET DVLIVGAGFGGIYMMHKL RQQG
LKCKIMEAGSNIGGIWHWNCY PGARVDSQVPVYEYSMP EVWQDWNWSCR
YPGAKELQKYFDHVEKKLEIKKDCAFNTRVVSAQYDKRSSRWIVKTEDGRI

ARCKYFLLAIGFAAKRHFPDWPGLKFGGEIHHSSFWPESGVDVKGKRVAVI
GAGSTGVQIAQETAKEAASVTQFVRTPNLCLPMQQKTLTKEEQDKRKQGEY
QEVFKKRLDTFAGFPYDFIEKNTFDDSAEEREAFYEKMWENGGFEFWLANY
KDLLFDNKANREAYNFWAKKTRARITDPEKREILAPLEPPHAFGTKRPSLEQ
NYYEMLDRPENKVIDVKKTPIKEFNEKGIMLSDGTLHEFDVIALATGFDSVT
GGIKNMGLKDVDGVELAEKWKNGTYSYLGMTLSGFPCFFMYGAQGPTAF
ANGPTCVEVQGDWIVDAIVKLRDEGITYCDPTHEAEQQWRKKIMELNDKTL
FPQTKSWYMGDNVPGKLREQLNFAGGFPLYKQLTRSALENGFEGFITA

Spot 52 (4):

>gi|311325385| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MANALDHLNSGRTRIEWLSQLNTEYTPAKQYRRTSIICTIGPKTNSAEKINSL
RKVGLNVVRMNFSGSYEYHQSVINDNAREAERTQPGRPLAIALDTKGPEIRT
GNTVDDADIPIKAGAVINITTDEKYATAACDDKNMYVDYKNITKVIAPGRTIY
VDDGVLSFEVLEVTDEKTLKCKCVNNGKISSRKGVNLPKTDIDLPLSEKDK
ADLRFGVKNKVDMVFASFIRRGSDITAIREVLGEEGKDIQIIAKVENQQGVN
NFDEILRETDGVMVARGDLGIEIPPSQVFIAQKMMITKCNIAGKPAICATQML
ESMTYNPRPTRAEVSDVGNVLDGADCVMLSGETAKGDYPVEAVTMMHE
TCLLAEVAIPYVNAFDELRLKLPVPCPTTETCAMAAVSASLEQNAGAILVLT
TSGTTARLVSKYRPVCPPIIMVTRNEMAARYSHLYRGVYPFYFPEQKPDFKTE
PWQEDVDRRLKKGIMNAIKLGVLSKGDVVICVQGWRRGGMGHTNTRLRIVPA
QEDLGLDQDA

Spot 53:

>gi|311327612| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MCKHFGTEGQSSIDITKGREVLPTNVKPLHYDLTLEPDFANFTYQGTVTIDLD
VVDDTTSITLNTNELKINSKAVTTGQQLIADSPTLTSDKDAQTTKVSFDQSISS
GTKAQLTLAFSGILNDNMAGFYRSSFKADDGSTTYMATTQMEPTDARRAFP
CFDEPALKAKFTVTLIADEKMTCLSNMDVASEKQVDSAVSGGKRKA VTFNP
TPLMSTYLLCFIVGELNYIETNNFRVPVRVYAPKDRDIEHGRFSLELA AKTLA
FYEKTFNSPFPLPKMDMIAIPDFSAGAMENWGLITYRVVDVLIDEKVSGAAV
KQRVAETVQHELAHQWFGNLVTMDFWDGLWLNEGFATWMSWYSCNIFYP

DWKVWEGYVTDNLAGALSLDSLRSHPVVKRADEINQIFDAISYSKSS
VIRMISKYIGEETFMEGIRQYLKKHAYGNTETGDLWAALADASGKDVGKV
MDIWTKKVGFPVTVTEGTDSDIHLKQNRFLRTADVKEEDQTLYPVFLGLRT
KGGVNEDLTLFDREADFKLKDLDFFKLNADHSGLYRRTSYTPERLGKLGVAA
KQGLLTVEDRAGMIADAGSLAASGYQKTSGLSLLDSFKSESEFVWGEITG
RIGSLRGAWMFEDQEVKDALKKFQLELTADKAHELGWSFKDTDGHIEQQFK
GLMFGAAGIAGDEQITKACFDMFEKFKAGDKSAIHPNIRGSVYAIVLSNGGK
EEYDVVVNEFTNAATSDERNALRSLGRAKSPELIQRTLAMSLSLSDQVKGQDI
YLPISALRSHPEGCYALWTWVKDNWEELERRLPPSLSMLSSVVSITTSSTHTR
EHIKEIEEFFKTKSTKGFDMSLSQSIDAISAKAAWLERDSEDVKSWLREHKYL
N

Spot 56 (1):

>gi|311325385| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MANALDHLNSGRTRIEWLSQLNTEYTPAKQYRRTSIICTIGPKTNSAEKINSL
RKVGLNVVRMNFSGSYEYHQSVINDAREAERTQPGRPLAIALDTKGPEIRT
GNTVDDADIPIKAGAVINITTDEKYATACDDKNMYVDYKNITKVIAPGRTIY
VDDGVLSFEVLEVTDEKTLKCKCVNNGKISSRKGVNLPKTDIDLPLSEKDK
ADLRFGVKNKVDVMVFASFIRGSDITAIREVLGEEGKDIQIIAKVENQQGVN
NFDEILRETDGVMVARGDLGIEIPPSQVFIAQKMMITKCNIAGKPAICATQML
ESMTYNPRPTRAEVSDVGNVLDGADCVMLSGETAKGDYPVEAVTMMHE
TCLLAEVAIPYVNAFDELRLKLPVPCPTTETCAMAAVSASLEQNAGAILVLT
TSGTTARLVSKYRPVCPPIIMVTRNEMAARYSHLYRGVYPFYFPEQKPDFKTE
PWQEDVDRRLKKGIMNAIKLGVLSKGDVVICVQGWRRGGMGHTNTRLRIVPA
QEDLGLDQDA

Spot 56 (2):

>gi|311323177| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSEKAQLIASAPARVQPDVHRHPKRQAIGRLFAIAATASIVLYGLPQVGYEP
TAVFEDESELCLTPACVHAASEILYNLSPQYKELDPCDNFEELVCGGWRDRH
DLRADQGDAFTGTIMSENSQRLLRHILEAPYPKDSQHSYFSPMQLKTVAKSA

DEENFDKMKAAYDAACLEDKIKSIGAEPLIKLLDEIKNAYPAAATDSGHSIK
DAILLLAKYGVVTGLVAAGTGADDTDPDTVVVSISAPYSFGLPAKERYEDEKL
VEQYRKVAIEVLGALYPGQNKNSFSGIIDLEKKLAAASPSEEDREDVTKYYN
PMLIDEAAAIAPPELKAFLAGQAPKDSKIERVIVMTPKYFKDLSAILAATPAD
VLQSYFMWKA VQSFSSYVDADAVKPYRRFVNVLSGKDPDSAPERWRTCVN
HVDGGLGWILSRFFVEKAFSAEAKKFGDTIITDIKTEFAKKLNAAEWMDNT
TKKAVEKVHNIVQKIGYPTKSPDIMDPPTLESHYESVNVSSDAFFANALAMR
RFSVKDEWSALGKPVDRDQWGMTVPTVNAYYNPPGNEIVFPAGIMQFPVFD
VNVPAYMSYGAFGSVAGHELSHAFDSTGRHYDQNGNYTDWWSKDTIDAFK
KKTDCFVDQYSNFTVSGPDDKPLHVNGRLTLGENIADAGGLSASFQAWKRR
SGETPNKDLPLDHFTEQEQMFFVSYSNWWCGKTRKDTEINRIYTDPHAPKW
ARILGTMANSREFRESFKCKVKEPTCQLW

Spot 56 (3):

>gi|311320690| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MGIYNKLADDINEVDIIIAGGGTAGCIVAGRLAEEDPSLSILVIEGGANNKDV
AHIVNPVLYLQNLPTTKTALFYKSNKAKQLADRESIVPSGGTLGGGSSINFM
MYTRAQRSDFD SWNTPGWSANEMWPFLKKLETYHGP GKEDHGYDGP IHI
SDGGYRAKAAEDDFIRTAGEMGIREIEDLQNLNNDGLQRWLRVYVSPDGKR
QDTAHRYLHPKLENEQKYSNLHVLVESKVVRVLFDDKKRACGVEYTPNPEF
QATIGLSMHPVKT VKARKLVVVTGACGTPPV LERSGVGPKDVLDRAGVPV
VEDLPGVGKDYQDHHLVLYPYKTS LDTTQTIDAVLSGRADVPGMLARKDP
MLGWNAIDICKLRPTAPEVAALGPEFQGA WDRDFADNPNRPLMLCGVVSC
FLGDPASIPEGQYVTSGMYTAYPYSRGHMHITGPKHDDPLDFDVGFFTDKD
DIDLKKQMWAYKKQREILRRTNYFRGELAAGHPKFAKSSPAAVQEEVSGPL
PKDAKNIVYSEEDDRAIEQWIRENVQTTWHS LGTCKMAEREKDGVVDSKLN
VYGVVTGLKIADLSIPPENVGGNTNNTALVIGEKAADIINELRGGAGTP

Spot 57 (1):

>gi|311322599| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MLRQHMIRSLQRPAHRAALNGCRAFTASARRPADVELTIDGKKVSI EAGSAL

IQACDKAGVTIPRYCYHEKLMIAGSCRMCLVEVERAPKPVASCAWPVQPGM
VVKTDSPLVHKAREGIMEFLLANHPLDCPICDQGGECDLQDQSMRYGADRGR
RFHELEGKRAVEDKNVGPLVKTSMNRCIHCTRCVRFNSNDIAGAPEFGSFGRG
NDLEIGTYLETALDTELSGNVIDLCPVGALTSKPYAFKARPWELYKTETIDVL
DGLGSNIRVDSRGIQVMR VIPRLNDDVNEEWINDKTRFACDALSTQRLVNPL
VRVDEQFQPATWEQALVEIGNAYKKIAPKGNEFKVIAGHLVETEALVAMKD
LANKLGSNLDALDQPGGSEPIAHGIDVRSNYSFNISKIYGVEDADVMLIIGSNP
RWEAAVLNARIRKQWLRTDLEIGYVGQDFESTFEYEKLGDNANDVKSALS
GFEFGKKLASAKKPMIIVGSGVTEHPDAKSIYEQVGA FVEKNKANFQTEEWNG
FNILQRTASRTGAYEVGFTVPSTEVAQTKPKFVWLLGADEINETDIPKDAFV
VYQGHGDRGAQFADVVLPGAAYTEKSVTYVNTEGRVQMTRAAVGLPGA
SREDWKIVRAASEYLGAEALPYDDVEALRDRMEEISPALRSYDLVEPASLPSLS
KVQLVDQNQGAQATGQVLKNPIENFFFTDAISRNSPTMARCSAAKAQGNPQ
TNFMAPGEPYPQVGYGPQVAAAANV

Spot 57 (2):

>gi|187979835| NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial precursor [*P. tritici-repentis*]

MNGKKVSIEAGSALIQACDKAGVTIPRYCYHEKLMIAGSCRMCLVEVERAP
KPVASCAWPVQPGMVVKTDSPLVHKAREGIMEFLLANHPLDCPICDQGGEC
DLQDQSMRYGADRGRFHELEGKRAVEDKNVGPLVKTSMNRCIHCTRCVRF
NSNDIAGAPEFGSFGRGNDLEIGTYLETALDTELSGNVIDLCPVGALTSKPYAF
KARPWELYKTETIDVLDGLGSNIRVDSRGIQVMR VIPRLNDDVNEEWINDKT
RFACDALSTQRLVNPLVRVDEQFQPATWEQALVEIGNAYKKIAPKGNEFKV
VAGHLVETEALVAMKDLANKLGSNLDALDQPGGSEPIAHGIDVRSNYSFN
SKIYGVEDADVMLIIGSNPRWEAAVLNARIRKQWLRTDLEIGYVGQDFESTFE
YEKLGDNANDVKSALS GFEFGKKLASAKKPMIIVGSGVTEHPDAKSIYEQV
GA FVEKNKANFQTEEWNGYNILQRTASRTGAYEVGFTVPSTEVAQTKPKFV
WLLGADEINETDIPKDAFVVYQGHGDRGAQFADVVLPGAAYTEKSVTYVN
TEGRVQMTRAAVGLPGASREDWKIVRAASEYLGAEALPYDDVEALRDRMEEI
SPALRSYDLVEPASLPSLSKVQLVDQNQGAQATGQVLKNPIENFFFTDAISR
NSPTMARCSAAKAQGNPQTNFMAPGEPYPQVGYGPQVAAAANV

Spot 59 (1):

>gi|311325385| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MANALDHLNSGRTRIEWLSQLNTEYTPAKQYRRTSIICTIGPKTNSAEKINSL
RKVGLNVVRMNFHSGSYEYHQSVINDNAREAERTQPGRPLAIALDTKGPEIRT
GNTVDDADIPIKAGAVINITTDEKYATACDDKNMYVDYKNITKVIAPGRTIY
VDDGVLSFEVLEVTDEKTLKCKCVNNGKISSRKGVNLPKTDIDLPLSEKDK
ADLRFVGNKVDVDFASVIRGSDITAREVLGEEGKDIQIIAKVENQQGVN
NFDEILRETDGVMVARGDLGIEIPPSQVFIAQKMMITKCNIAAGKPAICATQML
ESMTYNPRPTRAEVSDVGNVLDGADCVMLSGETAKGDYPVEAVTMMHE
TCLLAEVAIPYVNAFDELRLKAPVPCPTTETCAMAAVSASLEQNAGAILVLT
TSGTTARLVSKYRPVCPPIIMVTRNEMAARYSHLYRGVYPFYFPEQKPDFKTE
PWQEDVDRRLKWGIMNAIKLGVLSKGDVVICVQGWRRGGMGHTNTRLRIVPA
QEDLGLDQDA

Spot 59 (2):

>gi|311329308| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MRSLLTLGAALGLPLLASAACPDYTDYSNTTHEPFSSGKYKLSYQRPSKECR
TFKSQGVEDTITRMKKVIKDPDLFRLFENTYPNTLDTTIRWKGYAADNKAEE
LTLVTTGDIKAMWLRDSSNQMQSYLPLLKASNDPNSIASLFRGVINLQARYL
LTSPYCNSFQPPAESGLAPEFNQYGVGDDVFPKFSNTSVFECKYELDSLAAFL
QVSADYYNATGDVEFFGKFKWAQAVEAVLNVADDMMMEPTYGPDGAVLKS
PYTFERGTRNGSETFWNLGIGNPVANGTGLIRSGFRPSDDVTFYQLFIPANM
MFSSFLGMTAKIMSKLSNVPKSAALAKKMSALSSESLHHAIETHGTVQHETFG
KVYAYEIDGFGGRNIMDDANLPSLLGAPFYKYAVNPETYHNTRRLVLSAGN
PYYMRGPVISA VGGPHTGLGKAWPMASIVRILTSDNDDEIVKELAQIVSSTN
RLGLIHESINSFDQTDFSRQWFSWANGMFGQMILDLEARKPALLATSFQ

Spot 60:

>gi|311318794| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSTSIDSETLKQYLADSPPTVVPLTIKPHFDALSNKEQLYTHHLSVACFAGTR

IVLRQCSPSESEYIYDFIIALHKHTKGDYAALAKDTGLSKEEIEAYLNYAAQFL
GNLGNYSFGDSKFVPRLEPRQLKALATSSKDILAIYQKFKDTIYAGNDVGK
LHLGYPSAGHISTYYPDSPDITREQISTVSDFLESKGLLPENTRIKKTGGYEV
LIASALDNPSAEQRDLKESEWTMGNGEKVKLVFGDYSKEMDTIAHHIEKAK
EYAANDHQIEMMEEYSKSFRTGSLQAYKKSQKAWVQDKGPLVESDIGFIET
YRDPHGIRGEWEGFVAMVNKERTRAFGKLVETAPQYIPLLPWDKSFKDKF
LSPDFTSLEVLTFAGSGIPAGINIPNYDDIRQNFQFKNVSLGNILSAKAPNESVP
FIKEGDLATYQKYRDPAFEVQVGLHELLGHGCGKLLQETEPGVFNFDKEKPP
VSPLSGQPIKTWYKPGQTWGSTFGTIAASYEECRAECVAMALSCEFPILQLFG
FGNGEVDMNGEAGDVLYTAYLQMARAGVAALEFWDPKSRKWGQAHMQA
RFSILRTFLNAGVEFCQLEWEKEDLSDLTIRLERDRILDGRPAVDDYLQKLH
IYKATADVTAACKMYDEITSVEPFYENKVRPAVLTKKTPRKVFVQANTVEK
DGQVKLVEYDATNEGMIQSCVDREYV

Spot 62 (1):

>gi|311320690| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MGIYNKLADDINEVDIIIAGGGTAGCIVAGRLAEEDPSLSILVIEGGANNKDV
AHIVNPVFYQLNLLPTTKTALFYKSNKAKQLADRESIVPSGGTLGGGSSINFM
MYTRAQRSDFDSWNTPGWSANEMWPFLKKLETYHGP GK KEDHGYDGIPIHI
SDGGYRAKAAEDDFIRTAGEMGIREIEDLQNLNNDGLQRWLRVSPDGKR
QDTAHRYLHPKLENEQKYSNLHVLVESKVVRVLFDDKKRACGVEYTPNPEF
QATIGLSMHPVKTVKARKLVVVTGACGTPPVLERSGVGPKDVLDRAGVPV
VEDLPGVGKDYQDHHLVLYPYKTSLDTTQTIDAVLSGRADVPGMLARKDP
MLGWNAIDICKLRPTAPEVAALGPEFQGAWDRDFADNPNRPLMLCGVVSC
FLGDPASIEGQYVTSGMYTAYPYSRGHMHITGPKHDDPLDFDVGFFTDKD
DIDLKQMWAYKKQREILRRTNYFRGELAAGHPKFAKSSPAAVQEEVSGPL
PKDAKNIVYSEEDDRAIEQWIRENVQTTWHSLGTCKMAEREKDGVVDSKLN
VYGV TGLKIADLSIPPENVGGNTNNTALVIGEKAADIINELRGGAGTP

Spot 62 (2):

>gi|311323177| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSEKAQLIASAPARVQPDPVHRHPKRQAIGRLFAIAATASIVLYGLPQVGYEP
TAVFEDESELCLTPACVHAASEILYNLSPQYKELDPCDNFEELVCGGWRDRH
DLRADQGD AFTGTIMSENSQRLLRHILEAPYPKDSQHSYFSPMQLKTVAKSA
DEENFDKMKAAYDAACLEDKIKSIGAEPLIKLLDEIKNAYPAAATDSGHSIK
DAILLLAKYGV TGLVAAGTGADDTDPDTV VVSISAPYSFGLPAKERYEDEKL
VEQYRKVAIEVLGALYPGQNKNSFSGIIDLEKKLAAASPSEEDREDVTKYYN
PMLIDEAAAIAPEIELKAFLAGQAPKDSKIERVIVMTPKYFKDLSAILAATPAD
VLQSYFMWKA VQSFSSYVDADAVKPYRRFVNVLSGKDPDSAPERWRTCVN
HVDGGLGWILSRFFVEKA FSAEAKKFGDTIITDIKTEFAKKLNAAEWMDNT
TKKAVEKVHNIVQKIGYPTKSPDIMDPPTLESHYESVNVSSDAFFANALAMR
RFSVKDEWSALGKPVDRDQWGMTVPTVNAYYNPPGNEIVFPAGIMQFPVFD
VNPAYMSYGAFGSVAGHEL SHAFDSTGRHYDQNGNYTDWWSKDTIDAFK
KKTDCFVDQYSNFTVSGPDDKPLHVNGRLTLGENIADAGGLSASFQAWKRR
SGETPNKDL PGLDHFTQE QMFFVSYSNWWCGKTRKDTEINRIYTDPHAPKW
ARILGTMANSREFRESFKCKVKEPTCQLW

Spot 63 (1):

>gi|311323556| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MARSSRSSSRSTWSIALYLLLVLVGGMLAKTAHAKEQEPLKEDSNAVSGP
VIGIDLGTTYSCV GIMKNGKVEIITNDQGNRITPSWVAFTDDERLVGDAAKN
QFASNPERTIFDIKRLIGQKFKDKSVQNDIKHFVKVINKNGQPNVGVVEVHGQ
QKTFTPEEISAMVLGKMKEVAESYLGE PVKNAVVTVPAYFNDAQRAATKD
AGTIAGLNVLRV VNEPTAAALAYGLDKTDQKERQVLVYDLGGGTFDVSILTI
EEGVFEVQSTAGDTHLGGEDFDNRVINYFAKKYNKENDVDITKDAKTMGK
LKREVEKAKRTLSSQKTTKIEIESFHKGKDFSETL TRAKFEELNNDLFKKT
PVEQVLKDAKMKSDIDDIVLVGGSTRIPKVQAMLEEFFGKKARKD VNPDE
AVAYGAAVQGGVLSGDAAAESLILMDVNPLTLGIETTGGVMTHLIKRGTTIP
TKKSQIFSTAADNQPVVLIQVFEGERSMTKDNNQLGKFELTNIPPAPRGVPQI
EVTFELDANGILKVS AIDKGTGKGESITITNDKGRLSKEDIDRMVEEAKEYAE
EDKAHKERIESRNKLENYAYSLRNQLKDEEGLGGKIEDDDKESLLEAVKETQ
DWLQSNAD EAAEDFDEQFQKLSDVAYPITSKLYGSSGGPGGDDDDAPEDHD
EL

Spot 63 (2):

>gi|311333512| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MRDFILASALTASALFAGHAEAVAANPLPAPTKIVWGNSGCFSFAPSGSFDLP
QSKLLSDAADRTMKSITTLKWVPQAVEAPVREFEPFPGATTKASRRKNRRQ
YNAAPAGNCTGSVKNVRITVANLNADLQHGVBGESYTLNLKDGSDTLFITSQ
TVYGALHALTTLQQIVISDGTGKLIIEQPVSIVDAPLYPVRGIMIDTGRNFISK
AKIEEQLNAMALSCLNVLHWHLVDSQSWPVEVKQYPKMTEDAYSANEMFT
QDTLKEIVSYAAARGIRVIPEIDMPGHASSGWTQIDESIVTCEDSWWSNDEW
PKHTAVQPNPGQLDILNNKTYEVTGQVYKEMTSIFPDNWFHIGGDELFCNC
NNFSAALAFFNSGKSMGDLYQVWVDRAIPNFRGIANKTFVMWEDVKISAD
VAATGNVPKDIIILQAWNGLDHLISNLTAQGYRVIVSSSDFMYLDCGYGGWV
GNDPRYNVMVNPANNDTTIFNFWGGGGGWCAPYKTWQRIYDYDFTFN
MTDAQKALIQGAIAPLWSEQVDDAVVSQKMWPRAAALAEVWVSGNRDAN
GKKRTTELTQRILNFREYLVASGVASPLMPKYCLQHPHECDLYLNQTALW
T

Spot 70 (1):

>gi|311321040| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MLRNISRSVARQSRSSRIANRAPQFLRPLSTSVCRMSSSTLKAVEPPVSAALP
GDSFQLLPEAAKAGQAEDALFEEVQVAVKDWASPRYKGIKRPYSAEDVV
SKRGLSQSSYPSSLMARKLFNLLEERAAGKGPVHTMGAIPIQMSQQAANQ
EVLYVSGWACSSVLTTTNEVSADFGDYPYNTVNPQVQRLFKAQQLHDRKN
WDNRRKMSAEERAKTPYLDYMRPIIADGDTGHGGLSAVIKLAFLAENGAA
GVHFDQLHGGKCGHLGKVLVPVGDHINRLVAARFQWDMGCENLVI
ARTDSESGKLISAVDVRDHEFIKGVTEDEPLAETLQNMEEAAGAPGKEIDQ
YEAAWVKKHKLVTDFEAVVQHLEKESASQSTIDSYLAEVKQNPDYSLKRR
NVAEKYTKTPVYFNWDVPRTRREGFYHYKAGVAAATKRGKEYAPYADLLW
VETGDPNVQEAAKFAGEIRAVHPGKKFVYNLSPSFNWMGQGFSEEALKSFV
WDLAKHGFVFLISLAGIHSTATITCELSRAFKDEGMLAYVKLVQSREKELG
CDVLTHQKWSGAGYIDGILGAIQSGSSGSKSMGEGNTETGF

Spot 70 (2):

>gi|311320708| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MVTQTVNKTNLHPSGVAPNVEHTEIEESLHDKAHIDYDRVAIIANPSVAALY
EDALVYETGSAITASGALSAYSGAKTGRSPSDKRIVEEDSSKNDVWWGPVN
KPMKTDVWRINRERAIDYLNTRKRIYVVDGFAGWDVRYRIRVRVVCARAY
HALFMRNMLIRPSKEELEHFKPDYTIYNAGAFPANRYTSGMTSSTSVALNFA
DKEMVILGTEYAGEMKKGIFTVLYYEMPVKHNVLTLHSSANEGQNGDVTV
FFGLSGTGKTTLSADPKRALIGDDEHCWSDTGIFNIEGGCYAKCIGLSAEKEP
DIFGAIRFGSILENVVFDPVTRQVDYDDDTLTENTRCAYPIEYIENTKIPCISDN
HPKNIVLLTCDARGVLPPIKLSPEQTMYPHFISGYTSKMAGTEQGVTEPQATF
SSCFAQPFLALHPMRYAKMLAEKIKEHNANAWLLNTGWVGAGATTGGKRC
PLKYTRAILDAIHS GELAKVEYETYETFGLSVPKTCPNVPDELLNPAKSWNG
TADFKGEVEKLGKLFMENFKKYEDQATKDVLES GPHVCCCPKH

Spot 72 (1):

>gi|311316310| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MKYATVCATLFAALAGASDVKQLKTDNFKSFIEENDLVLAEFFAPWCGHCK
ALAPEYETAATLKEKDIALVKVDCTEEQDLCQEYGV DGYPTLKVFRGLENI
SPYGGQRKADSLISYMTKQALPAVSEITKDTLEEFKTADKVVLVAYFAADD
KASNETFTSVANGLRDNYLFGATNDAALAKAEGVKQPGLVLYKSFDDGKD
VFKEKFEADAIRDFAKVASTPLIGEVGPETYAGYMAAGLPLAYIFAETQEER
DEFAKVLKPLALKHKGKINFATIDAKSFGQHAGNLNLKVGTPAFAIQATE
KNEKFPYDQEAKITEKDIGKFVDQYLAGKLEPSIKSEPVPEKNDGPVTTIVAH
NYKEVVDNDKDVLVEFYAPWCGHCKALAPKYEELGQLYQTPEFSKLV TIA
KV DATANDVPDEIQGFPTIKLFAAGKKDAPVDYSGSRTIADLIEFVKENGSH
KVS VVYTGSDGEMADKLAHQAPAATEKDANSATDDTEKDDAASEATESVK
SGAAAATDAAKDAASEASASASSVKDEL

Spot 72 (2):

>gi|311323030| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MKHAATYKNVAE VVADPSINTLAKRASAQDIATDLVKATIPNATFRLVSDS
YVSDNGVAHFYFKQTANGLDIDTADFNVNIGRDGNVFSFGNSFYKGDIPAPP

SLTKRDGSEPVAALKSAVHVLALPVSAQSATAEPKDATETYAIKKTGTGVSE
PEARLVYLVDDQGKLALTWRVETDIMSNWLLSYVDVKDGSKVHAVVDYS
ADATYNVYPWGINDPTEGERQLVTDGFYPPASEFGWHSDGETTFKTTRGNN
GIAHTNWDNKMSGFLDLPRPTSEDLNFDYPFSLNQTFHDYGNASITQLFYT
SNKYHDLLHTLGFNEKAGNFEINNGAGGVGQDFVYLNAQDGERFNNANF
ATPPDGSPARMRYIWNQTPFRDCSFEAGVVIHEYTHGLSNRLTGGPANS
CLSMLESGMGEGWSDFFATAIRLKPSDTRAKDYTMGEWISGSEFGIRNYK
YSTNLEVNPQVYTDVDQYTRVHPIGNIWASMLYEVLWNLIDKYGKNDDWL
PEFNSAGVPKDGKYL SMKLVLDGMALQPCNPTFVSARDAIVDADKALTGG
ANLCEIWSGFAKRGLGEKAVYSTSGRTNNFDIPAGICNNSTISSQARRVKLPL
SV

Spot 73 (1):

>gi|311320690| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MGIYNKLADDINEVDIIIAGGGTAGCIVAGRLAEEDPSLSILVIEGGANNKDV
AHIVNPVLYLQNLPTTKTALFYKSNKAKQLADRESIVPSGGTLGGGSSINFM
MYTRAQRSDFDSWNTPGWSANEMWPFLKKLETYHGP GKEDHG YDGP IHI
SDGGYRAKAAEDDFIRTAGEMGIREIEDLQNLNNDGLQRWLRVSPDGKR
QDTAHRYLHPKLENEQKYSNLHVLVESKVVRVLFDDKKRACGVEYTPNPEF
QATIGLSMHPVKT VKARKLVVVTGACGTPPVLERSGVGPKDVLDRAGVPV
VEDLPGVGKDYQDHHLVLYPYKTSLDTTQTIDAVLSGRADVP GMLARKDP
MLGWNAIDICKLRPTAPEVAALGPEFQGAWDRDFADNPNRPLMLCGVVSC
FLGDPASIEGQYVTSGMYTAYPYSRGHMHITGPKHDDPLDFDVGFFTDKD
DIDLKKQMWAYKKQREILRRTNYFRGELAAGHPKFAKSSPAAVQEEVSGPL
PKDAKNIVYSEEDDRAIEQWIRENVQTTWHSLGTCKMAEREKDGVVDSKLN
VYGV TGLKIADLSIPPENVGGNTNNTALVIGEKAADIINELRGGAGTP

Spot 73 (2):

>gi|311320672| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MEAIKGTVNSALEKLNIGGGAQGTPAKEPSEEHLNELKSKYQKAGQEQVFA
FYDKLSAAEKATLYEQLSNFNPEYINEITERALHPAQSEATETKLEPLPEDAT

SSVLDSSQGDLQWYTSGLELIAENKVAVVLMAGGQGTRLGSSAPKGCDFI
GLPSKSLFQLQGERIRKAEMLAACKHNKDSVTIPWYVMTSGPTRGPTADFF
AKHNYFGLKKENVVIFEQGVLPICISNEGKILLESKLKVAVAPDGNGGLYQAL
IQSGVVADMGKRGIQHIHAYCVDNCLVKVADPFIGFSASKNVDIATKVVR
KRNAKESVGLILQKNGKPDVVEYSEISTEDAEAKDSKDSSELLKFRAANIVNH
YYSYKFLESIPEWAKKLPHHVARKKIPFVNTETGETVKPEKPNGIKLEQFVFD
CFPFLTLEKFACMEVKREDEFSPKLNARGTGEDDPDTSKQDIMTQGKKWVQ
AAGATVVSDDPKDGIEVSPLISYGGEGLDLFLKTRTVKAPAVIESED

Spot 75:

>gi|311328404| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSDEVYEGAIGIDLGTTYSCVANYEGTNVEIIANEQGSFTTPSFVSFTSDERLI
GEAAKNQAAMNPENTVFDVKRLIGRRFEDETVTKDIKSWPFKVVVDQNGSPL
VEVEYLGEKKQFSPQEISAMVLVKMKEVAETKLG MKVEKAVITVPA YFNDN
QRQATKDAGAIAGLNLRIINEPTAAAIAYGLGSGKSDKERNVLIYDLGGGT
FDVSLHLHIQGGVFTVKATAGDTHLGGSDFDTALLDHF RKEFTKKYSKEHLM
DSMLHDIAWNCLAHESYHNPSFDAAFPTRDAFVSAFDSLGF EFCPGLLDVVA
SDDPPTLDWFKSVGLDIFADKDQIPHKSWG IYMHFYVKPEREALTYVGSATA
AAFGIRARLKDYRTLHAMSQTILDAIRNGYTL DHTVILGHCPIPPSRQPILRG
VCLSTETA FHAI FWPMRSKDKEYGHLGDQQLWDPEDLSYGG LCTHSPLLES
LDGLELTA EELDIIAETR RRRRNELLAKWCRDDNIKQRANPTPEFRAKRRAIN
KARYKTRKRKR DADVANKAHYYISGDARALRRLRTACERAKRTLSNATQT
TVEIDSLFDGEDFNANITRARFEDLNQKAFVGTLPVAQVLKDANIAKDKVD
EIVLVGGSTRIPKIQKLLSDYFNGKKLEKSINPDEAVAYGAAVQAGILSGKAT
SAETADLLLLDVVPLSLGVAMEGNIFAPVVPRGQTVPTIKKRTFTTVADNQQ
TVQFPVYQGERVDCENNTSLGEFTLAPLPLRAGEAVLEV VFEVDVNGILKV
TATEKSTGRSANITISNAVGLSSSDIETMINDAQKFKTSDEAFSKKFESRQQ
ESYISRVEEMVSDPTTSIRLKR GQKEKIESALSDAMAQLEIEDAPADDLKKKE
LALKRVVTKAFSTR

Spot 76:

>gi|311332744| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTIPDEVDIIVCGGGSCGCVVAGRLANLDHNLQVLLIEAGENNLNNPWVFRP
GIYPRNMKLDSTATFYYSRPSEWLDGRRVVPVAHILGGGSSINFMMYTR
ASASYDDDFQAKGWTTKELIPLMKKHETYQRSCNNRDIHGFEKPIKVSFGNY
TYPIKEDFLRATESQGIPTTDDLQDLVTGHGAEHWLKWNRDTGRRSDSAHG
YIHSTRAVHQNLHLLTSNKVEKVILEGDRAVGVKVVPTKPIHPSQQSSRIIRA
RKQIIVSGGTLSSPLILQRSGIGDPEKLRKAGVKPLVDLPGVGLNFQDHYLTF
APYRAKPGTESFDDFVRGDPKVQEKVFNQWELNGTGPLATNGIEAGVKIRPT
EEELKMMDSWPCPEFRSGWDSYFKDKPDKPVMHYSVIAGFFGDHMQLPPG
NYFTMFHFLEYPFSRGSTHITSPNPYDAPDFDAGFMNDKRDMAPMVWGYIK
SRETARRMGAYAGEVHHMHPYYSFDSPARARDMDLATTNAYALPGNITAGI
QHGSWTMPLEKGRAPQPNFLSSNKQDIMDDIHYSSEDIKHIEDWTKRHVETT
WHLGTCMAPRNGNSIVKHGVLDERLNVHGVKGLKVADLSICPDNVGCN
TYSTALLIGEKCAVLTGEDLGYSGSALDMKVPTYHAPREVVGLSRL

Spot 77:

>gi|311324557| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MGEDKITLGRYMWERIHQIGVDTVFGVPGDFNLQFLDSIYLTPGLRFITNQNE
LNGAYAADGYSRIKNAPGCLVTTHGVGELSALNGIAGSMSSENVKVVHVVG
QTTRTMQKAKMMIHSIGAKPNHQVYNKASEGLRVAAAELWDIESAPKEID
RVLRECVIQSGPVYIFLPLDLSAEMVDASLLKEKIDLEPKVDKTAQDAAVKAI
VAAVAIAKQPTIVVDALVHRFGASEEAKQLVKALNVPFFSAAMGKGIVDET
DEQFVGVWNGEVSSPGVKEVAKQADLVITLGYIPADTNSAGFSRPLEDGTTI
HINPHDVIVKGSYSSTPIKSLAALS KVL PSTPQHKIPKIPILGPRTPLDANAA
HLTQSALWPAIEAFIRPGDVVVSETGTSNTGICDITFPTDIRLVTQIYYGSIGFA
TAATLGVDVARRELEEGNKAGRTILLTGDGSMALTIQEIGTMIKNKCKSIIF
VLNNDGYTVERLIWGARQPYNDIVPHNYSHLLPLYSHPNPEASFHRATTKEE
LRAILEKPQLQQPENVQLVELVLDKMDTSWKLGTVLAWRSEEHKEYLTREG
FVDTYGGWGLDGKAGGNVKWS

Spot 79 (1):

>gi|311316977| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSLSHLHPSNLPVRVSSSECPVAPGHPQSTGTSSCGWLAPPPCTLDPLKSTIA

LGRLSESPAIFLNHAPNRRVAFNSTSFFCCFCLCFCFFSNSSYEYMLNFARQTL
KRVPSFQELLQGTMGSAKEEISVDVLVIGAGPTGLGAAKRLNQIDGPSWLIV
DSNETPGGLASTDVTPEGFLYDVGGHVIFSHYKYFDDCIDALPNDDDWFTH
QRISYVRCKRQWVPYPFQNNLSMLGKDDQAKCMEGLIDAALESRVANTKP
KDFDEWIVRQLGVGIADLFMRPYNFKVWAVPTTKMQCEWLGERVAAPNVK
GVMHNIIHNKVAGNWGPNATFRFPAKDGTGGIWIIVAKTLPESKTRYGDHA
KVTKVDADGHKVHLKDGTVVNYKKLINTMAVDALVETMGDKELIDLSKGL
FYSTTHVIGVGLRGERPERIGDKCWLYFPEDDCPFYRATIFSNYSPYNQPQKD
VKLATQQLADGSKPSSSTEPQEGPYWSIMLEVSESSMKPVDEKNMLKDCIQG
LINTEMIKPDDEIVSTYHRRFDHGYPTPSLEREGVLKQLLPALQAKDILSRGR
FGSWRYEVGNQDHSFMLGVEAVDHVVNGAVELTLNHPDFVNGRKNNEERRL
KDGAQIFAKPSLALRNKGVD

Spot 79 (2):

>gi|311332959| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSTEASTSDAVLKEILEGLKALRAENSSLAASVDKINGRVNMLAGIKQIKDE
AASEAANGALSKDKASEVQREKTVEAVSEQYEQPPESADAPPRRTSVSKFSK
IILTSYPGQAGVDPLPMEWGAKDPAVRGPVVVSRHPNTIRRRNAIGAHHGGSY
SIYNALAVASKNLDITHKPDFTNTEPAAKIGPFPQWSDGKKIVAMDPYGH
LA PWLYKETMDKDDVEIRPTIAITRAHMKLPELEESVRKGRLLVPDGKICINETGE
VAVTKVAVEPVWYLPGVAERFNIDEGLRRTLFEETGGSYPELITRHDIKLFL
PPIGGLTVYIFGDPKMSDPSSRLALRVHDECNGSDVFGSDICTCRPYLTFGIE
EAVKEAQKGGSGVVYFRKEGRALGEVTKYLVYNARKRGEDRASEYFKRTE
NIAGVKDMRFQALMPDILHWLGITKIDRMLSMSNMKHDAIVDQGIPIHERVP
IPDDMIPADSRVEIDAKIQAGYFTTGHVMSMDELANVKGRGWEDIDQWQPP
L

Spot 79 (3):

>gi|311321818| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MNRASNDTQKVKLTGEQVADHSNADSCWVIVHGRAYDVTDFLPEHPGGSK
IILKYAGKDATEAYEPIHPPDTLDKYLDKSKHLGEVDMNTVQEEAKEVDPDE

EERQKRIERMPILEQCYNLMDFEAVARNVMKKTAWAYYSSGADDEIASPQE
TFAFHKIWFRPRVLIDVEKVDMSTTMLGTKCDIPFYVTATALGKLGNPEGEV
ILTRGAHKHKVIQMIPTLASCSFDEIVDEAKDGQVQWLQLYV NKDRQVTKRI
VQHAEKRGCKGLFITVDAPQLGRREKDMRSKFDDVGSNVQSTGGDNVDRS
QGAARAISFIDPSLSWKDIPWFRSITKMPIILKGVQCVEDVIRAVEVGVGDV
VLSNHGGRQLDFARSGVEVLAEVMPVLRARGWQDRIEVYIDGGVRRATDII
KAVALGAKGVGIGRPFLYAMSAYGLPGVDRAMQLLKDEMEMNMRLIGASS
IADLNPSMLDTRGLSMHTAPVPHDTLGLNVYDPLVGPQEKVIREKSRL

Spot 84:

>gi|311329933| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MADALKAEGNKLFAEKKFAESIEKFSQAIELDPSNHVLYSNRSGAYASLKD
WQKALEDANKVTEIKPDWAKGWGRKGTALHGEGDLVGASDAFDQALKLD
PNNAQAKSGLEAVKRAIEAEANDDGAGLGGMFSDPNMIQKLAANPKTAAL
LGDAEFMAKLQQLQKNPNAAGQFMQDPRFLQVMSVLLGIDMSFGQGSGAG
GAGAAASKEAEEDVEMPDARPAPEQPKKAPEPEPEPEPEQVEETEEDKAAK
KAKAEADELKKKGTEFYKKRQFDEAIEHYTKAWELHKDIA YKTNLGA AKF
EKGDYEGCIQACNEAVEYGREILADFKIIAKAFARIGTAYEKMGD LNNAITY
YQKAQTEHRTPEVLAKLRAAEKAKIKKDREAYINPEEA EKARELGNAKFKE
SDWPAAVEAYSEMIKRAPDDPRGYSNRAACFIKLEFPSAVQDCDEAIK RDP
SFIRAYLRKAQAYFTMREYNKCINVCSEAMEHDKDGKNAREIQQQEAKALQ
AQYSAREGETEQETMERIQRDPEIVGILQDPVMQAILQQA KDDPAALQEHLK
NPSIRSKIQKLVHAGVIRMGR

Spot 85 (1):

>gi|311319944| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MASDLRSQEIKNPIDVAEYLFRRLLQQVGVESIHGVPGDYNLVALDYIPKVGL
KWVGN CNELNAGYAADGYARIKGISALVTTFGVGELSAVNAIAGAYSEYVP
IVHIVGY PSTVSQKNGALLHHTLGN GDFTVFSRMSKEISCAV SMLNSQHEAA
MLIDNAIRECYLQSRPVYISLPSDMVTKKVDGDRLKTRLDLKYPPNNQEAED
YVVDVVLKSLHAAKNPVILVDACAIRHRALEETHKLVKKS GIPTFVAPMGK

GAVDETLPNYGGVYAGDGSNAGVRERVESDLILSIGAIKSDFN TAGFTIRMS
QLTTIDLHSFGCKVRYSEYPGVRMNGVLAKVTAKLGNLNIESGPNPNNNVPE
QESSSTEPTIKHAWFWPKLGQWLKKDDILITETGTSNFGVWETRFPEGVRAIS
QVLWGSIGYATGACQGAALAAKESNVKRTILFTGDGSFQLTAQEVSTMIRN
KLAPIIFVICNKGYTIERLIHGWEDAYNDVQEWKYRDIPGVFGAEEGSVLTYR
VESKDEVEKLFKDEEFSSGETKKMRFVELVMPWDDAPAALKAVCEAAART
NATSAE

Spot 85 (2):

>gi|187979272| Pyruvate decarboxylase [*P. tritici-repentis*]

MASDLRSQEIKNPIDVAEYLFRRLLQQVGVDSIHGVPGDYNLVALDYIPKVGL
KWVGN CNELNAGYAADGYARIKGIAALVTTFGVGELSAVNAIAGAYSEYVP
IVHIVGYPSTISQKNGALLHHTLGNNGDFTVFSRMSKEISCAVSMLNSQHEAA
MLIDNAIRECYLQSRPVYISLPSDMVTKKVDGDRLKTPLDLKYPSNNPEAED
YVVDVVLKSLHAAKNPVILVDACAIRHRALEETHEL VKKSGIPTFVAPMGK
GAVNETLPNYGGVYAGDGSNAGVRERVESDLVLSIGAIKSDFN TAGFTIRM
SQLTTIDLHSFGCKVRYSEYPGVRMNGVLAKVTAKLGDNLNIESGPNPNNNVPE
EHESSTESAIAKHAWFWPKLGQWLKKDDILITETGTSNFGVWETRFPEGVRA
ISQVLWGSIGYATGACQGAALAAKESNVKRTILFTGDGSFQLTAQEVSTMIR
NKLAPIIFVICNKGYTIERLIHGWEDPYNDVQEWKYKDIPAVFGAEEGSVLTYR
RVETKDDVEKLFKDEEFSSGETKKMRFVELVMPWDDAPAALKAVCEAAAR
TNATTAE

Spot 87:

>gi|311320725| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MIFSRTIIALSLYTAALAAPTEKRGVAFN WGTEKVRGVNIGGWL VLEPWITPS
IFDKANANRAQKDIVDEYTLGQKLGSA AAGSILRSHWDSWVTW NDFNKIKQ
AGFNVVRIPIGSWAYDTFGAPYVSGANVYIDAAIDWSRSLGLKIIIDLHGAPG
SQNGFDNSGQKMPTPQWQKGD TVKQTLQVLNTIQQKYAQASYQDVIVGIEL
LNEPALYNGLNLDVLKQFYRDGYGQTRSVSDTPVVLSDGFNNPNTWNGFLT
PSDNNAYNVMDHHEYQVFDQTL LKMPAQHTSYVCSNSGTWSGSDKWTI

VGEWTSAMTDCAKYLNKYGIGARFDGTFPGSSKIGDCSWRN DL SKWPASY
KDDSRRYIEAQISAFENKAQGWVWVNFKTEGAAEWDALRLVDAGVFP SIT
NGK VNYKFGGSC

Spot 91:

>gi|311325425| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSGETFEFQAEISQLLGLIINTVYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYEALSDPSK
LDSGKDLRIDIPNKEAKTLTIQDSGIGMTKADLNNLGTIARSGTKQFMEALS
AGADISMIGQFGVGFYSAYLVADRVTVVSKNNDDEQYVWESSAGGTFKITE
DTEGEQIGRGTKIILHLKEEQMDYLNESKIKEVVKKHSEFISYPIYLHVLKETE
KEVEDEDAAEETTEGDEKKPKVEEVDDEEEEKKEKKTKKVKESKIEEEL
NKT KPIWTRNPQDITTEEYASFYKSLSNDWEDHLGVKHFSVEGQLEFRILF
VPKRAPFDLFETKKTKNNIKLYVRRVFITDDATDLIPEWLSFVKGVDSEDLP
LNLSRETLQQNKIMKVIRKNIVKKTLELFNEIAEDREQFDKFYSAFGKNIKLGI
HEDSQNRASLAKLLRFNSTKSGEELTSLTDYVTRMPEHQKQMYIITGESLKA
VQKSPFLDTLKDKGFEVLFVDPIDEYAMTQLKEFDGKKLVDITKDFELEES
EEKKEREAEKEFEGLAKSLKTVLGDKVEKVVVSHKLVGSPCAIRTGQFG
WSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPKSAIIKELKRKVEADGEDD
RTVK SITLLL FETSLLVSGFTIDEPVQYAERIHKL VSLGLNVDEEVETE QEKGE
ASTEQTATAGESAMEEVD

Spot 92 (1):

>gi|311318079| hypothetical protein *Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSLVSEAIWAASPTTTRGQATPLSSDPKGERIAYTSGKSVFLRSIDDP AVSTQ
YTQHTTQTTVARFSPSGFYVASGDVSGSVRVWDCVGE GATKGEYHIIAGRIN
DLAWDGD SQRIIAVGDGKERFGHCITADSGNSVGEISGHSSQINC VSIRQGRP
LRAATGSDDTSLV FYH GAPFKFNTSLRGQHNRVFGTA FSPDGSVFASVGAD
KRIWLYDGKTGEAKTQIGEVHTGSIFGISWAKDSTKFVTASADQTVRIWDP
EAGKAIQTWRMGEEGVASIPDQQVGVVWPAGRS DGLIVSVDLEG NLYLV
DGNPNPTRVIRGHQKNITAAAIAGTTFATGSYEGRVLA WDTTGLADKVEG
ASHSSYVAGITTS DSKNEAELHSVAWDDTLRSISVPDKIFTGEA HDLKFQPKG

IAATSSIVLVPSSDAIAVYSKGVQVSSLSVKYTPTSIAAHGSTVAIGGDDKLV
HIYTLSGTELKESETVLRATAPISALAFSPSGKKLAVGAGNGKIYAYETTAD
WKVITDRWSAHTARITCLAWDESEKFAASGSLDTNVMVWSTEDPGKRIKAL
NAHKDGVNGVAWEKANKVISAGGDASIKVWSVKA

Spot 92 (2):

>gi|187977966| WD repeat containing protein 2 [*P. tritici-repentis*]

MSLVSEAIWAASPTTTRGQATPLSSDPKGERIAYASGKSVFLRSIDDPVSTQ
YTQHTAQTTVARFSPSGFYVASGDVSGSVRVWDCVGEATKGEYHIIAGRI
NDLAWDGD SQRIIVGDGKERFGHCITADSGNSVGEISGHSSQINCVSIRQQR
PLRAATGSDDTSLVFYHGAPFKFNTSLRGQHNRFVFGTAFSPDGSVFASVGA
DKRIWLYDGKTGEAKTQIGEGVHTGSIFGISWAKDSTKFVTASADQTVRIWD
PEAGKAIQRWRMGEEGVASIPDQQVGVVWPAGRS DGLIVSVDLDGNLNYL
VDGNPNPTRVIRGHQKNITAAAIAGTTFATGSYEGRVLAWDTTGLADRVE
GASHSSYVAGITTS DSKNEVELHSVAWDDTLRSISVPDKIFTGEAHD LKFQPK
AIAATSSIVLVPSSDAIAVYSKGAQVSSLSVKYTPTSIAAHGSTVAVGGDDKL
VHIYTLSGTELNESETVLRATAPISALAFSPSGKKLAVGAGNGKIYAYETTA
DWKVITDRWSAHTARITCLAWDESENF AASGSLDTNVMVWSIEDPGKRIKA
LNAHKDGVNGVAWEKANKVISAGGDASIKVWSVKA

Spot 93:

>gi|311324041| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres 0-1*]

MSAFSRNLCSTASRNLRSSVLAKATRPALRATLSTPFVSPSVAAPAFSTM
AALKSSVPQTL SKREYDPEIKDMANYIHNTAIDSELAYDTARWVFVDTLGC
LEGLRFEQCRKILGPVVEGTTVPNGTKVPGTNYQLDPVNGAFNIGAMIRWLD
FNDCWLAAEWGHPDNLGAILATADWITRTNKAGGNLGN GKIFKVRDILEA
MIRAHEIQGCMALENSFNKVGLDHVILVKLASTAVVSKMMGLSESQTRDAIS
QAFVDGQSMRTYRHSPNTMSRKS WAAGDACQTA VNLVLKVMKGEQGLPT
VLSAPTWGFYDVNFGGKPFQFQ RGYGSYVMENVLFKVSYP AEFHSQTAVEA
AQR LNKKL KAMGKS AKDIESV VNR THEACIRIIDKQFKPMENFADR DHC VQ
YMVSTMFVFNRL EATDYPDDSE AATSELVESLRQRISCVEDPQFTKDYHDPE

KRTISNALTVTLKDGTVLDEEVVEAPLGHRLRREEAKPEILAKYKRHLGPHF
PAEHVDKLVALAQDSKSLDNMDIDEYVDLYVKN

Spot 95 (1):

>gi|311319652| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MAPPKQRKMAIVGSRAVVGKSSLTVQFVDGHFVDSYYPTIENTFSKMIKYKN
QEFATEIIDTAGQDEYSILNSKHFIGIHGYMIVYSVASKQSFEMARIIRDKILNH
LAVEWVPLVIVGNKSDLRPEQRQVTPEDGRALAAEFKCAWTEASARYNEN
VQKAFELMVAEVERSQNPDHRRTQYDATQYGSKINTVQKSIGQKKKNKED
ATELLEEKKKLEAEKKEKDAEAAEKLAKLHAKAKSVGNVYVYKDVPVSDNE
DNNAVQKTWAPEGRKAEFKADGIPHHGVLARLNGYDPERGTKIVGHRGYC
LTGYGVFLNQALINYGLEFLFSKGFNPPFFMLRDQMAKTAQLSDFDEEL
YKVTESKDKPETDKYLIATSEQPISALHSEEWLHSDQLPIKYAGYSTNFRKEA
GSHGKDAWGIFRIHQFEKVEQFLTHPEKSWEAFDEMLANSEEFYQSLGLPY
QVVAIVSGALNNAASMKRDLAEWFPVTGGGEYKELVSISNCTDYQTRELEIR
HGIKKNATRKEYVHALNGTLCATERTLCCILENYQTPEGFTVPEVLRKYIPG
QPEFLPFVKEWKAPKDDKPLPDRTK

Spot 95 (2):

>gi|311321565| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MVVNPNRQDVERRQYFTIDLGRPKHASSLSYTVTFRASENEPWKWANEHFS
TSDGRLIYQSSEPLPQDLTYYLEGLPPFLDIAKEQSDTPNTLLWDLTYPIVAAS
GQTPGHSSEKLGKPTNLSRWFAEVRLWGPWLAPRQKGKDRFQPDKEVILASF
ERHDGLHLVLLAVSGLNEVLTTLNHDGDGRVVMNSNNDSDKDGLVRIVAS
VGHNLEDAVAASMYARKLIMAYEESTGQINEEEKALTDDFKPEWLENWY
DGLTYCTWNGLGQKLTEEKIFDALES LHKNEINISNLIIDDNWQSLNTEGGD
QFDNAWVEFEATKNGFPRGLKATVGDIRSKYQHIRHIAVWHAMFGYWGGI
APEGRIAKEYKTKVVQLKDGVS GGKIVVVTEEDVNR FYKDFYQFLSSCGVD
SVKTDAQFFLDELQDADDRNLIKAYQDAWSIAQLRSFSARAISCMSQAPPII
FHSQLPSNKPRMLLRNSDDFFPEVPASHPWHIFCNAHNSILTQHLNILPDWD
MFQTSHDYAAFHAAGRCVSGGPIYITDVPGQHVDLIAQMTGNTPRGDTVIL

RPHTV GKSTTA YNAYDDTLLKVSTYVGM AHSGVSILGVFNCTPKPVAELIG
LDAFPGA EKGT YVIRSH TDGQVSKPTSVATNASFVHLDLSVRGWEILSAFPL
LPFTLKREEGHDVQGPEDVQIAILGVVGKMTGAAAI VSSDAYVDRSSGRLRV
WTS LKVLGTFGLYVSDLA KR NIEKDFFAVLFGRPIPAHCVRVSKHCENVLEI
DTVRAWKETDSRAGWSNEVVVEVVIR

Spot 96 (1):

>gi|311320328| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSDLFVELTAPNGHKYRQPRGLFINNEFVKSKSGETITTINPSDESEIASVYAA
GPEDVNDAVAAARKAFNDPSWRDMDTSDRGD LLYKFAELIDQHKETLATIE
TWDNGKPYSVALGDDL AGVVA VMKYYAGFANKI HGTVIDTSPRKLAYIVR
EPLGVCGQIIPWNFLLMAAWKLG PALCTGNTIVMKA AEQTPLSILYLGT LK
EAGFPPGVVNFLNGDGRKAGATLAQHPDVKIAFTGSTATGKEIMKMAAV
NMKNITLETGGKSPLVIFDDADIAQAVKWAHTGIMYNQGGVCCATSRILVQ
EGVYDKFVEAFKECVKNTSVVGD PFKEGTFQGPQVTKAQYDRILSYIEAGKS
EGATLVAGGEPHKNAGGKGFYISPTIFTNVKDSMRIFREEVFGPFVAISSFKEE
EEAIRRANDTTYGLGAAVFTENITKAHRVARRIEAGMVWINSSNDTDIRIPFG
GVKQSGIGRELGEAGLEAYTNKKAIHVNLGTKL

Spot 96 (2):

>gi|187984551| Aldehyde dehydrogenase [*P. tritici-repentis*]

MSDLFVELTAPNGRKYRQPRGLFINNEFVKSKSGETISTINPSDEKEIASVYAA
GPEDVNDAVAAARKAFNDPSWRDMDTSDRGD LLYKLAQLIDQHKETLATIE
TWDNGKPYSVALNDDLTGVIAVIKYYAGFANKI HGTVIDTSPRKLAYIVREP
LGVCGQIIPWNFLLMAAWKLG PALCTGNTIVMKA AEQTPLSILYLAT LIKE
AGFPPGVVNLLNGDGRKAGATLAQHPDVKIAFTGSTATGKEIMKMASVN
MKNITLETGGKSPLVIFEDADLAQAVKWAHTGIMYNQGGVCCATSRILVQE
GIYDKFVEAFKECVKNTSVVGD PFKDGTFQGPQVTKAQYDRVLSYIESGKSE
GATLISGGEPHKNAGGKGFYISPTIFTNVKDSMKIFREEVFGPFVAISSFKEEE
EAIRRANDTTYGLGAAVFTENITKAHRVARRIEAGMVWINSSNDTDIRVPFG
GVKQSGIGRELGEAGLEAYTNKKAHVNLGTKL

Spot 97 (1):

>gi|311325199| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSDPIADAARKHPAPEGLVYTYGTAGFRTKADVLDVLSVTRVGLIAALRSKTL
KGKWIWVMITASHNPPEDNGVKLVPEMGNMLQEEWEVISTEMANKTTPED
VSKFYHEMANQNKVDLETPARVVVARDTRASGSRLGCLLDGLKAAGA
EVDYGFLLTPQLHYMTRCLNTEGTKDAYGTPTEKGYEYKFGAAFKTALRGK
KPSGSLTVDCANGVGGPKLNELIKYLPKAEGGLEINVINDNVIKPESLNVDC
GADYVKTNRAPPSSKAGPGDRCCSLDGDADR VVYFVKDEKNVFRLLDGD
RIATLVASFLGDTVVRQSGGLADQLKIGVVQTAYANGAATKYVEDNLKLVDC
TPTGVKYLHHA AEKLDIGVYFEANGHGT VIFSHDTLDTIEKHEPRNPGEKEA
LDVLRACINLINQSVGDALSDFLLEVVLAKHWGPQEWLSTYSIDLNRLL
KVVVNDRKIFKTTDAERKLT SPEGLQAQIDKEVQKVRQGRSFARASGTEDA
VRVYAEAETRAEADDLARKVHDLVKAAGSA

Spot 97 (2):

>gi|311331295| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSGIDAEAAQFQKEVQEVKQWWSDSRWRYTRRPFTAEDIVSKRGNLKITYP
SNSQSKKLWDIVEGRFKNK DASFTYGCLDPVMVTQMAKYLDTVYVSGWQ
ASSTASSTDEPGPDLADYPYTTVPNKVGHLMFMAQLFHDRKQREERLTTAKD
DRAKVANTDFLRPIIADADTGHGGLTAIMKLT KLFIEKGAAGIHIEDQAPGTK
KCGHMAGKVLVPISEHINRLVAIRAQADIMGTDLLAVARTDSEAA TLITSTID
PRDHHYILGCTNPALQPLSELMYAAEQAGKNGAELQAIEDSWVKEANLKLY
HEAVIDTINAGVHVVDKQSLISEFMAKSKGKSNSEARAIAAGLTGVDVYFNW
EAARTREGYYRYQGGCQCAINRAVAYAPYCDMIWMESKLPDYAQAKEFAD
GVHAVWPEQKLAYNLSPSFNWKAAMPRDEQETYIQRLAKLGYCWQFITLA
GLHQSALMADTFSKAYAKQGMRAYGEIIQEPEADNKVDVLTHQKWSGANY
VDNLLKMVSGGVSSTAAMGKGVTEdqfk

Spot 98:

>gi|311321923| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAPAASHDAKDVKSENSKSLKALEEMMQKLTMSKAQDEINASAQAIATFIN
GDIEEADAPTKAVQVLKKQLASKKDAVARERALDAIRAIAQHSHVSASVEP
YLVSLLPDVLAAVGDKMSGVKVAAQTAAESIVQAANPNAVKAIPHIIHSLE
NAQKWPEKMADLKCIEVLTKSAPAQMAFRVPDLIPVISSAMWDTKPEVKKA
AYGTMETLCSLISNKDIERFIPELIKCIAPENVPETVHLLGATTFVTDVHEPT
LAIMVPLLERGLVERETAIKRKSAVIIDNMCKLVEDPQIVA AFLPRLMPALEK
NHDNLADPEAREKTRQGLD TLIRVGHVQNGKIPDIEKSGDISTIANNLTAVIP
SGIKIDERFTPVVNYIGAIGGQLIDEKDYEPLNWQANAGPFVA VLVGDEKAK
DVTEELRRRSLPGAAAERLVEPDEEEGEDLCNCTFNLAYGAKILLNQTHLRL
KRGQRYGLLGPNGSGKT TLMRAINNEQVEGF PKQNEVKTVYVEHDLDSAD
TEMTVLAWTMNKLKAVGIDKPEDEVKTTLNEFGFSDAMYNGGIGALS GGW
KMKLALARAVFEQPDILLLDEPTNHL DVKNV KWLEDYLTSSPCTSIVISHDS
KFLNNVIQHVHYERFKLKRYRGNLDDFVKRVPA AKSYHELAASDMEFKFP
EPGFLEGVKTKAKAILRATNMSFQYEGTSKPQIEDITFQCSLGSRIAVIGPNGA
GKSTLVNVL TGELVPTKGEIYHHENIRIA YIKQHAF AHIDHHLDKTPSEYIQW
RFQTGEDRETMDRANKIVTEEDEKAMDKIYKIEGTERRVIGINSRRKFKNSY
EYEC SFALGENVGMKNERWTPMMSADNAWIPRSEIMASHAKMVAEVDQK
EALASGQFRPLVRKEIEAHCANFGLDAELVSHSRMRGLSGGQRVKVVLSAC
SWQRPHLIVLDEPTNYLDRDSL GALS KAIKTFEGGVIII THSAEFTANLTEE V
WAVMDGRMTPSGHNWVQGGAGPRLAKDDGEEEEKIASQKKKAKLTSSE
MRKKKKDRMARRKRGEEVFSDEDE

Spot 99:

>gi|311320328| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSDLFVELTAPNGHKYRQPRGLFINNEFVKSKSGETITTINPSDESEIASVYAA
GPEDVNDAAVAARKAFNDPSWRDMDTSDRGDLLYKFAELIDQHKETLATIE
TWDNGKPYSVALGDDL AGVVA VMKYYAGFANKIHGTVIDTSPRKLAYIVR
EPLGVCGQIIPWNFPLLMAAWKLG PALCTGNTIVMKA AEQTPLSILYLGTLIK
EAGFPPGVNFLNGDGRKAGATLAQHPDV DKIAFTGSTATGKEIMKMAAV
NMKNITLETGGKSPLVIFDDADIAQAVKWAHTGIMYNQGQVCCATS RILVQ
EGVYDKFVEAFKECVKNTSVVGD PFKEGTFQGPQVTKAQYDRILSYIEAGKS
EGATLVAGGEPHKNAGGKGFYISPTIFTNVKDSMRIFREEVFGPFVAISSFKEE

EEAIRRANDTTYGLGAAVFTENITKAHRVARRIEAGMVWINSSNDTDIRIPFG
GVKQSGIGRELGEAGLEAYTNKKAIHVNLGTKL

Spot 100:

>gi|311327612| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MCKHFGTEGQSSIDITKGREVLPTNVKPLHYDLTLEPDFANFTYQGTVTIDLD
VVDDTTSITLNTNELKINSAKVTTGQQLIADSPTLTSKDAQTTKVSFDQSISS
GTKAQLTLAFSGILNDNMAGFYRSSFKADDGSTTYMATTQMEPTDARRAFP
CFDEPALKAKFTVTLIADEKMTCLSNMDVASEKQVDSAVSGGKRKAVTFNP
TPLMSTYLLCFIVGELNYIETNNFRVPVRVYAPKDRDIEHGRFSLELAAKTLA
FYEKTFNSPFPLPKMDMIAIPDFSAGAMENWGLITYRVVDVLIDEKVSGAAV
KQRVAETVQHELHQWFGNLVTMDFWDGLWLNELGATWMSWYSCNIFYP
DWKVVWEGYVTDNLAGALSLDSLRSHPHIEVPVKRADEINQIFDAISYSKGS
VIRMISKYIGEETFMEGIRQYLKKHAYGNTETGDLWAALADASGKDVGKV
MDIWTKKVGFVVTVTEGTDSIHLKQNRFLRTADV KPEEDQTLYPVFLGLRT
KGGVNEDLTLFDREADFKLKDLDFFKLNADHSGLYRYSYTPERLGKLGVAA
KQGLLTVEDRAGMIADAGSLAASGYQKTSGILSLDSFKSESEFVWGEITG
RIGSLRGAWMFEDQEVKDALKKFQLELTADKAHELGWSFKD TDGHIEQQFK
GLMFGAAGIAGDEQITKACFDMFEKFKAGDKSAIHPNIRGSVY AIVLSNGGK
EEYDVVVNEFTNAATSDERN SALRSLGRAKSP ELIQRTLAMSLSDQVKGQDI
YLPISALRSHPEGCYALWTWVKDNWEELERRLPPSL SMLSSVVSITTSFTHR
EHIKEIEEFFKTKSTKGFDM SLSQSIDAISAKAAWLERDSE DVKSWLREHKYL
N

Spot 104:

>gi|311325425| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSGETFEFQAEISQLLGLIINTVYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYEALSDPSK
LDSGKDLRIDIPNKEAKTLTIQDSGIGMTKADLNNLGTIARSGTKQFMEALS
AGADISMIGQFGVGFYSAYLVADRVTVVSKNNDDEQYVWESSAGGTFKITE
DTEGEQIGRGTKIILHLKEEQMDYLNESKIKEVVKKHSEFISYPIYLHVLKETE
KEVEDEDAAEETTEGDEKKPKVEEVDDEEEKKKEKKT KVKESKIEEEEL

NKTKPIWTRNPQDITTEEYASFYKSLSNDWEDHLGVKHFSVEGQLEFRAILF
VPKRAPFDLFETKKTNNIKLYVRRVFITDDATDLIPEWLSFVKGVVDSEDLP
LNLSRETLQQNKIMKVIRKNIVKKTLELFNEIAEDREQFDKFYSAFGKNIKLG
HEDSQNRASLAKLLRFNSTKSGEELTSLTDYVTRMPEHQKQMYIITGESLKA
VQKSPFLDTLKDKGFEVLFVLDPIDEYAMTQLKEFDGKKLVDTKDFELES
EEEKKEREAEEKEFEGLAKSLKTVLGDKVEKVVVSHKLVGSPCAIRTGQFG
WSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPKSAIKELKRKVEADGEDD
RTVKSITLLLFETSLLVSGFTIDEPVQYAERIHKL VSLGLNVDEEVETEQEKG
ASTEQTATAGESAMEEVD

Spot 105 (1):

>gi|311319605| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MAANPDSILREVNILGELNDQNRHILSKDACVFLALLHRTFNERRKALLQRR
VIRQAELDKGNLLDFLPETKHIRENDTWKGAPPAPGLVDRRVEITGPTDRKM
VVNALNSNVWTYMAFDSSAPTWDNMINGQVNL YDAIRKQVDFKQGEK
EYKLRTDRTLPTLIARARGWHLEEKHFTVDGEPMSGSLFDFGLYFFHNAHEL
VKRGTGPYFYLPKMESHLEARMWINDAFNLAQDYIGMRRGTIRATVLIETIT
AAFEMDEIYYELRDHSAGLNCGRWDYIFSTIKRFRQNPVFLPDRDSVTMTSP
FMDAYVKLLIKTCHKRGVHAMGGMAAQIPIKNDPQANEAAAMAKVRSDKLR
EARAGHDGTWVAHPALAAIASEIFNEHMPTPNQMHVRRREDVHITANDLLN
MNVPGKITEEGIRKNLDIGLAYMEAWVRGVGCVPINYL MEDAATAEVSRSQ
LWQWARHNVETAEGKKVTKDYALKLLHEQAKALSDKAPKGNKYHLAAKY
FEGQVTGEDYAEFLTSLLYNEITNVGPPKGASKL

Spot 105 (2):

>gi|311331188| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MLNLFRRHKKKRSLAT EDTQNQDRRTPSITSLDIDQSSSPPSTKYTSPKQSLPT
TKAQAPPQLSYSLPETPTQHSRLVFEATNKS KTSLLQPETLPTTSPASADNNS
EPTTPVAEQQDSPTLPSLQQFTA EPTPLVTSLATIHTPQASRTSNMSLRLPSSH
GQANGANGVNGLNMTFSPPSSPQTLFRSKGRLPSFTSSRATSGNFSSMRSPK
RMTGSNNYQNSIVQDSAASLKKRSLAELGVGAYQNISDVS YVSFLEWIRSER

LTTLPHKGSRWKVLIRALYFAEQLHNFEQAIQPFAQDSSYAASIGYGHAQL
LLELSHHNSTALDKAFSVFYKFAMSFHSLHRSELLAASSEIREQICLLYTDLI
ALVVDVAVKFYKTVKGMTPGSTSLDIFELFGETIETFRTRQNTVIELIWQSQIE
NEDFEEGEALDVQHLSRWLASQDRVIAAITRDHETYVDNQAEFTCLWFNKH
MTKFFQSENRVFLVTGQSGAGKTTLAGSIVERLQRPMNRKQYDTLFCSLSPD
IPTAATSLSVVKSLLFQLLNLRVGNMETYALFRAYHQCRSSEDLKTYEECL
WQALADALQHPVAGSNELVMVVDGLDEIAESQSASIQASGAFSPADLLAKL
VHVTQQGNGVRLITLSSSMKMPASAKGSQHQITREDVRDDLHAVALRSLIH
NHHFHGQRPLDQEQLLDRIIRMANGSFLHLTLTCDMLNSQKSPDAFNKMLE
NFESTKISVQDLVLKLFNMLNPANDAKTLLSWVLAERPLTLDEIHTLFSVD
VQRTISDKGVNANETFKTLEPLFTLHQIRVRFKHAVIHSTLHDFAITGKIPI
LQDSETDMLLRVLTYTKFVLKDSKVEPTFDTSETTTTPDRLFRKHQFLEYAVR
YWVLHLQQSPLAPKSTGEFKPTGDLQKVPETTMFPILESYCWTQLPVPQA
LELQKLGLTIRQTIFTRKHPSVLQTYLSIATS YMLVSNTLEATKYLYLCTIVCK
EVLSPHPLTLECASQFLKISSETQTSTTRTEIMTHREQVLTVLISAYEMQYGSN
SEIVIETQKLLAQLYTSINEHDRAKEIWNLVQDSTSDNWGHASYSRSHDMRD
EIQIKTGMGKGDREINSYDQSWFHDGAHGEEHV DVLTIASINTQIDRIQEHL
HRKEFATVEKLYVELWMEVSSKCRSMLAVEWHEKNIAIATS YAQFLKNQK
RTSESTSILTSVWQQYESHQLSFAETIVSQLTTVAKEMRSMKAHVQALAIKFF
ASSYYQSIHREESHASLEISQQLSQTSTELVQESLNSSSSVTETTTTTSESVFQD
VFFTTIASSATVESSTIALSKKLT AQYMAKKDYTAAINVIHATLQRTWSSFLA
SSIHDVTMATSFTQESIELVEQLAQCYLQMRKLDKVEDVYNRFFRAVLVTD
NVDKVTFDKSKNLLINFYDKYGYADKAISIFQEILVVYRARLGYTNELTIKTL
YELAQRCSRSHPRNHGYWLDYYLQIITALNKDSELCHKDALDAMNVVTVTY
WEDRRYAEAVTFYKVLWTTFVRQTKQHKVFTDVKFVEELYDRYYQCLEET
KASWSDLHKVTKEYRETATATFGAESSIAVNATLALAKVSESSE AHLSEAIA
LYQAVSQSGKQVTTTTTVTEINQALSSLYHKQMHS SSSSNMKAIEVQSALTM
TQSNFQDSYQKYGYCHESSLTSLREMATLYKRQQKTDVATKQISKAASEIVS
KEISSQKLIESAASIASTFSAIEQSSAAHSLAQEMHRQICAKDTRNASKWSFDL
TKCNRTSLAFLASLQYNLRKDL SISFSEIYAELTMEYMYWMQFHETLTKKEA
SLTEVLRAAAPLRFLLRRNDQKEMMTVVEEHSVQAVNSFVKREGQDLKDF
HQNSPRIFIIGILDRLGNRGNKDFVRSVILSSNENISRLTKEKKFQEAYDVANL

SFMFANRNDVYKGA PAISMGFQLASLLAGRDGEKCTDAAFRKKMLDLSNRI
VKKVLDIAKELKLN FARVQLYELSHLS ALLGEQQDYETLEWLLTKLWSTRD
AQRSWPAEVLLNLGRRLICARYAAGHPIKAIRLAEDIA YNMRRAHGPRAPVT
IETYELLAQLYTSTGQTYQAQA AKGEKTAGMATDYFKKAILVHEDILRVLVS
NQDHTSHSHADDDDDDDMDTTARLLAREGVNVKASANTPGSPTAALDSST
LDKSATALKHLHLLKLAYQRYGGWPKSYDEYEHLNAQLFRVFGTESKWKG
VEGTEKWEAKGFGSGKAESQEGGFRGVQDWSFGAREVLMGGGAFEGRQQ
QQMMIQNGEHQHGLQQHTQNGVAVQVR

Spot 107:

>gi|311328445| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAKVDQKTVLIVIDGWGVATEKSRKDGDAILAADTPTMDEFKESKTAQ
GYTELEASSLAVGLPEGLMGNSEVGHLNIGAGR VVWQDSVRIGQTIKNGKL
KD VETIKKSFQRAIDGNRLHFCGLVSDGGVHSHMDHLIALLKVAKDQGV
KAYIHFFGDGRDTPKSAVGYMETLLKATKEIGLGEIATVVG RYYIMDRDK
RWDRVEIGMKGLVTGEGEESDPVATIKERYAKDENDEF LKPIIVGGKERRI
QDDDTVFFFNYRSDRVREITQLLGDVDRSPKPDFPYPKNIDLTTMTSYNPKY
TFNVAFEPQRMTD VLAETLGKQGVKQCHVAETEKYAHVTFFFNGGVEKQF
ENEEREMVSPKVATYDLEPKMSAMAVADKLCERIR TGKFEFLMNNFAPPD
MVGHTGVYKAAIEACTETDKAIKR VYDQCKESGYVMFVTADHGNAEEMLT
EEGTPKTSHTTNKVPFV MANAPEGWSLKKTDGVLGDVAPTLLATMGLQQP
EDMDGHSLLIKS

Spot 108:

>gi|311330479| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MQRAFASRARTSVLNSSSKLRSTSYNLQQQRFAHKELKFGVEARASLLKGV
DTLAKAVSTTLGPKGRNVLIESSYGSPKITKDGVTVAKAITLQDKFENLGAR
LLQDVASKTNEAAGDGT TTTATVLARAI FSETVKNVAAGCNPMDLRRGTQA
AVEAVVEYL RANKRDITTSEEIAQVATISANGDTHIGKLLSNAMEKVGKEGV
ITVKEGKTTEDELEVTEGMKFDRGYISPYFITDTKTAKVEFEKPLILLSEKKIS
AVQDIVPALEASQQLRRPLVIAEDIDGEALAVCILNKLRGQLQVA AVKAPGF

GDNRKSILGDLAVLTNGTVFSDDLKLEKATPDMLGSTGSITITKEDTVILN
GEGSKDQVSQRCEQIRGVINDPTTSEYEKEKLQERLAKLSGGVAVIKVGGSS
EVEVGEKKDRIVDALNATRAAVEEGILPGGGTGLLKASANALGSVKAANFD
QQLGITIVKNAITHPARKIVENAGAEGSVIVGKLMDEYKGFNKGFN
SAKGEYVDMIAAGILDPFKVVRTALVDASGVASLLGTTEVAIVEAPEEKGPPGGMPG
GMGGMGGMGGMGF

Spot 109:

>gi|311325613| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSAPVDAPKPVEVPDVGTAGTVEPAPAPVVASDNTAAPVEAPTTEEAPKVV
EGEAAAPAEVAETKEEDKVVTPIESGALGYKAPGLKNAFRFSKKYFWLGD
EPVAAENLREYLRGEKPEVAHSVAAWSSQTGKGLLFFVKHADQKEHPAGV
LNLAYATDLAKDGAVAFKISGHKHTFEAQTAAERDGFAAVERAITEAK
ASKDGIETSDSYKEAKEKISKPAALAGATSSAPKKSMDAAPKLAEAESPAAG
EASAAPIRTGSSSSSSSDEAKAKKAKNKSRSVSRGKRASLFGLLGKKDKEH
KEESEAVKEDAEAKKEDGTTAPQLDEVPTSAPVNANDVVKPADETTEPTAA
VAVPEDATKVDETPAPVAQEKPKPAKRASIFGNFVEKLKSPTTEKKESAAL
APATVKETETAASKPLEEAEVAAPVSAEGAATETTEAKPVAAVSTPGKEKE
HFSFGKLFSGKDRAKSPAPESKVDAAAPKIEDASATPVVAEPTAVEAAPVAA
ETKPEETTPATEAPKADKRKSFFGNLSRSLSKATGGKTQPKDKKDATSPAPV
VEEETTATAPVEEKKEETAVPAVGDVPAENISVGDASKSVNPTVATTADDDT
APVIRTQHSSSRNITAPSTRRNSIPSPRASHASQAAAATAGGGGGGGGILDNRP
NTPLKPIVVSQRSRLPNTLAPTATTTKRVKPLTQPTTPVWTRSRLDKERGDW
WDTQVTGSQEIWGAIRLAAQYLQKGELQEAQTLMDVTGCTCPTGVLWRGV
YDVTGVQYKVPWVVEPEGVNEDAGGDGDGDDGVAGAAAATEEEEDGE
GAGGEEVMVRVRTSHDQRDVSLAIRKRDSVGTVVEKLKREAKLDSSFKVRL
VYSGRVYHDHETLDAVPRWNFDQDFVLTALVSAI

Spot 111:

>gi|311315271| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTAPSWQEIATQKREAILAIPAEWRLDKLPSIEEQVDVTEYVKQYFDKKEL
DITESSADVIAKKAVEGHWSAVEVTKAFCHRAAVGHQLLHCLHEIFFDAAIE

DAKALDAYYAQHKKKTIGPLHGVPVSLKDQFHVKGVETSMGYVVGWIGTFEG
KKGTGKEKVVESEMVKMLRNAGAVLYCKTSVPHTLMSGETVNNIIGYTLNP
KNRHLTAGGSSGEGALIGIRGSPLGLGTDIGGSIRIPAAFNGLYGLRPSTCRL
PYEGMANSMDGQNTILSVVGPLATNAASLRLITQALLQQNPWFHDPLVHEIP
WRPDQEAIEKATKPLCFGVLRTDGVVNPTPPVRRRAIEEVVKA VRAAGHSVIE
WTPPSHRTLVDTG MNSWVYDGGNDVRS AFNLSGEP MSPQVSFYGSLTKEFS
ATEIAATNVELRRLKKEYMEYWNSTAQQTGTGRPVDAILSPLAPFPAARRER
YKYYGYSSFANVLDYTSVIVPVTNVDKSIDGRVGEQYQAIDEQDQRHQDDY
DPEIYHGAHVSQVLVGRRLQEEKMIAIAE VVGGLLGR

Spot 114:

>gi|311330479| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MQRAFASRARTSVLNSSSKLRSTSYNLQQQRFAHKELKFGVEARASLLKGV
DTLAKAVSTTLGPKGRNVLISSYGS PKITKDGVTVAKAITLQDKFENLGAR
LLQDVASKTNEAAGDGT TATV LARAI FSETVKNVAAGCNPMDLRRGTQA
AVEAVVEYL RANKRDIT TSEEIAQVATISANGDTHIGKLLSNAMEKVGKEGV
ITVKEGKTTEDELEVTEGMKFDRGYISPYFITDTKTAKVEFEKPLILLSEKKIS
AVQDIVPALEASQQLRRPLVIAEDIDGEALAVCILNKLRGQLQVA AVKAPGF
GDNRKSILGDLAVLTNGTVFSDDL DIKLEKATPDMLGSTGSITITKEDTVILN
GEGSKDQVSQRCEQIRGVINDPTTSEYEKEKLQERLAKLSGGVAVIKVGGSS
EVEVGEKKDRIVDALNATRAAVEEGILPGGGTG LKASANALGSVKAANFD
QQLGITIVKNAITHPARKIVENAGAEGSVIVGKLMDEYKGFNKGFN SAKGE
YVDMIAAGILDPFKVVRTALVDASGVASLLGTTEVAIVEAPEEKGPPGGMPG
GMGGMGGMGGMGF

Spot 115:

>gi|311325907| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSVRTVELKPFQDQKPGTSGLRKKVKVFQQEHYSEAFVTSILQSIPEGVEGSF
LVVGGDGRYWNPEVTQTI AKIGAA YGVKLLIGQNGIMSTPAASHIIRIRKAT
GGILLTASHNPGGPDEDFGIKY NLANGAPAPESVTNKIYETSKTLTSYKIADIP

DIDLSTIGTQKYGNLEVEIVHSTEDYKMLKDIFDFDLIKSFLKEHSDFKVLFD
GLSGVTGSYGVDIFEKELGIPNSTQNCVPKPDFGGHHPDPNLVYAKSLVDAV
DKNGIQFGAASDGDGDRNMIYGANSFVSPGDSLAIHAELIPYFKKQGIYG
LARSMPTSGAIDLVAKKKGVQCYEVP TGWKFFCGLFSDKMNICGEESFGT
GSNHIREKDGLWAVVAWLNILAGVGGQTGTTPSIASVQKDFWKTYGRFTFT
RYDYEGCETEGANKVTSHMKELITTKKDEFV GSTVAGRKVVEADDFSYTDL
DGSVSKNQGIFVKFDDGSRIVVRLSGTGSSGATIRLYIEKHTSDESTYDMAQ
DYLKDNVKLATDLLKLQEYIGRTEPDVKT

Spot 116:

>gi|311324041| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSAFSRNLCSTASRNLRSSVLAKATRIALRATLSTPFVSPSVAAPAFSTM
AALKSSVPQTL SKREYDPEIKDMANYIHNTAIDSELAYDTARWVFVDTLGC
LEGLRFEQCRKILGPVVEGTTVPNGTKVPGTNYQLDPVNGAFNIGAMIRWLD
FNDCWLA AEWGHPSDNLGAILATADWITRTNKAGGNLGNKIFKVRDILEA
MIRAHEIQGCMALENSFNKVGLDHVILVKLASTAVVSKMMGLSESQTRDAIS
QAFVDGQSMRTYRHSPNTMSRKS WAAGDACQTAVNLVLKVMKGEQGLPT
VLSAPTWGFYDVNF GGKPFQFQRGYGSYVMENVLFKVSYPAEFHSQTAVEA
AQRLNKKLKAMGKSAKDIESV VNRTHEACIRIIDKQFKPMENFADRDRHCVQ
YMVSTMFVFNRL EATDYPDDSEAATSELVESLRQRISCVEDPQFTKDYHDPE
KRTISNALT VTLKDGTVLDEEVVEAPLGHRLRREEAKPEILAKYKRHLGPHF
PAEHVDKLV ALAQDSKSLDNMDIDEYVDLYVKN

Spot 117:

>gi|311320699| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MPGFAQASDLNAWSALQDHHQKLGKDIVLKEYFKKDPQRFEKFSRTFKND
AENSEILFDFSKNFITEETL KLLVELAKEAGLEKLRDDMFAGEKINF TENRAV
YHVALRNTSNQTMKVDGQSVVEDVNSVLDHMKEFSEQVRSGEWKGYTGK
KIDTIINIGIGGSDLGPVMVSEALKAYSQRDLKIHFVSNIDGTHIAEALKDSNP
ETSLFLIASKTFTTAETVTNANTAKSWFLKSAKQEDIAKHFVALSTNEAEVTK
FGIDKKNMFGFSDWVGGRYSVWSAIGLSVALYIGFDNFHQLLAGAHAMDK

HFKETPLEQNIPVIGLLSVWYSDFFGAQTHLVSPFDQYMHRFPAYLQQLSM
ESNGKAITRSGDYVKYTTGPILFGEPATNAQHSFYQLLHQGTKLIPTDFILAA
KSHNPVENNKHQKMLASNFFAQAEALMVGKTPDEVKAEGAPEELVAHKTF
LGNRPTTSILADKITPATLGALIVYYEHLTFTEGAIWNINSFDQWGVELGKSL
AKKIQAELDDDKESTAHDASTSGLINAFKKKSTL

Spot 119:

>gi|311325907| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSVRTVELKPFQDQKPGTSGLRKKVKVFQQEHYSEAFVTSILQSIPEGVEGSF
LVVGGDGRYWNPEVTQTIAKIGAA YGVKKLLIGQNGIMSTPAASHIIRIRKAT
GGILLTASHNPGGPDEDFGIKYNLANGAPAPESVTNKIYETSKTLTSYKIADIP
DIDLSTIGTQKYGNLEVEIVHSTEDYKMLKDIFDFDLIKSFLKEHSDFKVLFD
GLSGVTGSYGVDIFEKELGIPNSTQNCVPKPDFGGHHPDPNLVYAKSLVDAV
DKNGIQFGAASDGDGDRNMIYGANSFVSPGDSLAIIAHHAELIPYFKKQGIYG
LARSMP TSGAIDLVAKKKGVQCYEVPTGWKFFCGLFDSDKMNICGEESFGT
GSNHIREKDGLWAVVAWLNILAGVGQQTGTTPSIASVQKDFWKTYGR TFF
TRYDYEGCETEGANKVTSHMKELITTKKDEFV GSTVAGRKVVEADDFSYTD
LDGSVSKNQGIFVKFDDGSRIVVRLSGTGSSGATIRLYIEKHTSDESTYDMA
QDYLKDNVKLATDLLKLQEYIGRTEPDVKT

Spot 122:

>gi|187981217| Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate
dehydrogenase [*P. tritici-repentis*]

MPATTTLLSRAGSQLASRGSIALRGAFSAAPCSQRTPALSALARYYASKSYPS
HSVISMPALSPTMTSGNIGAWQKKVGD SIAPGDVLVEIETDKAQMDFEFQEE
GTIAKILRDAGEKDVA VGSPIAVMVDEGADVSAFEGYTIEDAGGDKK PETPS
KEGEASEASEPPSSNSKTAPPAKESAPAAIESESTGDRLETALQRQPAISPAA
KKLALEKGVPISAIKGTGKGGMVT KEDIEKYKPAGGASGSAAGVAS YEDTE
ATSMRKVIASRLRESMNENPHYFVASSISVSKLLKLREALNASADGQYKLSV
NDLLVKALAI AARKVPAANSSWREENGKVMIRQHNVDVSVAVSTPVGLM
TPIVKNVNGLGLSSISSQIKDLGKRARDGK LKPEEYQGGTITISNMGMNPAVE

RFTAVINPPQACIVAIGTTKKVAVPGEPSDGTASIEWDDQIVITGSFDHKVV
DGA VGG EFMRELKKA IENPLELML

Spot 123:

>gi|311324041| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSAFSRNLCSTASRNLRSSVLAKATRPALRATLSTPFVSPSVAAPAFSTM
AALKSSVPQTL SKREYDPEIKDMANYIHNTAIDSELAYDTARWVFVDTLGC
LEGLRFEQCRKILGPVVEGTTVPNGTKVPGTNYQLDPVNGAFNIGAMIRWLD
FNDCWLA AEWGHP SDNLGAILATADWITRTNKAGGNLGNKIFKVRDILEA
MIRAHEIQGCMALENSFNKVGLDHVILVKLASTAVVSKMMGLSESQTRDAIS
QAFVDGQSMRTYRHSPNTMSRKS WAAGDACQTAVNLVLKVMKGEQGLPT
VLSAPTWGFYDVNF GGKPFQFQRGYGSYVMENVLFKVSYPAEFHSQTAVEA
AQR LNKKL KAMGKSAKDIESV VNR THEACIRIIDKQFKPMENFADR DHCVQ
YMVSTMFVFNRL EATDYPDDSEAATSELVESLRQRISCVEDPQFTKDYHDPE
KRTISNALT VTLKDGT VLD EEVVEAPLGHRLRREEAKPEILAKYKRHLGPHF
PAEHVDKLVALAQDSKSLDNMDIDEYVDLYVKN

Spot 124 (1):

>gi|311324131| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MPEVVDPRMISVTPRIRYNTIGGVNGPLVILDNVKFPRYNEIVSLTLPDGT
GQVLEARGNRAVVQVFEGTSGIDVKKTKVEFTGHSLKLGVSEDMLGRIFDG
SGKPIDKGPKVLAEDYLDINGSPINPYSRVYPEEMISTGISAIDTMNSIARGQKI
PIFSSSGLPHNEIAAQICRQAGLVGKPTKGVHDDHDDNFSIVFGAMGVNLETS
RFFTRDFEENGSMERVTLFLNLANPTIERIITPRLALTTAEYYAYQLEKHVL
VILTDLSSYCDALREVSAAAREEVPGRRGYPGYMYTDLSTIYERAGRVEGRNG
SITQIPILTMPNDDITHPIPDLTGYITEGQIFVDRQLDNKGIYPPINVLPSLSRLM
KSAIGEGRTRKDHGDVSNQLYAKYAIGRDAAAMKAVVGEEALSSDKLSLE
FLEKFERSFIAQGAYESRSIHESLDLAW SLLRIYPKELLNRIPAKVLDQYYQRS
RGGDNGEAKKGSKDTKD NSGEEQQGENLIDV

Spot 124 (2):

>gi|311329057| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAKTASFAFATLLLLAAQIALAVPSDATKKACAEINNALPGKVLTSGLLAIEY
THETQQYWATNLREVDPA CIVQPNSAQDVSIAVKILNKYPSVQFATRSGGHD
PNNGHAAVQDGV LITMTDLVGATYDSDEDVAYVRPGGEWNDVIGDLEKSG
VAISGGRLGLVGVGGLLLGGGLSFLNAQEGLAADNIEWETVMANGSVVYV
NADRHPDLAQAMRSGGQFGIVTQFKAKVHHMGNIWGGSCFYDAIKEDEL
YAALHNFVGHGAEDPKAAIIFSDLVFPAGLKT KLIFYFYDNP KPPTSGPFADF
FKVLNLACLPKTQKYSELLRANGEPVLLNARSFFRTY TIPYIPSRPQMYKEI
RDNMAKLAGPFLDSLPLVRAVQFSVDFQPLPSIFGKVSATKGGNAMGLTSSD
PDRIVLIYQAAWNFATDDDLAYGIARNITAWLDEVVPQWLEEAGMSKDLYL
PLFFNDAMWDQPVLQSYKDYEFKALQKSVDPNGFFSTRSGGFKF

Spot 128:

>gi|311324579| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MPTIGVDKAAALYKELGREYTTQEFDELCFEFGIELDEDTSESTKPEDLAQPPQ
LKIEIPANRYDMLCFEGIAMNLKV FLEQQKLPKWTVTAPPSGELQVLDIKPET
KQIRELCSGVVLRGIKFTKERYESFIALQDKLHSNLARQRTLVSIGTHDLDTIK
GPFSYEALPPEQIKFVPLNQEKEMNGKELMEFYEKDKHLGRFLHIIRDSPVYP
VIYDANRTVLSLPPINGNH SKITLDTKNVFIEITATDKTKVEIVNHMLVAMFA
GYADSIPIKIISPHNGESRESPDLSPREMQAEVDYLNQVTGLDLSPEEISKLLS
RMGHDVSPSKSDKNILDVSVPI TRADILHQADIMEDYAIAYGFNKLPRVYPN
KTA AVSAPLPINKLSDIVRLESASAGWTEVLPLILCSHEENFEWLNRKDDGKT
AVKLANPKTAEYQLVRTSLLPGLLKTINSNKHHSVPMKIFEASDVGLVDLEQ
ERKSRNERHFAAAF MGKTSGFQVHGLLDRLMLMLQSAFLTREDGLKNEQL
QGYWIEEVDDPTFLAGHSAAIKLNLGGKNHTIGVFGILHPSVLQKFELPYPVS
TLEFNLEVFL

Spot 130:

>gi|311320672| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MEAIKGTVNSALEKLNIGGGAQGTPAKEPSEEHLNELKSKYQKAGQEQVFA
FYDKLSAAEKATLYEQLSNFNPEYINEITERALHPAQSEATETKLEPLPEDAT
SSVLDSSQGDLDQWYTSGLELIAENKVAVVLMAGGQGTRLGSSAPKGCDFI

GLPSKSLFQLQGERIRKAEMLA AKKH NKDSVTIPWYVMTSGPTRGPTADFF
AKHNYFGLKKENVVIFEQGVLP CISNEGKILLESKLVAVAPDGNGGLYQAL
IQSGVVADMGKRGIQHIHAYCVDNCLVKVADP VFIGFSASKNVDIATKVVR
KRNAKESVGLILQKNGKPDVVEYSEISTEDAEAKDSKDSSELLKFRAANIVNH
YYSYKFLESIPEWAKKLP HHVARKKIPFVNTETGETVKPEKPNGIKLEQFVFD
CFPFLTLEKFACMEVKREDEF SPLKNARGTGEDDPDTSKQDIMTQGKKWVQ
AAGATVVSDDPKDGIEVSPLISYGGEGLD FLKTRTVKAPAVIESED

Spot 131 (1):

>gi|311331024| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MVSISNPTQIFAEDVTEEKGENARLSAFVGAIAVGD LVKSTLGPKGMDKILQ
SASTGEIMVTNDGATILKAIALDNAAAKVLVNISKVQDDEVGDGTT SVTVLA
AELLREAEKLV DQKIHPQTIIIEGYRIASNAALKQLEKIAVDHSQDETA FRKDL
ESIARTTLSSKVLSQDREQFAKLA VDAVLKLG GSTDLTHIQI IKKAGGK LKDS
YLDEGFILDKKFGVNQPKRIENAKILVANTAMDTDKIKIFGARVKVDSTGKL
AELEKAEREKMKAKVERIKAHG INCFVNRQLIYNWPEQLFADAGICSIEHAD
FDGIERLALVTGGEITSTFDHPENVKLG YCDLVEEVIIGEDVLIRFSGINAGRA
CTIVLRGATEQLLDEAERSLHDALAVLSQTIKEPRTTLGGGCAEMNMAKAV
MEAAQNVAGKKAIAVESFSKALQQLPTILADNAGFDSSDLVTRLRKA VYSG
LTSSGLDLLSPGGGITDMRELGVIESYK LKRAVVSSASEAAELLRVDNIIRSA
PRRRERM

Spot 131 (2):

>gi|187978674| T-complex protein 1 subunit beta [*P. tritici-repentis*]

MSNPTQIFAEDVTEEKGENARLSAFVGAIAVGD LVKSTLGPKGMDKILQSAS
TGEIMVTNDGATILKAIALDNAAAKVLVNISKVQDDEVGDGTT SVTVLAAE
LLREAEKLV DQKIHPQTIIIEGYRIASNAALKQLEKIAVDHSNDETA FRKDL
ESIARTTLSSKVLSQDREQFAKLA VDAVLKLG GSTDLTHIQI IKKAGGK LKDSYL
DEGFILDKKFGVNQPKRIENAKILVANTAMDTDKIKIFGARVKVDSTGKLAE
LEKAEREKMKAKVERIKAHG INCFVNRQLIYNWPEQLFADAGICSIEHADFD
GIERLALVTGGEITSTFDHPENVKLG HCDLVEEVIIGEDVLIRFSGINAGRACTI

VLRGATEQLLDEAERSLHDALAVLSQTIKEPRTTLGGGCAEMNMAKAVME
AAQNVAGKKAIAVESFSKALQQLPTILADNAGFDSSDLVTRLRKA VYSGLT
SGLDLLSPGGGITDMRELGVIESYKLRVAVSSASEAAELLRVDNIIRSAPR
RRERM

Spot 133:

>gi|311330637| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAHLDPYFKQVDALQGNFIERLREAVAISSISEDQRRPDVVKMGHWLADQI
KALGGTVELRELKQPGREHLDPCLLGRYGDDPKKVNVLVYGHYDVQP
ANKSDGWATDPFTLSIDDKDRMYGRGSTDDKGPVLGWLNAIEAHQKAGVE
LPVNLVMCFEGMEENGSEGLDDTIRAEAKKFFKDVDVVCISDNWLGTEKP
CLTYGVRGCNYYQIEVSGPGQDLHSGVYGGMTHEPMTDLVRIMNSLVDPD
GKILIKGVDDLVAPLTEEEAALYPPIAFTMDGLRESLGGETAIHDNKEDALKH
KMRYPSLSLHGIEGAFYSEGAKTVIPAKVIGKFSIRTVPNMEIDPVTKLVEKHI
NDEFKLSKSKNKMFSVVHCGKWWVEDPNHPNYTAAAKAVERVFGVKPD
MTREGGSIPVTLTFQEELGKNVLLLPMGSSTDAHSINEKLDRRNYIEGTKLL
GAYLHYVAELKRD

Spot 135:

>gi|311324131| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MPEVVDPRMISVTPRIRYNTIGGVNGPLVILDNVKFPRYNEIVSLTLPDGTERS
GQVLEARGNRAVVQVFEGTSGIDVKKTKVEFTGHSLKLGVSEDMLGRIFDG
SGKPIDKGPVLAEDYLDINGSPINPYSRVYPEEMISTGISAIDTMNSIARGQKI
PIFSSSGLPHNEIAAQICRQAGLVGKPTKGVHDDHDDNFSIVFGAMGVNLETS
RFFTRDFEENGSMERVTLFLNLANPTIERIITPRLALTTAEYYAYQLEKHVL
VILTDLSSYCDALREVSAAAREEVPGRRGYPGYMYTDLSTIYERAGRVEGRNG
SITQIPILTMPNDDITHPIPDLTGYTEGQIFVDRQLDNKGIYPPINVLPSLSRLM
KSAIGEGRTRKDHGDVSNQLYAKYAIGRDAAAMKAVVGEEALSSSEDKLSLE
FLEKFERSFIAQGAYESRSIHESLDLAWSLRIYPKELLNRIPAKVLDQYYQRS
RGGDNGEAKKGSKDTKDNSGEEQQGENLIDV

Spot 138:

>gi|311333477| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSRNSSVSSPSEATRLRSSPTQSARQARQPNTTRTSLVTHTILSLLVLLLALGTA
FFAPHLPNNAVRLVAKHHAASFTRLRNPIVLQEPSVCPKPEQQVEFVGTFNQR
HKRSMALADQAKRVAAEFDFSDDALNKAVKEFIREMDEGLGKEGTEMSQIP
TYVTAVPNGTEKGLYMAVDLGGTNFRVCSIELHGNTTFSLTQSKVAIPRELM
VAKTSKELFSFLAKQIEAFLKLHHEEHYAGTLRRREGKGGPEDEEIFNLGFT
FSFPVHQIGINKGMLMRWTKGFDIQDAVGKDVCALLQQEIDELHLPVKVAA
LVNDTVGTLMARSYTSPGKTGTLGAIFGTGTNGAYVEKLGKVSCLTQSEN
AGVYDKSTGEMIVNTEWGSFDNSLRTPNSPYDIELDKNSVNPGIQMF EKRV
SGMFLGELLRLALIKLIKDPSVPLFTDDNSSSNDVHSTTQIHDGSPWKQWGI
DTSFLSVCAGDHSPGLRMLRQTLDKDYDISAVSAEDAEAVREIAAAIGRRAA
RLAAVAIAGVIINTGRLDKSSDSVNTEGDEIDVGVDGSLVEFYPNFEEYIREA
LRAVPEIGTKGEKRVIRIGIAKDGSGVGAALIALVAGKVNAPQ

Spot 139:

>gi|311328404| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSDEVYEGAIGIDLGTTYSCVANYEGTNVEIIANEQGSFTTPSFVSFTSDERLI
GEAAKNQAAMNPENTVFDVKRLIGRRFEDETVTKDIKSWPFKVVVDQNGSPL
VEVEYLGEKKQFSPQEISAMVLVKMKEVAETKLG MKVEKAVITVPA YFNDN
QRQATKDAGAIAGLNVLRIINEPTAAAIAYGLGSGKSDKERNVLIYDLGGGT
FDVSL LHIQGGVFTVKATAGDTHLGGSDFDTALLDHF RKEFTKKYSKEHLM
DSMLHDIAWNCLAHESYHNPSFDAAFPTRDAFVSAFDSLGF EFCPGLLDVVA
SDDPPTLDWFKSVGLDIFADKDQIPHKSWGIMHFYVKPEREALTYVGSATA
AAF GIRARLKD YRTLHAMSQTILDAIRNGYTL DHTVILGHCPIPPSRQPILRG
VCLSTETA FHAI FWPMRSKDKEYGHLGDQQLWDPEDLSYGG LCTHSPLLES
LDGLELTA EELDIIAETR RRRRNELLAKWCRDDNIKQRANPTPEFR AKRRRAIN
KARYKTRKRKR DADVANKAHYYISGDARALRRLRTACERAKRTLSNATQT
TVEIDSLFDGEDFNANITRARFEDLNQKAFVGTLPVAQVLKDANIAKDKVD
EIVLVGGSTRIPKIQKLLSDYFNGKKLEKSINPDEAVAYGAAVQAGILSGKAT
SAETADLLLLDVVPLSLGVAMEGNIFAPVVPRGQTVPTIKKRTFTTVADNQQ

TVQFPVYQGERVDCENNTSLGEFTLAPLPLRAGEAVLEVVFVDVNGILKV
TATEKSTGRSANITISNAVGKLSSSDIETMINDAQKFKTSDEAFSCKFESRQQL
ESYISRVEEMVSDPTTSIRLKRQKEKIESALSDAMAQLEIEDAPADDLKKKE
LALKRVVTKAFSTR

Spot 147 (1):

>gi|311323498| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MPSNINSAGHENSLISSLSSRVSQLSASIVGYLDTNGHGQPDFTRCSAVVPET
REYEVLRNQMNNDTILDLHRLVNGPKNIFRTQNYLVGDQAATQVALSRKYFQ
HVPADDTGISAAALAEKAGMDEDRTTRFLKILATQRIFEEVEGKFRHTATSEF
LRTSVCGAMAELSYDDTFKAASEMNKHIDEFPYSAGLKECAFYRKFSTYY
EVLEQDPKRAARFFDAMKGWSLMDDGNRVLRRKGFWDWSKLHDKKVV DIGG
GDGHVSLDLAREYPKLKVVVQDAFSHQLSAAEATEFGDRVSFQQYDYFTPQ
PIRDAGAYLFRSCFHNHNDEECAKMLQAIIPALVNRTDGPRLINDCIVPECA
EGDITRSEEHQHRQMDMIMLVYFGGKGRTERDWRRLMESVDQRLEIMKMQ
YNPRGGGLLEVRLNDGIALSRTV

Spot 147 (2):

>gi|311326138| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSEPEFEQARKELVSTLEASSLFSKNPEYKKALEVVSVPERIIQFRVWVWENDK
GECQVQKGYRVQFNSALGPYKGGRLRFHPTVNLSILKFLGFQIFKNALTGLN
MGGGKGGCDFDPKGKSDNEIRKFCVAFMRELNKHIGADTDVPAGDIGVGG
REIGYLFGAYRAERNRWEGVLTGKGGSWGGLIRPEATGYGLVYYYVEHMIN
YASGGKESFAGKRVALS GSGNVAQYAALKIIELGTVISLSDSKGALIAEDD
KGFTPEIINQIAALKLERKALTALENHNFKYIEGARPWKEVKKVDVALPSAT
QNEVSEDEAKALIESGAKYIAEGSNMGCTQEAIEVFEAHRREKKGD AIWYAP
GKAANAGGVAVSGLEMAQNSQRLSWTAEEVDEKLGIMRDCFENCLSTAK
EYFTPAEGEFPSLVGGANVAGFRKVAAAMHDQGDWW

Spot 152:

>gi|311330702| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MPATTTLLSRARGQLASRGSIALRGAFSAAPCSQRTPALSALARYYASKSYPS
HSVISMPALSPTMTSGNIGAWQKKVGDSDIAPGDVLVEIETDKAQMDFEFQEE
GTIAKILRDAGEKDVAVGSPIAMVDEGADISAFEGYTIEDAGGDKKPDTPS
KEGEASEASEPPSSNSKTAPPAKESAPAAIESESTGDRLETALQRQPAISPAK
KLALEKGVPISSIKGTGKGGMVTKEDIEKYKPAGGAPGSAAGVASYEDTEAT
SMRKVIASRLRESMNENPHYFVASNISVSKLLKLRALNASADGQYKLSVND
LLVKALAIARKVPAANSSWREENGKVMIRQHNVVDVSVAVSTPVGLMTPI
VKNVNLGLSSISSQIKDLGKRARDGKLPPEEYQGGTITISNMGMNPAVERF
TAVINPPQACIVAIGTTKKVAVPGEPSDGTASIEWDDQIVITGSFDHKVVDG
AVGGEFMRELKKAIEENPLELML

Spot 155:

>gi|311322842| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTEPVGDFGLIGLAVMGQNLILNAADHGFTVVAFNRTVAKVDRFLNDEAK
GKSIVGAHSMEEFVSKLKKPRRMMLLMAGKPVDDFIELILQAGAEEDIIID
GGNSHYPDTNRRTNYLKSNGIRFVSGVSGGEEGARYGPSIMPGGNEEAWP
YIKDVLQSSISAKSDGEACCQWVGDEGAGHYVKMVHNGIEYGDMQLICEAY
DIMKRGLGMKNKEIGDVFTQWNKGVLDNFLIEITRDIMYKNDDDGVAIVEKI
LDSAGQKGTGKWTAINALDLGMPVTLIGEAVFARCLSSLKQERGRAAGLLD
GPTPSFSGDRQAFIDNLEQALYASKIISYAQGFMLIQNAAKEYKWKLNKPEIA
LMWRGGCIIRSVFLKEITSAYRKNPELENLLFDEFFSKAIHKAQSGWRDVVS
KGALWGIPTPAFSTALSFYDGYRAKDLPANLLQAQRDYFGAHTFRIKPEYAN
ATYKEGQDIHVNWTGRGGNISASTYNA

Spot 156:

>gi|311316573| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MKDIVSAISHRFHGLSKSKAAVGSPPPPPKDAPATPVRHANTTPTTANTPTPA
TVKMSPLNKALPALPTSRCVTPTVETLKN DYLSFDMDKLGIEPEHRQWFAA

VNTSIHRFGDTMDPSHDYQYIRRIVSNAANILHNESKQNEWARRIDPVVIWV
ACMIHDVSSIIYRDAGEIWAQTDIVNAFLEPLGCPAGIRYQAARIVAKISYTSE
MVDEEGVKTFADENHAFKIVQDAVRLDKLGAVGVSRFFSHEGNNAFRDYEL
IDNGIGFVEKRFVHYTRLTKTETGREMAEERYKWMLIEGSSSEKYSVYNPT
NDEIVGEINLADAAEVDAAVAAAREAYENGPWSKFNGAQRKVMLKLADL
IEANGAEITKA EVTAMGQPTSIMGGWIVPMVATTWRY YAGWADKIEGQTY P
LEDGAFRITQYEPYGV CAGIGPWNVSIMTMAWKMAPALAAGNTFVFKGSE
KSPFSILVIARLFEEAGFPPGVNLTGAGKTGALLAGHMDIDKISFTGSGDSG
KKVVDAANKSNMKRVTLELGGKSPSLVFDADFDAAIAANSQGFLFNSGQA
CIATSRLFVQSNIADKFIATLKTHFEGAAGMMGDPSDVNTRLGPLADTKQLE
RVLGYIEAGKTEAKLLVGGERKGDKGAFVTP TIFLNPGKDSTIYKEEIFGPVL
SVLTFDTEEEAIKLANDISYGLSAAIYTENLSRALRVSSKIKAGTIGINSGYAP
DNMMPFGGYKQSGMGRELKKEGLLAYMQSKSIRINL

Spot 158:

>gi|311325907| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSVRTVELKPFQDQKPGTSGLRKKVKVFQQEHYSEAFVTSILQSIPEGVEGSF
LVVGGDGRYWNPEVTQTI AKIGAA YGVKLLIGQNGIMSTPAASHIIRIRKAT
GGILLTASHNPGGPEDEDFGIKYNLANGAPAPESVTNKIYETSKTLTSYKIADIP
DIDLSTIGTQKYGNLEVEIVHSTEDYKMLKDIFDFDLIKSFLKEHSDFKVLFD
GLSGVTGSYGVDIFEKELGIPNSTQNCV PKPDFGGHHPDPNLVYAKSLVDAV
DKNGIQFGAASDGDGDRNMIYGANSFVSPGDSLAIHAHAELIPYFKKQGIYG
LARSMP TSGAIDLVAKKKGVQCYEVPTGWKFFCGLFDS DKMNICGEESFGT
GSNHIREKDGLWAVVAWLNILAGVGQQTGTTPSIASVQKDFWKTYGR TFFT
RYDYEGCETEGANKVTSHMKELITTKKDEFV GSTVAGRKVVEADDFSYTDL
DGSVSKNQGIFVKFDDGSRIVVRLSGTGSSGATIRLYIEKHTSDESTYDMDAQ
DYLKDNVKLATDLLKLQEYIGRTEPDVKT

Spot 159:

>gi|311320672| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MEAIKGTVNSALEKLNIGGGAQGT PAKEPSEEHLNELKSKYQKAGQEQVFA

FYDKLSAAEKATLYEQLSNFNPEYINEITERALHPAQSEATETKLEPLPEDAT
SSVLDSSQGDLDQWYTSGLELIAENKVAVVL MAGGQGTRLGSSAPKGCDFI
GLPSKKSFLQLQGERIRKAEMLA AKKH NKDSVTIPWYVMTSGPTRGPTADFF
AKHNYFGLKKENVVIFEQGVLP CISNEGKILLESKLKVA VAPDGNNGGLYQAL
IQSGVVADMGKRGIQHIHAYCVDNCLVKVADP VFIGFSASKNVDIATKVVR
KRNAKESVGLILQKNGKPDVVEYSEISTEDAEAKDSK DSELLKFRAANIVNH
YYSYKFLESIPEWAKKLPHHVARKKIPFVNTETGETVKPEKPNGIKLEQFVFD
CFPFLTLEKFACMEVKREDEF SPLKNARGTGEDDPDTSKQDIMTQGKKWVQ
AAGATVVSDDPKDGIEVSPLISYGGEGLD FLKTRTVKAPAVIESED

Spot 162 (1):

>gi|311333111| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MAGRFV RASKYRHVFGKGTKKEQCYDNLRISRNAWDTNLIKANPEYISVN
WESSGGGAFVIPINERGRAPDQLPLFRGHTAAVLDTDWSPFNDSLISASDD
GKVIWVKPENFTLYTDAEEPADVAPVAKLSGHMRKVGHVLFNTAAENVL
ASSGDYTVKVWDVEAGTPQLTLKHNDIVQSL SWSADGSMLVTTSRDKKLR
IWDVRQEKP AQEVP GHPGAKNSRCVWMGETDRIATTGFSRMSDRQLGLWD
PRNPKEPIGGFQILDSISGVCMPFWDDGTQCLYLAGKGDGNIRYYEYENDKF
EYLSEYKSGDPQRGIAFLPKRGINLHENEVLRCFKTVADAYVEPV SFIVPRRS
EMFQSDIYPPTTGLKAGVSAKEWFGGKTAMPPKISLESVYEGEAPKEVENDY
KPSQPITSQVSPA KAEPPKPAPEPTPIASRGPPPAMKDHKDSMASAASKFADR
DEASDNESASSFEEISKPADRRFTFAARQEEKTRGPVMTKEPEAVKPTPSHTP
TPSVSRSAAPAASSPASTTASTSTPSSGGPATALRDALGDIKSQLEQQNKVMS
DQSEQIAILLREVSHL KSKVAAAEPDREKDERIRQLELELEEAR

Spot 162 (2):

>gi|311322873| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MATRPSNIGIKAIELYFPSQCVDQSELEKFDGVSQGKYTIGLGQTKMSFCDDR
EDIYSLALTTVSSLFKKYNVDPK SIGRLEVGTETLLDKSKSVKSVLMQLFDES
GNYNIEGVDTVNACYGGTNALFNSVNWIESSGWDGRDAVVVAGDIALYKK
GNARPTGGAGCVAM LIGPNAPIVMDAGQRGSYIRHAYDFYKPDLTSEYPIVD

GHFSIRCYTEAVDACYKAYNEREKTLLKAQQNGHAVHQDVETPLDRFDYMA
FHAPTCKLVAKSYARLLYNDYLANPTNPIFADVPAELRDLDYATSVTDKTVE
KVFMGLAKKRFASRVQASIQVPTQCGNMYCGSVYGSLSLIANISSQDLQ GK
RIGMFSYGSGLASSLFSFTVKGD TENIAKQLDIQNRLEQRRVVAPEVYDEMC
NLREQAHLQKDYTPKGS AETILPGTYYYLTGVDSMFRRSYEIKQ

Spot 163:

>gi|311330637| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAHLDPYFKQVDALQGNFIERLREAVAIPSISSEDQRRPDVVKMGHWLADQI
KALGGTVELRELKGKQPGREHLDLPPCLLGRYGDDPKKVNVLVYGHYDVQP
ANKSDGWATDPFTLSIDDKDRMYGRGSTDDKGPVLGWLNAIEAHQKAGVE
LPVNLVMCFEGMEENGSEGLDDTIRAEAKKFFKDVDVVCISDNYWLGTEKP
CLTYGVRGCNYYQIEVSGPGQDLHSGVYGGM THEPMTDLVRIMNSLVDPD
GKILIKGVDDLVA PLTEEEAALYPPIAFTMDGLRESLGGETAIHDNKEDALKH
KMRYPSLSLHGIEGAFYSEGAKTVIPAKVIGKFSIRTVPNMEIDPVT KLVEKHI
NDEF AKLKSKNKMKFSVVHCGKWWVEDPNHPNYTAAAKAVERVFGVKPD
MTREGGSIPVTLTFQEELGKNVLLLPMGSSTDA AHSINEKLD RRRNYIEGTKLL
GAYLHYVAAELKRD

Spot 165:

>gi|311330637| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAHLDPYFKQVDALQGNFIERLREAVAIPSISSEDQRRPDVVKMGHWLADQI
KALGGTVELRELKGKQPGREHLDLPPCLLGRYGDDPKKVNVLVYGHYDVQP
ANKSDGWATDPFTLSIDDKDRMYGRGSTDDKGPVLGWLNAIEAHQKAGVE
LPVNLVMCFEGMEENGSEGLDDTIRAEAKKFFKDVDVVCISDNYWLGTEKP
CLTYGVRGCNYYQIEVSGPGQDLHSGVYGGM THEPMTDLVRIMNSLVDPD
GKILIKGVDDLVA PLTEEEAALYPPIAFTMDGLRESLGGETAIHDNKEDALKH
KMRYPSLSLHGIEGAFYSEGAKTVIPAKVIGKFSIRTVPNMEIDPVT KLVEKHI
NDEF AKLKSKNKMKFSVVHCGKWWVEDPNHPNYTAAAKAVERVFGVKPD
MTREGGSIPVTLTFQEELGKNVLLLPMGSSTDA AHSINEKLD RRRNYIEGTKLL
GAYLHYVAAELKRD

Spot 166:

>gi|311327902| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MDEIAPEYDVVVVLGTGLTECVLSGVLSVKGKKVLHIDRNDHYGGEEAASLNI
EALFKRYGQTEGEPWKKYGRVNDWNIDLVPKLLMSNGELTNILVSTDVTKY
LEFKQIAGSYVQQGDGAKATVAKVPSDATEALKSPLMGLFEKRRAKNFLEW
VGGYKEDDPASHKGLDVKTCTMKDVYDKFGLEATTRDFVGHSMALYPTDD
YITQQGQANEAIQRIRLYVNSMARYGKSPYIPLYGLGELPQGFARLSAIYGG
TYMLNTDVDEFLYDGNKVIKATMKEKDDTGEGMKFETKAGKILADPSYF
PGKVRVTGHLLKAICILNHPIPNTGDADSLQLIIPQSQVGRKHDIYVAVVSSA
HNVCPKGYYIAIVSTIAEGDSNHHLELQPLDRLGQIEEKFMGPAIPLYEPLES
GANDNIFLSKSYDATSHFETTTDDIKDIYQRVEGHEL VVEGLREGANFNVEE

Spot 167:

>gi|311322842| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTEPVGDFGLIGLAVMGQNLILNAADHGFTVVAFNRTVAKVDRFLNDEAK
GKSIVGAHSMEEFVSKLKKPRRMMLLMAGKPVDDFIELILQAGAEEDIIID
GGNSHYPDTNRRTNYLKS KGIRFVGSVSGGEEGARYGPSIMPGGNEEAWP
YIKDVLQSSISAKSDGEACCQWVGDEGAGHYVKMVHNGIEYGDMQLICEAY
DIMKRGLGMKNKEIGDVFTQWNKGVLD SFLIEITRDIMYKNDDD GVAIVEKI
LDSAGQKGTGKWTAINALDLGMPVTLIGEAVFARCLSSLKQERGRAAGLLD
GPTPSFSGDRQAFIDNLEQALYASKIISYAQGFMLIQNA AKEYKWKLNKPEIA
LMWRGGCIIRSVFLKEITSA YRKNPELENLLFDEFFSKAIHKAQSGWRDVVS
KGALWGIPTPAFSTALS FYDGYRAKDL PANLLQAQRDYFGAHTFRIKPEYAN
ATYKEGQDIHVNWTGRGGNISASTYNA

Spot 169:

>gi|311322842| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTEPVGDFGLIGLAVMGQNLILNAADHGFTVVAFNRTVAKVDRFLNDEAK
GKSIVGAHSMEEFVSKLKKPRRMMLLMAGKPVDDFIELILQAGAEEDIIID
GGNSHYPDTNRRTNYLKS KGIRFVGSVSGGEEGARYGPSIMPGGNEEAWP

YIKDVLQISISAKSDGEACCQWVGDEGAGHYVKMVHNGIEYGDMQLICEAY
DIMKRGLGMKNKEIGDVFTQWNKGVLDNFLIEITRDIMYKNDDDGVAIVEKI
LDSAGQKGTGKWTAINALDLGMPVTLIGEAVFARCLSSLKQERGRAAGLLD
GPTPSFSGDRQAFIDNLEQALYASKIISYAQGFMLIQNAAKEYKWKLNKPEIA
LMWRGGCIIRSVFLKEITSA YRKNPELENLLFDEFFSKAIHKAQSGWRDVVS
KGALWGIPTPAFSTALSFYDGYRAKDLPANLLQAQRDYFGAHTFRIKPEYAN
ATYKEGQDIHVNWTGRGGNISASTYNA

Spot 170:

>gi|311322873| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MATRPSNIGIKAIELYFPSQCVDQSELEKFDGVSQGKYTIGLGQTKMSFCDDR
EDIYSLALTTVSSLFKKYNVDPKISIGRLEVGTETLLDKSKSVKSVLMQLFDES
GNYNIEGVDTVNACYGGTNALFNSVNWIESSGWDGRDAVVVAGDIALYKK
GNARPTGGAGCVAMLIGPNAPIVMDAGQRGSYIRHAYDFYKPDLTSEYPIVD
GHFSIRCYTEAVDACYKAYNEREKTAKAQQNGHAVHQDVETPLDRFDYMA
FHAPTCKLVAKSYARLLYNDYLANPTNPIFADVPAELRDLDYATSVTDKTVE
KVMGLAKKRFAASRVQASIQVPTQCGNMYCGSVYGSLCSLIANISSQDLQ GK
RIGMFSYGSGLASSLFSFTVKGD TENIAKQLDIQNRLEQRRVVAPEVYDEMC
NLREQAHLQKDYTPKGS AETILPGTY YLTGVDSMFRRSYEIKQ

Spot 171:

>gi|311315314| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSETSVKCLKTPQTGEYEQPTGLFINNEWVKSVDGKTIEVINPSTEEVICHVAE
ATEKDVDIAVAAARKAFNGPWRKETPENRGRLLVKLADLFEKNADLIAAVE
ALDNGKAFSMARNVDVPAAGCLRYGGWADKIEGKVVDTSPTDFNYIRK
EPIGVCGQIIPWNFPILMWAWKIGPAIATGNTVVMKTAEQTPLSGYIAAKLIV
EAGFPPGVVNIITGLGRVAGAAMSAHMDIDKIAFTGSTVVGRQIMKAAAGS
NLKKITLLEGGKSPNIVFADADLDEAINWVNFGIYFNHGQTCCAGSRIYVEES
IYDKFIERFRERAAQNKVGD PFAAETFQGPQVSQLQFDRIMGYIDEGKKEGA
TIETGGKRKGDKGYFIEPTIFS NVTEDMKIQKEEIFGPVCTIAKFKTKEEVIRIG
NASIYGLAAAVHTTNLNTAIEVANALRAGTVVWVNTYNSLHWQLPFGGYKE

SGMGRELGEAALDNYLQTKTVSIRLGDVIFG

Spot 172:

>gi|311329848| hypothetical protein *Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSDIHRASTTAPVNIAVIKYWGKRDPKLNLPNTSSLSVTLAQSDLRTHHTTAS
CSSTYPKEDTLLNGQSQDVSGARTQACFRELRALRKQLEDKDSSLPKLSEL
PLRIVSENNFPTAAGLASSAAGFAALVRAIANLYELPSSPTDLSRIARQSGSA
CRSLFGGYVGWEQGSASDGSDSVAFQVAPASHWPNMRAVILVVSAKKGV
SSTSGMQITVATSSLFQSRATETVPRRMKEMQKAIQDKDFETFGKVTMMDS
NSFHATCLDTFPPIFYLNDVSRATIKVVESINAAAGKIIAA YTFDAGPNAVIIYY
LEENEKEVAGLFKILNEKDGWQGARGQAVQANAEALEKVKFEAGPAIAFL
EEGVS RVILTGVGEGPIKTDESLIDEKGE PANKA

Spot 178:

>gi|311316083| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MVTRPMVDPNIEIRTPRDPNTLSNYHNFVTRHTSVDFD VDFK GKRLFGSVVL
SLECLTDEHVREVVLDS SFLDISVVEVDGKSVQFTV GDRVEPYGSPLTITLPS
KIAKGTI HVEIKVATTDKCTALQWMPAQT SNKKHPYMF SQCQAIHARSV
FPCQDTPDVKSTFSFALRSPLPVLASGLPTGASDYQPPKKGESGTMKYTFE
QKVPMTVYLF AIASGDLACASIGPRSTVWSGPEELLSCQRELDGEIEPFMKAL
ESIVSPTYQWGQYNVLILPPSFPYGGMENPVWTYATPSIISGDKQNV DVIAHE
LSHSWSGNLVSAASWEHFWLN EGWTTYLERRIAAAIHGEAHRHFS AIIGWK
ALEQSIENYGADHPYTKLVLDLKGQDPDDAFSSIPYEKGFHALYQFELLGK
DKWDSFIPHYFDTFKFSVDSYDFKSCLIEFFDKDTECKKKLEEFDWDKLFY
APGYPVKPDFDQTMVKSCYELADKWQALVAASSVSSTSSTFKPHASDIEGW
VSNQSVVFLERLQSFATTFSPENIHTLGATYGYDKTQNI EVLSRYLNI GLMAK
AKETYAPAADLLGKIGRMKFVRPMPFRLLNEADRDLAVKTFEANK EPHYHPIC
RQMVEKDLDFGEAGK

Spot 180:

>gi|311322842| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTEPVGDFGLIGLAVMGQNLILNAADHGFTVVAFNRTVAKVDRFLNDEAK
GKSIVGAHSMEEFVSKLKKPRRMMLLV MAGKPVDDFIELILQAGAEEGDIID
GGNSHYPDTNRRTNYLKS KGIRFVSGVSGGEEGARYGPSIMPGGNEEAWP
YIKDVLQSIKSDGEACCQWVGDEGAGHYVKMVHNGIEYGDMQLICEAY
DIMKRGLGMKNKEIGDVFTQWNKGVLD SFLIEITRDIMYKNDDDDGVAIVEKI
LDSAGQKGTGKWTAINALDLGMPVTLIGEAVFARCLSSLKQERGRAAGLLD
GPTPSFSGDRQAFIDNLEQALYASKIISYAQGFMLIQNAAKEYKWKLNKPEIA
LMWRGGCIIRSVFLKEITSA YRKNPELENLLFDEFFSKAIHKAQSGWRDVVS
KGALWGIPTPAFSTALS FYDGYRAKDL PANLLQAQRDYFGAHTFRIKPEYAN
ATYKEGQDIHVNW TGRGGNISASTYNA

Spot 183 (1):

>gi|311328327| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MRSYLLPVLATVALSKASAI PFDLTS AKRVVGSWDDAYAKATAALAKLSQD
EKVGLVTGVGWQNGPCVGN TKAAASIGYPSLCLQDGPLGIRYVNGVTA FSA
GIHAASTWDIDLVRQRGSFLGAESKALGINVQLGPSAGPLGKHPDGGRNWE
GFGSDPYLQGIMMAHTIEGMQESGVQATAKHWLVNEQELKRETMSSDVSD
RILREIYAWPFQDAAHSNVA AFMCSYNKINGTWACESEGIMQKMLKDEMG
HRGYIMSDWNAQH TTTGSANGGLDMTPGSDFNVPQGSKFWGPQLASAIG
NGTVKQARLDDMVTRVLASWYLLGQDKSYPNVSFN SWNIVTRDVAKDHK
TNVRATARDGIVLLKNTQSALPLSKPKSIAVIGSDSIVNPRGANACVDRGCTE
GTLAMGWGSGSVEFPYLVAPLDAIKAQAQKDGTTVKSAPTDNASQGAAAA
QNASIAVVCINANGGEGYITVEGNAGDRINLDPWHNGNALVEAVA AVNKK
TVVVVH SVGPVIMERWIENPNVVA VVWAGLPGQESGNGLVDILYGAASPSG
KLPYTI AKKQSDYGT VITNGDDKDW SLNIDYRHFDAQGITPRFEFGFLSYT
NFTYS DLSITGKPSAGPATGRIAPGGPADLFETVATVTAKISNSGKVAGAEVP
QLYIGY PKSTDSSPKQLR GFSK LKNAGANGVATFKLRRRDLSYFDEATMK
WTVASGEYQV FVGASSRDVRLTGKIVPPVEGISKLNAYPYQTNKTTYIISPL
IMLSQMF KPSTIRSAGRLGRVTKNPVQARYLATVQANTQRAMP TPTMRKAT

EISNEPATFTIKNGPIFEGKSFGAKTNVSGEAVFTTSLVGYPESMTDPSYRGQI
LVFTQPLIGNYGVPSARDEHGLLRYPESPWIQASGIVVQDYALKHSHWTAV
ESLAQWCAREGVPASISGVDTREIVTYLREQGSSLARISVGEEYDADEDEAYID
PEAINLVRRVSTKAPFHVSSSLGDMHVALIDCGVKENILRSLVSRGASVTCFP
FDYPIHKVAHHFDGVFISNGPGDPTHCTTTVHNLRLKLFETSQIPVMGICMGH
QLIALAAGAKTIKLYGNRAHNIPALDLTTGKCHITSQNHGYAVDPTTLTSE
WREYFTNLNDQSNEGLIHNSRPIFSAQFHPEAKGGPLDSAYLFDKYMENVQQ
YKSHQAGLSERNNKPSPLLVDLLSKQRVGVHPAAPDFEGHAAGMDGQQIDI
GGPVAPSYQPITQKPVASAA

Spot 183 (2):

>gi|311330604| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MPSATGQSWEKYQKNFADDEVEEKKITPLTDEDIQVLKTYGAAPYGAELKK
LEKEIKDKQQTINEKIGVKESDTGLAPPHLWDIAADRQRMQEEQPLQVARCT
KIIQDEKDSEKSKYVINVKQIAKFVNLGERVSPTDIEEGMRVGVDRNKYQIL
LPLPPKIDPSVTMMTVEDKPDVTYGDVGGCKEQIEKLREVVEMPLLSPERFV
NLGIDPPKGALLYGPPGTGKTLCARAVANRTDATFIRVIGSELVQKYVGEGA
RMVRELFEMARTKKACIIFDEIDAVGGARFDDGAGGDNEVQRTMLELITQL
DGFDARGNIKVMFATNRPSLDPALMRPGRIDRKIEFSLPMEGRANILRIHA
KSMSVERDIRWELISRLCPNSTGAELRSVATEAGIFAIRSRKIMATEKDFLAA
VDKVIKANMKFNSTAVYAQYN

Spot 185:

>gi|311331037| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MTITKIHARSVYDSRGNPTVEVDIVTETGLHRAIVPSGASTGSHEACELRDGD
MSKWAGKGVTKAVANVNDTIAPALIKEKLDVKDQSAVDAFLNKLDGTKNK
TSLGANAILGVSMIAIAKAAAAEKGVPLYAHISDLAGTKKPYVLPVPFQNVLN
GGSHAGGRLAFQEFMIVPCEAPTFSEAMRQGAEVYQKLKSLAKKTYGQSAG
NVGDEGGVAPDIQTPEEALDLITKAIEEAGYTGKIKIAMDVASSEFYKADEK
KYDLDFKNPDSKSKWLSYEQLAELYKSLAEKYPIVSIEDPFAEDDWEAWS
YFFKTSDFQIVGDDLTVTNPEFIKKAIELKSCNALLLKVNQIGTITEAIQAAKD

AFGAGWGMVSHRSGETEDVTIADIVVGLRAGQIKTGAPARSERLAKLNQIL
RIEEELGDNAIYAGNNFRTAINL

Spot 191:

>gi|311327612| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MCKHFGTEGQSSIDITKGREVLPTNVKPLHYDLTLEPDFANFTYQGTVTIDLD
VVDDTTSITLNTNELKINSAKVTTGQQLIADSPTLTSKDAQTTKVSFDQSISS
GTKAQLTLAFSGILNDNMAGFYRSSFKADDGSTTYMATTQMEPTDARRAFP
CFDEPALKAKFTVTLIADEKMTCLSNMDVASEKQVDSAVSGGKRKAVTFNP
TPLMSTYLLCFIVGELNYIETNNFRVPVRVYAPKDRDIEHGRFSLELAAKTLA
FYEKTFNSPFPLPKMDMIAIPDFSAGAMENWGLITYRVVDVLIDEKVSGAAV
KQRVAETVQHELAHQWFGNLVTMDFWDGLWLNIEGFATWMSWYSCNIFYP
DWKVVWEGYVTDNLAGALSLDSLRSHPHIEVPVKRADEINQIFDAISYSKGSS
VIRMISKYIGEETFMEGIRQYLKKHAYGNTETGDLWAALADASGKDVGKV
MDIWTKKVGFVVTVTEGTDSIHLKQNRFLRTADV KPEEDQTLYPVFLGLRT
KGGVNEDLTLFDREADFKLKDLDFFKLNADHSGLYRSTYTPERLGKLGVAA
KQGLLTVEDRAGMIADAGSLAASGYQKTSGILSLLDSFKSESEFVWGEITG
RIGSLRGAWMFEDQEVKDALKKFQLELTADKAHELGWSFKD TDGHIEQQFK
GLMFGAAGIAGDEQITKACFDMFEKFKAGDKSAIHPNIRGSVY AIVLSNNGK
EEYDVVVNEFTNAATSDERN SALRSLGRAKSPELIQRTLAMSLSDQVKGQDI
YLPISALRSHPEGCYALWTWVKDNWEELERRLPPSL SMLSSVVSITSSFTHR
EHIKEIEEFFKTKSTKGFDM SLSQSIDAISAKAAWLERDSE DVKSWLREHKYL
N

Spot 194:

>gi|311318624| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MKAEHQSTLLELANEVQQLTNRIVSDLTEKKIPEPSFATSSDPLPETPEYIELR
DRLNDSARDLLRLVNGPRNDARTFVCYLYDLAAWQVACEFNFFEAIPHGT
ASIKEISEKAGMDEDRVGRFLRMLTTDRVFEEVEKD VFKHTSR SIIYLKDTQ
WRDVMNYQLDEFFKAAAETSESIRQSPTVTDGQRNAFVTRHGKSLFEFYKQ
DPKRSARFASAMAGVSRLERHFENL KESFPWDQISGRKVIDVGGGSGHMSV

SLAKAFPNELELIVQDSLTMMLSSASQNDFSQLNGRVTMPHDFFTPQPVCGAA
AYLLRYITHNWNDEDCIRIFRALVPALEKSPPGTPVLINDVVLPALGEASRFH
DNRMRQVDIMMMLVLGAKQRTEEQFRLLSDADPRFKIRALHDKGNMCLI
EAYLDTEGKSADAASAADGQEENAALDSTKRTGARM

Spot 197:

>gi|311332617| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MPYEKKAVHFGGGNIGRGFVAEFLHNSGYEVVFDVMDSIIESLQKTPTYTV
TEIGDDGERKFTIDHYRAINSKHEMPKVIDEIATADVVTCAVGPNILKFVAEP
VAKAIEARKLDYPIAVIACENAINATTTWRGFIESHMSEETKKNIDSKARFAN
SAIDRIVPQQPPNAGLDVVIEKFHEWCVEQKPFENGKKPEVKGIHYVDDLE
PYIERKLFTVNTSHATAAAYYGHQNKIAYIHEVLQDKKLHDTV RDAVKETAN
LIVKKHGVSTQE QNDYVEQIIKRISNPVLKDNVERVGRAPLRKLSRKERFIGP
AAQLAERGESYQ TLLGAVEQAYRFQNVESDEESVELAKILKEHSPEEVVTKV
NGIEKGHALFEPLVAIVKKVQGS

Spot 199:

>gi|311328903| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MEEVAALVIDNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHHGIMIGMGQKD
SYVGDEAQSKRGILTLRYPIEHGVVTNWDDMEKIWHHTFYNELRV APEEHP
VLLTEAPINPKSNREKMTQIVFETFNAPAFYVSIQAVLSLYASGRTTGIVLDSG
DGVTHVVPYIEGFALPHAISRVDMAGRDLTDYLMKILAERGYTFSTTAEREI
VRDIKEKLCYVALDFEQEIQTASQSSSLEKSYELPDGQVITIGNERFRAPEALF
QPSVLGLESGGIHVTTFN SIMKCDVDVRKDLYGNIVMSGGTTMYPGISDRM
QKEITALAPSSMKVKIIPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWISKQEYDESGP
SIVHRKCF

Spot 201 (1):

>gi|311325372| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAPAIGIDLGTTYSCVGIFRDDRIEIIANDQGNRTTPSFVAFTDSERLIGDSAK
NQVAMNPVNTVFD AKRLIGRKFADAEVQADMKHFPFKVIDKGGKPV IQVEF

KGEEKVFTPEEISSMVLTKMRETAESYLGTVNNAVVTVPA YFNDSQRQAT
KDAGLIAGLNVLRIINEPTAAAIAYGLDKKTEGERNVLIFDLGGGTFDVSLITI
EEGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRLVNHFTNEFKRKHKKDLTSNARALRRL
RTACERAKRTLSSSAQTSIEIDSLYEGIDFYTSITRARFEELCQDLFRSTMPEVE
RVL RDAKIDKSSVHEIVLVGGSTRIPKVQKMVSDFNKGEPNKSINPDEAVA
YGAAVQAAILSGDTSSKSTSEILLDDVAPLSIGIETAGGVMTALIKRNTTIPTK
KSEVFSTFSDNQPGLVIQVYEGERARTKDNNLLGKFELTGIPPAPRGVVPQIEV
TFDVDANGIINVSALEKGTGKTNKIVITNDKGRLSKEEIERMLAEAEKYKAE
DEAEAARIAAKNALESYAYSLRNTLSDSKVDEKLDAGDKEKLKAEIDKTVA
WLDDNQTATKDEYESQQKELEGIANPIMMKFYGAGGEGGMPGGMPGGGM
PGGGAPGGAGGDDGPTVEEVD

Spot 201 (2):

>gi|311328404| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSDEVYEGAIGIDLGTTYSCVANYEGTNVEIIANEQGSFTTPSFVSFTSDERLI
GEAAKNQAAMNPENTVFDVKRLIGRRFEDET VTKDIKSWPFKVVDQNGSPL
VEVEYLGEKKQFSPQEISAMVLVKMKEVAETKLG MKVEKAVITVPA YFNDN
QRQATKDAGAIAGLNVLRIINEPTAAAIAYGLGSGKSDKERNVLIYDLGGGT
FDVSL LHIQGGVFTVKATAGDTHLGGSDFD TALLDHRKEFTKKYSKEHLM
DSMLHDIAWNCLAHESYHNPSFDAAFPTRDAFVS AFDSLGF EFCPGLLDVVA
SDDPPTLDWFKSVGLDIFADKDQIPHKSWG IYMHFYVKPEREALTYVGSATA
AAFGIRARLKD YRTLHAMSQTILDAIRNGYTL DHTVILGHCPIPPSRQPILRG
VCLSTETA FHAI FWPMRSKDKKEYGHLGDQQL WDPEDLSYGGLCTHSPLLES
LDGLELTAEELDIIAETR RRRRNELLAKWCRDDNIKQRANPTPEFRAKRRAIN
KARYKTRKRKR DADVANKAHYYISGDARALRRLRTACERAKRTL SNATQT
TVEIDSLFDGEDFNANITRARFEDLNQKAFVGTLPVAQVLKDANIAKDKVD
EIVLVGGSTRIPKIQKLLSDYFNGKKLEKSINPDEAVAYGAAVQAGILSGKAT
SAETADLLLLDVVPLSLGVAMEGNIFAPVVPRGQTVPTIKKRTFTTVADNQQ
TVQFPVYQGERVDCENNTSLGEFTLAPLPLRAGEAVLEVVF EVDVNGILKV
TATEKSTGRSANITISNAVGLSSSDIETMINDAQKFKTSDEAFSKKFESRQQL
ESYISRVEEMVSDPTTSIRLKR GQKEKIESALSDAMAQLEIEDAPADDLKKKE
LALKRVVTKAFSTR

Spot 201 (3):

>gi|311331037| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTITKIHARSVYDSRGNPTVEVDIVTETGLHRAIVPSGASTGSHEACELRDGD
MSKWAGKGVTKAVANVNDTIAPALIKEKLDVKDQSAVDAFLNKLDGTKNK
TSLGANAILGVSMIAIAKAAAAEKGVPLYAHISDLAGTKKPYVLPVPFQNVLN
GGSHAGGRLAFQEFMIVPCEAPTFSEAMRQGAEVYQKLKSLAKKTYGQSAG
NVGDEGGVAPDIQTPEEALDLITKAIEEAGYTGKIKIAMDVASSEFYKADEK
KYDLDFKNPDSKSKWLSYEQLAELYKSLAEKYPIVSIEDPFAEDDWEAWS
YFFKTSDFQIVGDDLTVTNPEFIKKAIELKSCNALLLKVNQIGTITEAIQAAKD
AFGAGWGVMSHRSGETEDVTIADIVVGLRAGQIKTGAPARSERLAKLNQIL
RIEEELGDNAIYAGNNFRMAINL

Spot 202:

>gi|187979914| ATP synthase subunit beta [*P. tritici-repentis*]

MLKSGIQQALRASMRRPAIRRSFAFQPLKKSFAFALSTRFASTDAANHGKIHQ
VIGAIVDVKFDTEQLPAILNAVTTQNGDQKLILEVAQHLGENIVRCIAMDGTE
GLVRGSKATDTGAPIKIPVGHGTLGRIMNVTGDPIDERGPIKATKYAPIHADP
PEFTEQSTSAEVLVTGIKVVDLLAPYARELINNIAKAHGGFSVFTGVGERTRE
GNDLYHEMQETSVIQLDGDSKVALVFGQMNEPPGARARVALTGLTVAEYF
RDAEGQDVLLFIDNIFRFTQAGSEVSALLGRIPSAVGYQPTLAIDMGVMQERI
TTTTKGSITSVQAVYVPADDLTDPPAPATTF AHLDATTVLSRGISELGIYPAVD
PLDSKSRMLDPRVIGEDHYNTATRVQQILQEYKSLQDIAILGMDELSEADKL
TVERARKIQRFLSQPFAVAQVFTGIEGKLVLDKDTIRSFKAILTGEGDDLPEG
AFYMVGDFESARAKGEKILAELEKS

Spot 203 (1):

>gi|311331866| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAMPLRFSAPSSRLEEIVPASDRIEELSDAELGSEYEDMGTATAEEQANIA
YLD SIRIPIKDTLETATSEVDDAKIILPYLEGNPNDFDLNAFGIPKLQRQKH
EAMLKKILGDYPAGAAAMDAARPWIVYWALQSMTALGQDISSYQKRIAHT

FSLAQHPDGGFGGGYGQYPHLACSYAATLSLAIAGGKESYDVINRKTLLWHY
LGQMKQADGGFTMCPGGEEDIRGAYCAMVILSLTNLPMELPPDAPARQHGF
TKFTDGLGEWVSKCQSWDGGISAEPGNEAHGAYAFCLACLSILGPPKETLH
KYLNIDMLIYWLSRQCTPEGGYNGRTNKLVDGCYSHWVGGCWSIVEAAT
TTGLWNRPALGRYILAACQEKKGGLKDKPGKHS DAYHTCYNLAGLSAAQY
KYTFDENVNKNL GATNLGAPYHWKSEGRYEDEKIVWDDGDVVRTVHPIFVI
PFMSVYEMRKYFEDKEGF

Spot 203 (2):

>gi|311316552| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSAPAHKFKVADISLAAFGRREIELAENEMPGLMETRRKYAEDQPLKGARIA
GCLHMTIQTAVLIETLKSLGAELTWTSCNIFSTQDHAAAIAAAGVPVFAWK
GETEEYEWCLEQQLTAFKDGKTLNLILDDGGDLTALVHKKYPEMLKDCY
GVSEETTTGVHHL YRMLKGKGLLVPAINVND SVTKSKFDNLYGCRESLVDG
IKRATDVM IAGKVAVVAGFGDVGKGCQAALHSMGARVIVTEIDPINALQAA
VSGYQVTTMEKAAPQGQIFVTTTGCRDILTGAHFEVMPNDAIVCNIGHFDIEI
DVAWLKKNAKSVTSIKPQVDRFLMNNGRHIILLAEGR LVNLGCATGHSSFV
MSCSFTNQVLAQIMLYKASDEAFGNKYIEFGKTGKLDVGVYVLPKILDEQV
ALLHLAHCNVELSKLSEVQAEYLGLPAEGPFKSDIYRY

Spot 210 (1):

>gi|311331037| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTITKIHARSVYDSRGNPTVEVDIVTETGLHRAIVPSGASTGSHEACELRDGD
MSKWAGKGVTKAVANVNDTIAPALIKEKLDVKDQSAVDAFLNKLDGTKNK
TSLGANAILGVSMIAIAKAAA AEKGVPLYAHISDLAGTKKPYVLPVPFQNVLN
GGSHAGGRLAFQEFMIVPCEAPTFSEAMRQGAEVYQKLKSLAKKTYGQSAG
NVGDEGGVAPDIQTPEEALDLITKAIEEAGYTGKIKIAMDVASSEFYKADEK
YDLDFKNPDSKSKWLSYEQLAELYKSLAEKYPIVSIEDPFAEDDWEAWSYF
FKTSDFQIVGDDLTVTNPEFIKKAIELKSCNALLKVNQIGTITEAIQAAKDAF
GAGWGV MVSHRSGETEDVTIADIVVGLRAGQIKTGAPARSERLAKLNQILRI
EEELGDNAIYAGNNFRTAINL

Spot 210 (2):

>gi|311329324| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSFGKLYSYSGNPRTTSLAVAKENGLDIEFVETEPAKGVSTEYLKLNKLGK
VPTFEGADGFVLSECI AIAVYLASQNEKTSLLGKTKQDYATILRWMSFANTE
VLSPLGGWFRPILGRDPYNKKNVEESQKAALKAVHVIEEHLLTHTYLVGERL
TLADIFAASILARGFQFFFDKQWRDSNPNVTRWYETIYNQSSYS AVAPKFEFI
TEALKNVAPKKEGGEK KETPKAAPKPKEEAEEEEEAAPAPKPKHPLEALPK
ATFVLDDWKRKYSNEETREVALPFWENANFEEYSIYKVDYKYNDELTLTF
MTANLIGGFFTRLEASRKYLFGCCSVYGTANDSIIKGAFVVRGQEALPAFDV
APDVESYEFTKLDPTKEEDREFVNDQWSWDKPLVVGDKSYEWADGKGS GG
GPSEDNVTGFLVRSTATQWAKNSVIAVDAGSHLASITRILAKDFPLVSDPDP
LPPSRNDNANSNGAYDHSESPSGAAPVSPSDESEADTPNSEKELPVTITTL
KHGAFAGLPFPHQ SARANALHV VREHISTYLITHPHLDHLSGFVINTAAFHNT
SRPKRLAALPFTVNAIKTHIFNNVIWPNLTDDEDGGVGLVTFQRLAEGGNIAL
GEGSGRGFIEVCDGLGVKGFVSHGHCMQGP GHVHRGSNANLLETSSAQHP
TSGHQLDGQDGRSMSFSYTSQSAPGTPGLSGADTGRRASGTTVPPPQ QSSED
HCVIDSTAYFIRTESTPTTPKREILIFGDVEPDSLSPRTS QIWSEAAPKIASGI
LTGIFIEVSYTNAQSDAVLFGHLAPRHLL EELCVLGD MVKERRKETEREKEE
GRIRKKRKRASNTLQLDGLGEKDRGKRLGVPKGIDSPISSTNQNININND DDDG
MSDYPTSRGETGTHTPNPLPSSHQRTSDPHVSHPSAPAALNLSSVSAEHSRA
ILSAAFDSPLKGIKIVIIHVKDTFTDGPLVGDQILKELREGEATLQE QGRGLGC
QFEVSVAGGSYWF

Spot 210 (3):

>gi|187976885| Carboxypeptidase Yprecursor [*P. tritici-repentis*]

MKVATSALLIGAAAAQQQILKFPDSFSELKESWTKPLQNLEESLKS LTGE
ARATWDEIAMMFPESEKAAFFSEPKPHTRKQDSEWDHIIKGADIQSVWVEN
EKGEKEREIDGKLEQYSLRAKKVDPSVLGVDKVKQYSGYLDDEEEDKHLFY
WFFESRNDPKNDPVVLWLNGGPGCSSLTGLFMELGPASITKDQKIKHNPYS
WNSNASVIFLDQPVNVGYSYSSGSVSNTVAAGKDIYALLTLFFKQFPEYSHQ
SFHISGESYAGHYIPVFASEILSHKNRNINLQSVLIGNGLTDGLTQY EYYRPM

ACGEGGWPAVLDESQCKAMDNAYPRCASLIENCYNSESVWSCVPASIYCNN
AMIGPYQRTGQNVYDVRKPCGSNSLCYDELDWIQGYLNKKEVMKAVGAEV
SNYESCNFDINRNFLQGDWMKPFHRVVPGILEKIPVLIYAGDADYICNWL
NKAWTEALEWPGAKAYNQAKMEDFKIDGDGKTVGQVKSSGNFTFMRLHA
GGHMVPYDQPEASLEMLNRWLGGGFWKA

Spot 211:

>gi|311323385| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MGHSVPLNDKSLKSTYVNGEWIDAKSGKSFEVHDPATGKLGITMPEMD
RADTEAAIAAAAAALPSFRKLTGRERSRMLRKWYQLIIDNADDLAKLITWE
NGKPFADAKGEVNYAASFYEWFAEEAPRMYGATIPASVAGNRVFTIKEPVG
VVGLITPWNFPAAMITRKIGPALAAGCTVVAKSPGETPPTAAALAE LAHRAG
IPKGVVNFVTALKNTPEVGETITSSKTIKKVSFTGSTGVGKLLMKQSSDTLKK
LSFELGGNAPFIVFDDADLETAVAGAITSKFRSSGQTCVCANRIYVQSGIYDE
FCTKFTEKVKGFVGGGYDEGITHGPLIHDRVSKVDAHVQDAVKNGAKV
LFGGQKLPDLGENFYQPTVLRDMTKDMQLAKDETFGPVAGLFPFDTEADV
KLANAADVGLAGYFFSKDIQRVYRVAEAEVGMVGVNTGLISDAAAPFGG
VKESGFGREGSHMGIDEYVVTKTITLGGNGQPLQGE

Spot 212:

>gi|311332885| hypothetical protein Partial [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

ARQQAVRPSQRRGLAAPASGSFQYQSGEAKGVKYASRDFAGPTTTLALVAK
AGTRYQPLPGLTEGLANFAFRGTERRSTLRIVRESELLGASLNAHHSRENLVL
EAKFLRDDLPYFVELLGEVASSTKYQPHVYAEVLPMIHFAHKRFLASVTD
MATQSAHSLAFHRGLGVPTASAAPTPTKYLD AETIEYYSKIA YAKPNFAVV
ANGADHGDFSKWVSEFFDDVPSSALDESKTGADQSKYYGGEERIAHDSGNA
MVIAFPGSSSFTGKFYKPEIAVLSSLLGGESAVKWSSGFTKLGQAAAPGAKV
KTTS AIYSDAGLLYTTITGSAKAVAQTAKAAVEAIQKIAAGEISSEEVSKAKA
AAKFKELEHGQDIRAGLELTGSGLIHNTQPYQIDEVAKKIDSVSEESLKKAAK
ELLENRASVSSVGD LFLPYAEDLGLKA

Spot 218:

>gi|311332885| hypothetical protein Partial [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

ARQQAVRPSQRRGLAAPASGSFQYQSGEAKGVKYASRDFAGPTTTLALVAK
AGTRYQPLPGLTEGLANFAFRGTERRSTLRIVRESELLGASLNAHHSRENLVL
EAKFLRDDLPYFVELLGEVASSTKYQPHVYAEVLPMIHFAHKRFLASVTD
MATQSAHSLAFHRGLGVPTASAAPTYTKYLDAETIEYYSKIAYAKPNFAVV
ANGADHGDFSKWVSEFFDDVPSSALDESKTGADQSKYYGGEERIAHDSGNA
MVIAFPGSSSFTGKFYKPEIAVLSSLLGGESAVKWSSGFTKLGQAAAPGAKV
KTTS AIYSDAGLLYTTITGSAKAVAQTAKAAVEAIQKIAAGEISSEEVSKAKA
AAKFKELEHGQDIRAGLELTGSGLIHNTQPYQIDEVAKKIDSVSEESLKKAAK
ELLENRASVSSVGD L FVLPYAEDLGLKA

Spot 221:

>gi|311328404| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSDEVYEGAIGIDLGTTYSCVANYEGTNVEIIANEQGSFTTPSFVSFTSDERLI
GEAAKNQAAMNPENTVFDVKRLIGRRFEDET VTKDIKSWPFKVVVDQNGSPL
VEVEYLGEKKQFSPQEISAMVLVKMKEVAETKLG MKVEKAVITVPA YFNDN
QRQATKDAGAIAGLNVLR IINEPTAAAIA YGLGSGKSDKERNVLIYDLGGGT
FDVSL LHIQGGVFTVKATAGDTHLGGSDFD TALLDHFRKEFTKKYSKEHLM
DSMLHDIAWNCLAHESYHNPSFDAAFPTRDAFVS AFDSLGF EFCPGLLDVVA
SDDPPTLDWFKSVGLDIFADKDQIPHKSWG IYMHFYVKPEREALTYVGSATA
AAFGIRARLKD YRTLHAMSQTILDAIRNGYTL DHTVILGHCP IPPPSRQPILRG
VCLSTETA FHAI FWPMRSKDKEYGHLGDQQLWDPEDLSYGG LCTHSPLLES
LDGLELTA EELDIIAETR RRRKNELLAKWCRDDNIKQRANPTPEFRARRAIN
KARYKTRKRKR DADVANKAHYYISGDARALRRLRTACERAKRTLSNATQT
TVEIDSLFDGEDFNANITRARFEDLNQKAFVGTLPVAQVLKDANIAKDKVD
EIVLVGGSTRIPKIQKLLSDYFNGKKLEKSINPDEAVAYGAAVQAGILSGKAT
SAETADLLLLLDVVPLSLGVAMEGNIFAPVVPRGQTVPTIKKRTFTTVADNQQ
TVQFPVYQGERVDCENNTSLGEFTLAPLPLRAGEAVLEV VFEVDVNGILKV
TATEKSTGRSANITISNAVGKLS SSSIETMINDAQKFKTSDEAFSKKFESRQQL
ESYISRVEEMVSDPTTSIRLKR GQKEKIESALS DAMA QLEIEDAPADDLKKKE

LALKRVVTKAFSTR

Spot 222 (1):

>gi|311331037| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTITKIHARSVYDSRGNPTVEVDIVTETGLHRAIVPSGASTGSHEACELRDGD
MSKWAGKGVTKAVANVNDTIAPALIKEKLDVKDQSAVDAFLNKLDGTKNK
TSLGANAILGVSMIAKAAAAEKGVPLYAHISDLAGTKKPYVLPVPFQNVLN
GGSHAGGRLAFQEFMIVPCEAPTFSEAMRQGAEVYQKLKSLAKKTYGQSAG
NVGDEGGVAPDIQTPEEALDLITKAIEEAGYTGKIKIAMDVASSEFYKADEK
KYDLDFKNPDSKSKWLSYEQLAELYKSLAEKYPIVSIEDPFAEDDWEAWS
YFFKTSDFQIVGDDLTVTNPEFIKKAIELKSCNALLLKVNQIGTITEAIQAAKD
AFGAGWGMVSHRSGETEDVTIADIVVGLRAGQIKTGAPARSERLAKLNQIL
RIEELGDNAIYAGNNFRTAINL

Spot 222 (2):

>gi|311323483| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MRFTQAVTLALPAIAAAYPGMMGNNSRGEMEEYLRAEMAREQLENRATEP
QGGLLPGLLDPIEDLVGGLLTSVGNAIVKQDNKRPEPGYEFKAPGPND SRGP
CPGLNLLANYGYLPRDGYVNFGQVLAATAQGFNMGTDLATVLATFAVLGS
GDL DGLSFYLGAGKNGIGGLNRHSVVEADVSPNREDDYNGCGDNHHLSSRL
VKQMVGF AAQDPKKEFN MNVMAEHYAQSASF SKNNNPFLY YFPFPQIVSLG
AFAFY PQFFSNGTYGAGGVP NYKSIMSII GA EYDTKT KEFKYVPERWPENWY
RRDTPY GAVQTLVDGFLNIYPRNII VPLAAQV GTPNLSVQTLLCDIYQGISSIT
PLVLGGTEENIAKGVSWALSVLGPIMSKTALGCPDSVISPNLLFPDSQREGGPI
NPPVVPSDAWTGDNVYNKVYFGGDSL PVEPECRHAN

Spot 224 (1):

>gi|311329409| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MVRANSTIVSNAANLKKYLDLPQKGSVMAEYVWIDGSNGIRSKSKTLKKKV
ESLDDLPEWNFDGSSTGQAPGDNSDVYLRPVAYYPDPFRLGDNVLMCETY
MSDGSPNAYNFRHDAAIIFEQHKEHGFWFGLEQEYTLLEDFGWPYGWPKNK

FPAPQGPYYCGVGTGKVFCDIVEAHYKACMYAEIAISGTNAEVMMPAQWEY
QVGPCPGIDLGDQLWMSRFLHRVAEEFGAKVTFAPKPIPGDWNGAGLHTN
VSTNETRADNGMKAIEAAMEKLSKRQAEHMAVYGSDNQLRMTGKHETAS
YDKFTWGVANRGSSVRIPRAVA AEGKGYFEDRRPASNGDPYQITGIIAETMY
GKVEGADVAREFAKQAEAVETEMVIDIHKP

Spot 224 (2):

>gi|311325431| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MDDKVYLLSLRAVRERAKLVGEAADAGKLTHFDVHEEKLGEAADYVAG
VVKRDFGPDAYHTIPPHGRWQHFEVVGKIPRIGALLEEWKCLGCDDLESTRRL
IDLFFVSVLLDAGAGDHWRYVEPRTETQYERSEGIAVASLYLFREGAFTSGG
EGMGMCVDGKGLQNLKTEELAKGFQISDTNPMLGVESRANLLRSLGKSLLS
QPEVFGKEGRPGNVVDYMKTTSPDGTTLTDILTFWDILQTLPIWPQDRTVV
NGQALGDAWPLNLTKTVAASSSTAADETTFIQPFHKLQWLAYSITVPFTRIL
HLTWKNTDALTAPEYRNGGLFVDLGVLTLPASLERGLATAAAAGIATGE
NKGLPAFAAGDDVVVEWRAMTLVLVDRLYKLVLEKMSGVELSMAQLLEA
GTWKAGREVAKEKRPVGGKSPILVSDGTVF

Spot 227 (1):

>gi|311325728| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSFETTGTIASFGGKLLKHKSSSTNTDMELNMFLPPQALKSGAKVPVLFY
LSGLTCTGNNCSEKGFQHGAAQHGIADVYPDTSRGLQIEGEDDAYDFGSG
AGFYVDATKEPWSKGYNMYSYITKELPEALFSSFKELDSSKVSITGHSMGGH
GALTLFLKNPGMYKVSFAFAPIANPINC PWGQKAFKGYFGEDQQQKWKEH
DATELVKQWKGPLEMLIDVGTGDNFYKQGQLLPENFVQAAKEAGNDKGIQ
LRMQPDYDHSYFMAFADDHVAWA AKHLGA

Spot 227 (2):

>gi|311325538| hypothetical protein Partial [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

FHIANPAVGDPANSEDWRIKGYNPLTPDLLQSEIPQTAKSRTVLKGRNEA
VDIVQGKDAQKRLLVVIGPCSIHDPAALEYCDRLMKLKEKYQDDLLIVMRS

YLEKPRTTVGWKGLINDPDIDNSFKINKGLRISRQLFVDLTEKGMPLASEML
DTISPQFLADMFSVGAIGARTTESQLHRELASGLSFPVGFKNGTDLTDVAV
DAIGSAKHPHFVSVTKPGVVAIVGTIGNDDCFVILRGGKKGTYDAQSVKE
AREKLESKGMNSRLMIDCSHGNSSEKNHMNQPKVAHA VAEQIAGGETAVMG
VMIESNIKAGTQKVPKEGKAGLEYGMSITDACIDWETTEAVLEELAGAVAK
RRTLLGQNGA

Spot 229 (1):

>gi|311331037| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres f. teres 0-1*]

MTITKIHARSVYDSRGNPTVEVDIVTETGLHRAIVPSGASTGSHEACELRDGD
MSKWAGKGVTKAVANVNDTIAPALIKEKLDVKDQSAVDAFLNKLDGTKNK
TSLGANAILGVSMIAIAKAAA AEKGVPLYAHISDLAGTKKPYVLPVPFQNVLN
GGSHAGGRLAFQEFMIVPCEAPTFSEAMRQGAEVYQKLKSLAKKTYGQSAG
NVGDEGGVAPDIQTPEEALDLITKAIEEAGYTGKIKIAMDVASSEFYKADEK
KYDLDFKNPDSKSKWLSYEQLAELYKSLAEKYPIVSIEDPFAEDDWEAWS
YFFKTSDFQIVGDDLTVTNPEFIKKAIELKSCNALLLKVNQIGTITEAIQAAKD
AFGAGWGMVSHRSGETEDVTIADIVVGLRAGQIKTGAPARSERLAKLNQIL
RIEELGDNAIYAGNNFRTAINL

Spot 229 (2):

>gi|187978686| Enolase [*P. tritici-repentis*]

MTITKIHARSVYDSRGNPTVEVDIVTETGLHRAIVPSGASTGSHEACELRDGD
MSKWAGKGVTKAVANVNDTIAPALIKEKLDVKDQSAVDAFLNKLDGTKNK
TNLGANAILGVSMIAIAKAAA AEKGVPLYAHISDLAGTKKPYVLPVPFQNVLN
NGGSHAGGRLAFQEFMIVPCEAPTFSEAMRQGAEVYHKLKSLAKKTYGQSA
GNVGDEGGVAPDIQTPEEALDLIMKAIEEGWIPLARSRIAMDVASSEFYKAD
EKKYDLDFKNPDSKSKWLSYEQLAELYKSLAAKYPIVSIEDPFAEDDWEA
WSYFFKTSDFQIVGDDLTVTNPEFIKKAIELKSCNALLLKVNQIGTITEAIQAA
KDAFGAGWGMVSHRSGETEDVTIADIVVGLRAGQIKTGAPARSERLAKLN
QILRIEELGDNAIYAGNNFRTAINL

Spot 231:

>gi|311322842| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTEPVGDFGLIGLAVMGQNLILNAADHGFTVVAFNRTVAKVDRFLNDEAK
GKSIVGAHSMEEFVSKLKKPRRMMLLV MAGKPVDDFIELILQAGAEEGDIID
GGNSHYPDTNRRTNYLKSKGIRFVSGVSGGEEGARYGPSIMPGGNEEAWP
YIKDVLQSIKSDGEACCQWVGDEGAGHYVKMVHNGIEYGDMQLICEAY
DIMKRGLGMKNKEIGDVFTQWNKGVLD SFLIEITRDIMYKNDDDDGVAIVEKI
LDSAGQKGTGKWTAINALDLGMPVTLIGEAVFARCLSSLKQERGRAAGLLD
GPTPSFSGDRQAFIDNLEQALYASKIISYAQGFMLIQNAAKEYKWKLNKPEIA
LMWRGGCIIRSVFLKEITSAYRKNPELENLLFDEFFSKAIHKAQSGWRDVVS
KGALWGIPTPAFSTALSFYDGYRAKDL PANLLQAQRDYFGAHTFRIKPEYAN
ATYKEGQDIHVNW TGRGGNISASTYNA

Spot 232 (1):

>gi|311328903| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MEEVAALVIDNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHHGIMIGMGQKD
SYVGDEAQS KR GILTLRYPIEHGVVTNWDDMEKIWHHTFYNELRV APEEHP
VLLTEAPINPKSNREKMTQIVFETFNAPAFYVSIQAVLSLYASGRTTGIVLDSG
DGVTHVVP IYEGFALPHAISRVD MAGRDLTDYLMKILAERGYTFSTTAEREI
VRDIKEKLCYVALDFEQEIQTASQSSSLEKSYELPDGQVITIGNERFRAPEALF
QPSVLGLESGGIHVTTFN SIMKCDVDVRKDLYGNIVMSGGTTMYPGISDRM
QKEITALAPSSMKVKI IAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWISKQEYDESGP
SIVHRKCF

Spot 232 (2):

>gi|311323385| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MGHSVPLNDK SLLKSQTYVNGEWIDAKSGKSFEVHDPATGKLIGTMP EMD
RADTEAAIAAAAAALPSFRKLTGRERSRMLRKWYQLIIDNADDLAKLITWE
NGKPFADAKGEVN YAASFYEWFAEEAPRMYGATIPASVAGNRVFTIKEPVG
VVGLITPWNFPAAMITRKIGPALAAGCTVVAKSPGETPFTAAALAE LAHRAG

IPKGVVNFVTALKNTPEVGETITSSKTIKKVSFTGSTGVGKLLMKQSSDTLKK
LSFELGGNAPFIVFDDADLETAVAGAITSKFRSSGQTCVCANRIYVQSGIYDE
FCTKFTEKVKGFKVGGGYDEGITHGPLIHDRVSKVDAHVQDAVKNGAKV
LFGGQKLPDLGENFYQPTVLRDMTKDMQLAKDETFGPVAGLFPFDTEADV
KLANAADVGLAGYFFSKDIQRVYRVAEAEVGMVGVNTGLISDAAAPFGG
VKESGFGREGSHMGIDEYVVTKTITLGGNGQPLQGE

Spot 233 (1):

>gi|187975430| Survival factor 1 [*P. tritici-repentis*]

MFSWAKSTLAAVAGTQEPEYGPDAIQPVGKKGDEPAYTELTKKDLKWVTL
DYTNVETQTFYLFTDAGHKGFLQVIYNNIAGLRVTVQFNCKLFYPNNEKPFL
WASDPVHNYGFDENQHSFYADGVSIELSADGNSYDIKAAVNENSMVNVKFT
RTAPGFMGGKDGMTNYGTDPKAPWGSMHHFWPRCSVEGKIITKDGEVDV
TGRGMLSHALQGMKPHHAAARWNFANFQSPSYSIIMEFTTPSSYASTVVR
VCGIATDGELLFANTDGAEVKHTETKQDETGWAEPTAASYHWVGKTKDGK
DVTADLAGALGKNIDRVDMAEVPGFIKTIVASAAGTKPYIYQYAPKMTIK
VKVGDEVKEEEGTLFTEATFIS

Spot 233 (2):

>gi|311319520| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres 0-1*]

MFSWAKSTLAAVAGTQEPEYGPDAIQPVGNKGDEPAYTELTKKDLKWVTL
DYTNVETQTFYLFTDAGHKGFLQVIYNNIAGLRVTVQFNCKLFYPNNEKPFL
WASDPVHNYGFDEDQHSFYADGVSIELSADGNSYEIKAAVNENSMVNVKFT
RTAPGFMGGKDGMTNYGTDPKAPWGSMHHFWPRCSVEGKIITKDGEVDV
TGRGMLSHALQGMKPHHAAARWNFVNFQSPSYSIIMEFTTPSSYASTVVR
VCGIATDGELLFANTDGAEVKHTETKQDETGWAEPTAASYHWVGKTKDGK
EVTADLAGALGKNLDRVDVMAEVPGFIKTIVASAAGTKPYIYQYAPTMTIK
VKVGDEVKEEEGTLFTEATFIS

Spot 233 (3):

>gi|311325425| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MSGETFQAEISQLLGLIINTVYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYEALSDPSK
LDSGKDLRIDIPNKEAKTLTIQDSGIGMTKADLNNLGTIARSGTKQFMEALS
AGADISMIGQFGVGFYSAYLVADRVTVVSKNNDDEQYVWESSAGGTFKITE
DTEGEQIGRGTKIILHLKEEQMDYLNESKIKEVVKKHSEFISYPIYLHVLKETE
KEVEDEDAAEETTEGDEKKPKVEEVDDEEEKKKEKTKKVKESKIEEEL
NKTKPIWTRNPQDITTEEYASFYKSLSNDWEDHLGVKHFSVEGQLEFRILF
VPKRAPFDLFETKKTNNIKLYVRRVFITDDATDLIPEWLSFVKGVDSEDLP
LNLSRETLQQNKIMKVIRKNIVKKTLELFNEIAEDREQFDKFYSAFGKNIKLGI
HEDSQNRASLAKLLRFNSTKSGEELTSLTDYVTRMPEHQKQMYIITGESLKA
VQKSPFLDTLKDKGFEVLFLVDPIDEYAMTQLKEFDGKKLVKITKDFELES
EEKKEREAEKEFEGLAKSLKTVLGDKVEKVVVSHKLVGSPCAIRTGQFG
WSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPKSAIIKELKRKVEADGED
DRTVKSITLLLFETSLLVSGFTIDEPVQYAERIHKLVSLLGLNVDEEVETEQKGG
EASTEQTATAGESAMEEVD

Spot 235 (1):

>gi|311331037| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTITKIHARSVYDSRGNPTVEVDIVTETGLHRAIVPSGASTGSHEACELRDGD
MSKWAGKGVTKAVANVNDTIAPALIKEKLDVKDQSAVDAFLNKLDGTKNK
TSLGANAILGVSMIAIAKAAAEEKGVPLYAHISDLAGTKKPYVLPVPFQNVLN
GGSHAGGRLAFQEFMIVPCEAPTFSEAMRQGAEVYQKLKSLAKKTYGQSAG
NVGDEGGVAPDIQTPEEALDLITKAIEEAGYTGKIKIAMDVASSEFYKADEK
KYDLDFKNPDSKSKWLSYEQLAELYKSLAEKYPIVSIEDPFAEDDWEAWS
YFFKTSDFQIVGDDLTVTNPEFIKKAIELKSCNALLKVNQIGTITEAIQAAKD
AFGAGWGMVSHRSGETEDVTIADIVVGLRAGQIKTGAPARSERLAKLNQIL
RIEELGDNAIYAGNNFRITAINL

Spot 235 (2):

>gi|187978686| Enolase [*P. tritici-repentis*]

MTITKIHARSVYDSRGNPTVEVDIVTETGLHRAIVPSGASTGSHEACELRDGD
MSKWAGKGVTKAVANVNDTIAPALIKEKLDVKDQSAVDAFLNKLDGTKNK
TNLGANAILGVSMIAIAKAAAAEKGVPLYAHISDLAGTKKPYVLPVPFQNVL
NGGSHAGGRLAFQEFMIVPCEAPTFSEAMRQGAEVYHKLKSLAKKTYGQSA
GNVGDDEGGVAPDIQTPEEALDLIMKAIEEGWIPLARSRIAMDVASSEFYKAD
EKKYDLDFKNPDSKSKWLSYEQLAELYKSLAAKYPIVSIEDPFAEDDWEA
WSYFFKTSDFQIVGDDLTVTNPEFIKKAIELKSCNALLLKVNQIGTITEAIQAA
KDAFGAGWGMVSHRSGETEDVTIADIVVGLRAGQIKTGAPARSERLAKLN
QILRIEELGDNAIYAGNNFRTAINL

Spot 236 (1):

>gi|311316969| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MADM PKDLKTQIDKLEELFVVNTDKLKHITNHFVSELEKGLSEEGGSIPMIPT
WCMAFPDGNETGSYLALDMGGTNLRVCEVTLTEEKGEFEIIQSKYRMPEEL
KTGTADELWGYVADCLQQFIEYHHEGEKLETLPLGFTFSYPVSQDAIDHGVL
QRWTKGFDVHGMGVDVVPGFKKALED RGVPIKLAALVNDTTGTMIASAY
TNTSIKIGCIFGTGCNAAYMEECGEIPKLKHKMLDPKLPMAINCEWGAFDNE
KKVLPRTQYDVIIDKESPRPGQQLFEKMOVAGLYLGEIFRLVLLDLHKGNECS
MFEGQNASKLTKPYSLDAGFLSQIEEDRFENLQDTADLFQEKLGITCTKPELE
LIRRLAELIGTRAARLTACGVSAICKHKHWDEVHVGADGSVFTKYPHFKIRQ
AQAMKEIMDWP AKYGKGN DPIEVLP AEDGSGVGAALIAALTVKRAQQGL
LAGIRDQDALLAMAPKKKGN

Spot 236 (2):

>gi|311317832| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSPGKISSLDFAKFYNIVDGKQRGSEQIHHGINPSTGQELWDVPIASEQDLND
AVAAAKKAFPAWRDTPLEKRKEALVKIAELYQQHHQEFVTL LRKENGKPSQ
LANMEVKLAGDFFLYHASLDIPSETVEDAEKTLYTEYAPLGVCGAICPWNFP

LVL SAGKMAPCLLTGNCMIVKPSFPTPYTSLKFVELAQEILPPGVLQVIGGNN
ELGAGMCEHPDIQKISFTGSTVTGKKVMATCSKTLKRVTLLEGGNDASIVMP
DVDIKKVAPQVAMGAFQNTGQVCVATKRIYIHETIYKEFLEEMTNFTKNLKT
GNAEDDETMLGPVQNQMQYERVKGFFEDSKAKGYKFAAGAPDVASGKGFF
IQPTIIDNPPNDSRIIQEFPGPVPTQPWSDLEEVIARANDTNTGLGACVWGA
DVEKASQVARRLEAGSVFVNSFEKPTPQAIFGGHKESGIGGEWGTGLLAYC
NARVIHVYKA

Spot 237 (1):

>gi|311328129| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSLSNKLSIADVLDLKGKRVLIRVDFNVPLDSDKNITNNQRIVGALPTIKHAIE
NGAKAVILMSHLGRPDGKPNKYSLKPVVPELEKLLGKSVTFTDDCVGKSV
EDTVNGASNGQVILLENLRFHAEEEGSEFKDGEKQKVDKSKVEEFRKGLT
ALGDVYINDAFGTAHRAHSSMVGVLDLPQKASGFLVKKELDYFAKALEEPKR
PFLAILGGAKVSDKIQLIDNLLGKVNLIICGGMSFTFKKTLEGVKIGDSLDE
AGSKTVKDLVEKAKKNNVKIVLPVDYITADKFDKDAKTGYAEDKDGIPDG
WMGLDCGEKSIKLYKEAIGEAQTILWNGPAGVFEFEKFAKGTKETLDAAVE
AAQSGKIVIIGGGDTATVAAKYGVEDKLSHVSTGGGASLELLEGGKDLPGVSA
LSSK

Spot 237 (2):

>gi|311329210| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MPNSLDQLKATGTTVVADSGDFATIKKYQPQDATTNPSLILAASKKPEYEKL
IDAAVEYGGKHGTDLENQVDATLDNLLVQFGKEILQIVPGKVSTEVDARFSF
STEESVAKALHIIDLYKEVGIGKERVLIKLASTWEGIKAAEILQSKHGVNCL
TLMFSQVQAIAAAEAGAFVGRILDWYKASTKKEYKKEEDPGVKSQVQ
IFNYYKKHGYKTIVMGASFRSVGEVTELAGCDYLTIANLLEELYNQEEVP
KKLIAEDAVKLDIEKKSINNEAEFRFYFNEDQMAVEKLREGISKFAADAVT
LKDILRKKIQA

Spot 239:

>gi|311328129| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MSLSNKLSIADVDLKGKRVLIRVDFNVPLDSDKNITNNQRIVGALPTIKHAIE
NGAKAVILMSHLGRPDGKPNKYSLKPVVPELEKLLGKSVTFTDDCVGKSV
EDTVNGASNGQVILLENLRFHAEEEGFSFKDGEGKKQKVDKSKVEEFRKGLT
ALGDVYINDAFGTAHRAHSSMVGVLDLPQKASGFLVKKELDYFAKALEEPKR
PFLAILGGAKVSDKIQLIDNLLGKVNSLIICGGMSFTFKKTLEGVKIGDSLFE
AGSKTVKDLVEKAKKNNVKIVLPVDYITADKFDKDAKTGYAEDKDGIPDG
WMGLDCGEKSIKLYKEAIGEAQTILWNGPAGVFEFEKFAKGTKETLDAAVE
AAQSGKIVIIGGGDTATVAAKYGVEDKLSHVSTGGGASLELLEGGKDLPGVSA
LSSK

Spot 240 (1):

>gi|311316234| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]
MYNFARARPLARAVRAAAETPLKRSVIQQRRLAIHEYRSAALLESYGIGV
PKGGVAESGAEAEKIAKDIGGEDAVIKAQVLAGGRGKGTDFDNGFKGGVRVV
YSPREASILAEQMIGHKLITKQTGAAGRLCNSVFIVDRKFARREFYLAILMDR
ASQGPVIVASSQGGMDIETVAKEHPEAIITTPVDIHTGVTDEMARNIATDLGF
SEQCIEDAKDTIQKLYKVFMEKDATQIEINPLSETTDHQVLAMDAKLNFFDN
ADFRQKEVFSWRDLTQEDPEEVKAAKVGLNFIKLDGDIGCLVNGAGLAMAT
MDIIKLNGGTPANFLDVGGGATPEAIRQAFDLITSDPKVTAIFVNIFGGIVRCD
AIAKGLIQVVQEMNLKTPVIARLQGTNMEAAQKLLNDSGLKIFSIDDLQAAA
EKSVQFSKVVKMARDIDVGVEFTLGI

Spot 240 (2):

>gi|311330840| hypothetical protein [*Pyrenophora teres* f. *teres* 0-1]

MADKGLLEDVPEGQIESNYDEITDSFDNMNLKAELLRGVYAYGFERPSAIQQR
AIMPVIKGNVIAQAQSGTGKTATFSISTLQKIDSNVKACQALILAPTRELAQ
QIQKVVVAIGDFMDIQCHACIGGTSVRDDMKALQDGPQVVVGTPGRVHDMI
QRRVLKTDHMKMFVLDEADEMLSRGFTEQIYDIFQLLPQSTQVVLLSATMP
QDVLEVTTKFMRDPVRILVKKDELTEGIIKQFYIAVEKEDWKLDLSDLYET

VTITQAVIFCNTRRKVDWLTDKLTARDFTVSAMHGDMDQAQRDVIMKEFRS
GSSRVLIATDLLARGIDVQQVSLVINYDLPANRENYIHRIGRGGRFGRKGVAI
NFVTADDVRMMREIEQFYSTQIEEMPMNVADLI

Spot 240 (3):

>gi|311323483| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MRFTQAVTLALPAIAAAYPGMMGNNSRGEMEEYLRAEMAREQLENRATEP
QGGLLPGLLDPIEDLVGGLLTSVGNAIVKQDNKRPEPGYEFKAPGPND SRGP
CPGLNLLANYGYLPRDGYVNFQVLAATAQGFNMGTDLATVLATFAVLGS
GDL DGLSFYLGAGKNGIGGLNRHSVVEADVSPNREDDYNGCGDNHHLSSRL
VKQMVGF AAQDPKKEFN MNVMAEHYAQSASF SKNNNPFLY YFPFPQIVSLG
AFAFYPQFFSNGTYGAGGVPNYKSIMSII GA EYDTKTKEFKYVPERWPENWY
RRDTPYGAVQTLVDGFLNIYPRNIIVPLAAQVGT PNL SVQTL LCDIYQGISSIT
PLVLGGTEENIAKGVSWALSVLGPIMSKTALGCPDSVISPNLLFPDSQREGGPI
NPPVVPSDAWTGDNVYNKVYFGGDSL PVEPECRHAN

Spot 242:

>gi|311325372| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MAPAIGIDLGTTYSCVGIFRDDR I EIIANDQGNRTTPSFVAFTDSERLIGDSAK
NQVAMNPVNTVFD AKRLIGRKFADAEVQADMKHFPFKVIDKGGKPV IQVEF
KGEEKVFTPEEISSMVLTKMRETAESYLG GTVNNAVVTVPAYFNDSQRQAT
KDAGLIAGLNVLRIINEPTAAAIAYGLDKKTEGERNVLIFDLGGGTFDVSLLTI
EEGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRLVNHFTNEFKRKHKKDLTSNARALRRL
RTACERAKRTLSSSAQTSIEIDSLYEGIDFYTSITRARFEELCQDLFRSTM EPVE
RVL RDAKIDKSSVHEIVLVGGSTRIPKVQKMVSDFNGKEPNKSINPDEAVA
YGA AVQAAILSGDTSSKSTSEILLLDVAPLSIGIETAGGVMTALIKRNTTIPTK
KSEVFSTFSDNQPGVLIQVYEGERARTKDNNLLGKFELTGIPPAPRGV PQIEV
TFDVDANGIINVSALEKGTGKTNKIVITNDKGRLSKEEIERMLAEAEKYKAE
DEAEAARIAAKNALESYAYSLRNTLSDSKVDEKLDAGDKEKLKAEIDKTVA
WLDDNQTATKDEYESQQKELEGIANPIMMKFYGAGGEGGMPGGMPGGGM
PGGGAPGGAGGDDGPTVEEVD

Spot 255 (1):

>gi|311333343| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

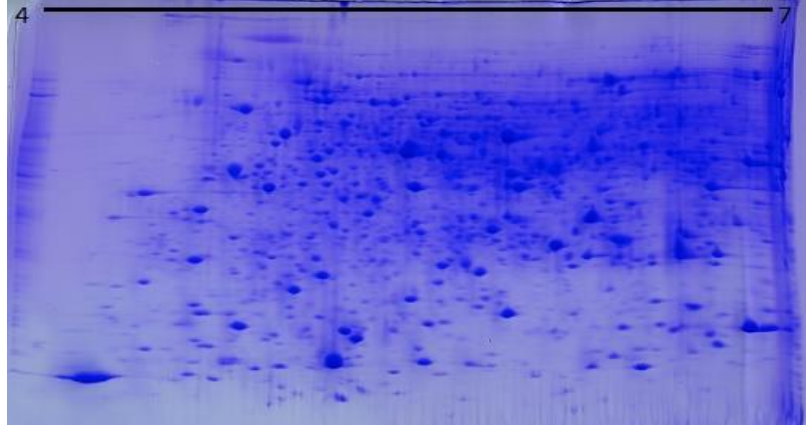
MASFSLRPLTRVAAASSRSLRPAPVRAGPQIRCLSSTMPRREAVDISDVPP
TPITHLSETETLMGDTVSKFANEVILPKAREMDEAEAMDPVVEQLFEQGLM
GIEIPEEYGGSGMNFTSAIIAIEELARVDPSVSVLCDVHNTLVNTAIKWGSEK
LKKEWLPKLATNTVGSFCLSEPVS GS DAFALATKATR TDNGYKISGSKMWIT
NSVEANFFIVFANLDPSKKYKGITAFIVEKGT PGFSIAKKEK KLG I KASSTCVI
TFDDVEIPRDNLLGKEFEGYKYAIGLLNEGRIGIAAQMTGLALGAWENAASY
AWNDRKQFGTLIGEFQAMQHQLAQAWTEIQAARALVYNAARKKEAGEDFI
MDAAMAKLMASQVAGKVSGQAIEWMGGMGFVREGLAEKYFRDSKIGAIY
EGTSNIQLTTIGKLLQKKYTK

Spot 255 (2):

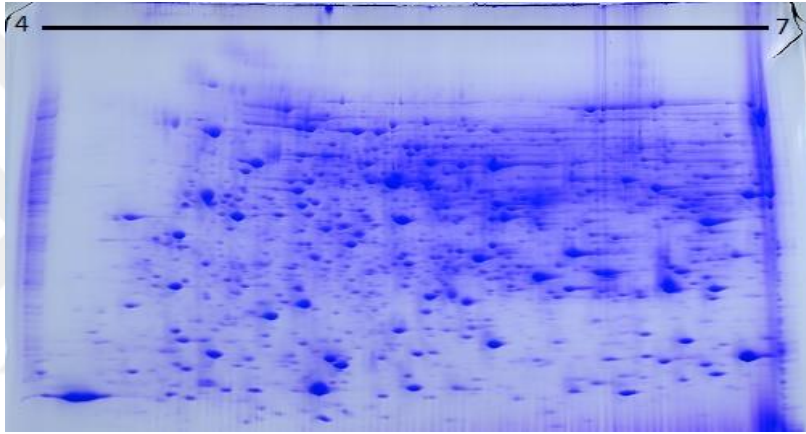
>gi|311329985| hypothetical protein [*Pyrenophora teres f. teres* 0-1]

MTVPNGNGKSTFLFTSESVGEGHPDKICDQVSDAILDACLKEDPLSKVACET
AAKTGMIMVFGEITTKAHLDYQKIIRGAIKDIGYDSSEKGFYKTCNVLVAIE
QQSPDIAQGLHYEEALEKLGAGDQGIMFGYATDETPELLPLTVLLSHKLNSA
MTTARKDGSLPWLRPDTKTQVTVEY AHDGGAVIPLRVDTVVVSAQHSEDI
TEELRKEIKEKIIKKVIPANMLDDKT VYHIQPSGLFIIGGPQGDAGLTGRKIIVD
TYGGWGAHGGGAFSGKDYSKVDRSAA YLARWIAKSLVNAKLARRALVQL
SYAIGVAEPLSLFVETYGT SERSSDELVEIVKNNFDLRPGVIVKELNLINPIYF
QTAKNGHFTNQDFTWEKPKELTF

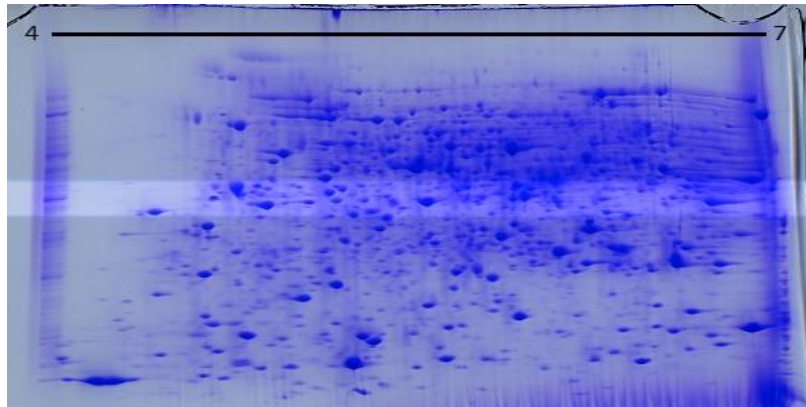
Ek 2. GPS 79 Biyolojik Tekrar ve Teknik Tekrar Jel Görüntüleri



(a)

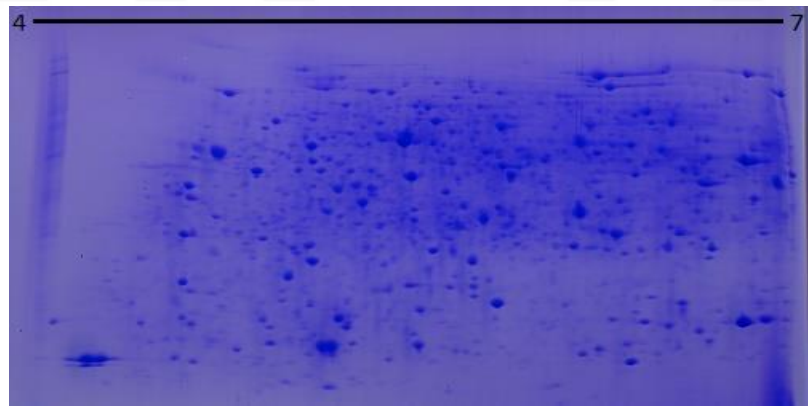
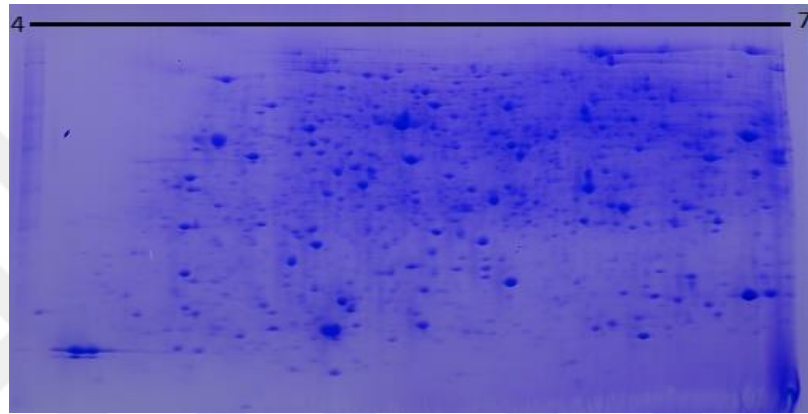
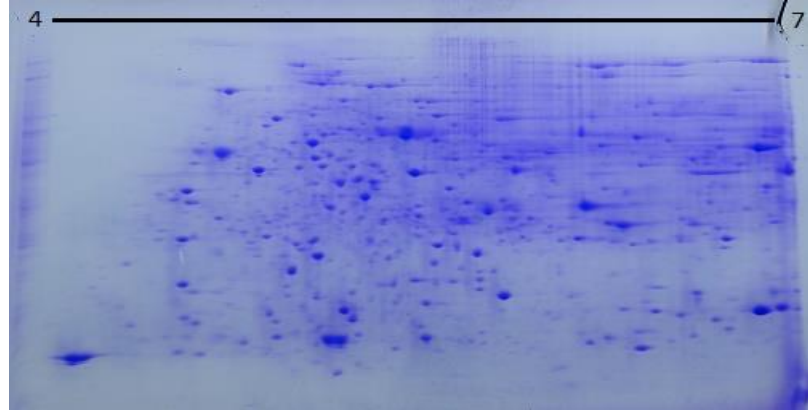


(b)

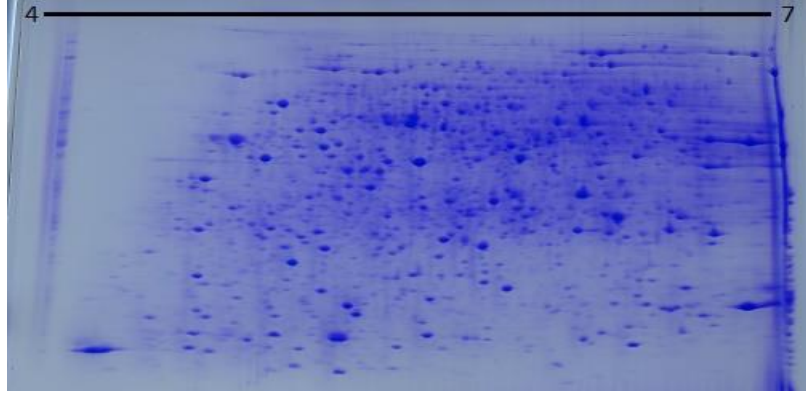


(c)

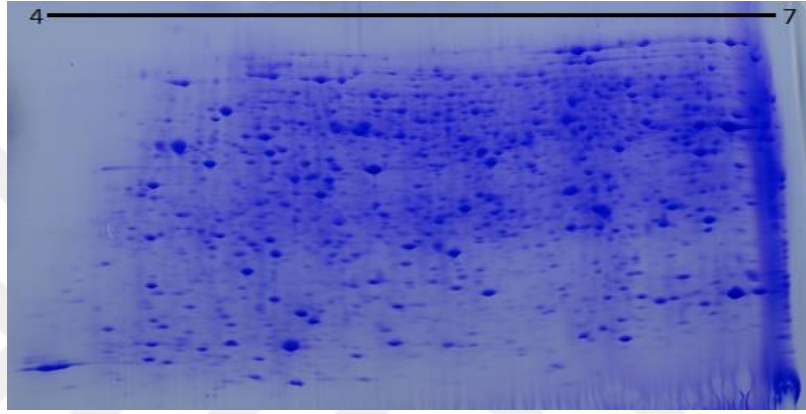
Şekil Ek 2.1. (a) 1. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 1. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 1. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar



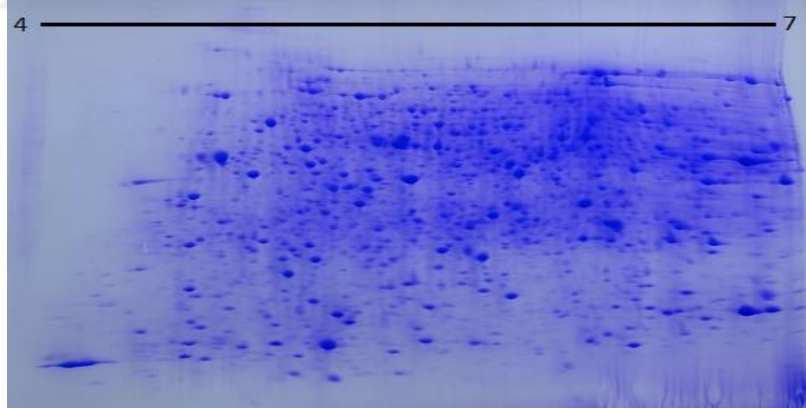
Şekil Ek 2.2. (a) 2. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 2. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 2. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar



(a)

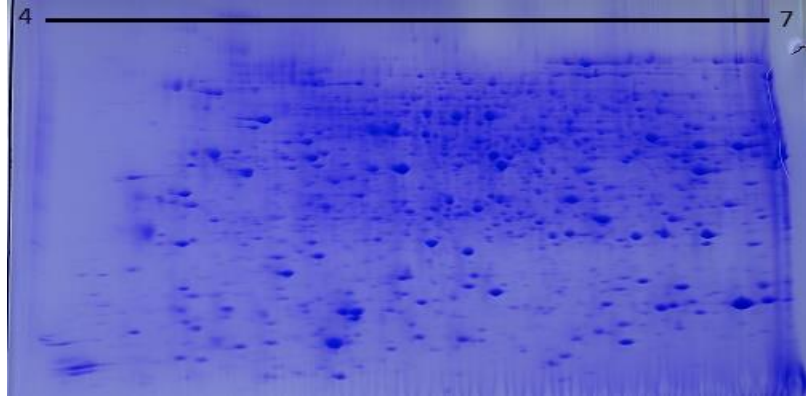


(b)

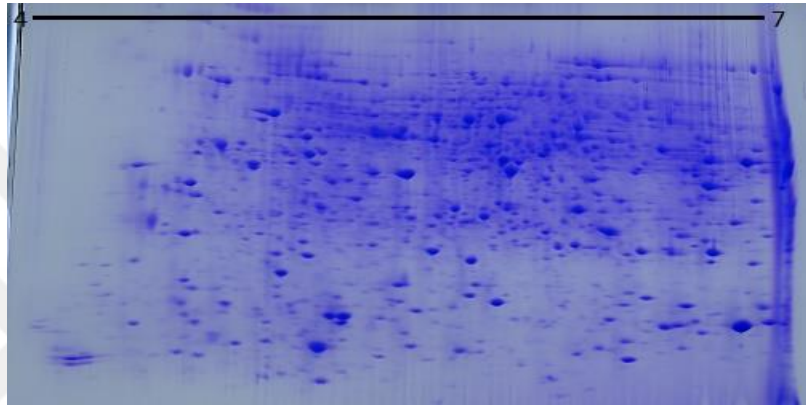


(c)

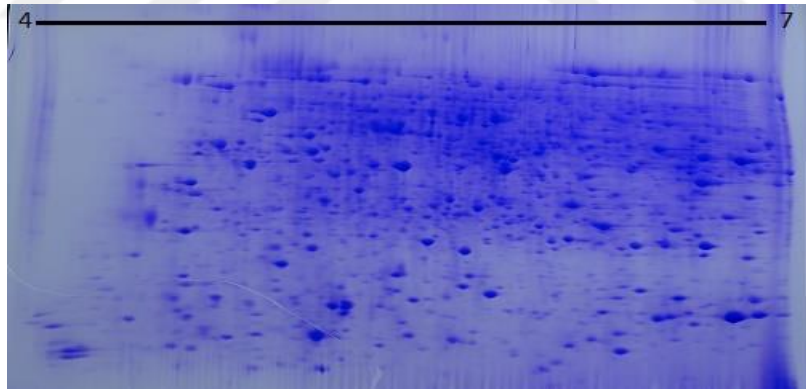
Şekil Ek 2.3. (a) 3. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 3. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 3. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar



(a)

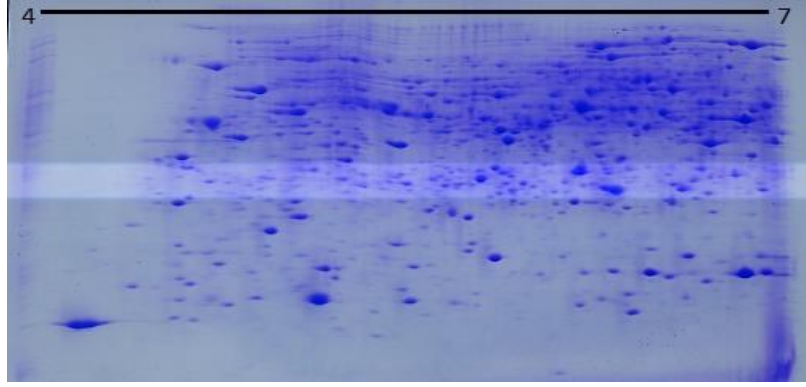


(b)

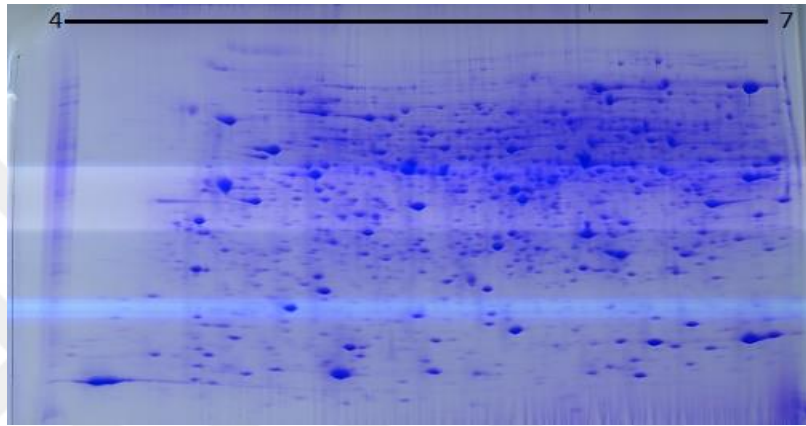


(c)

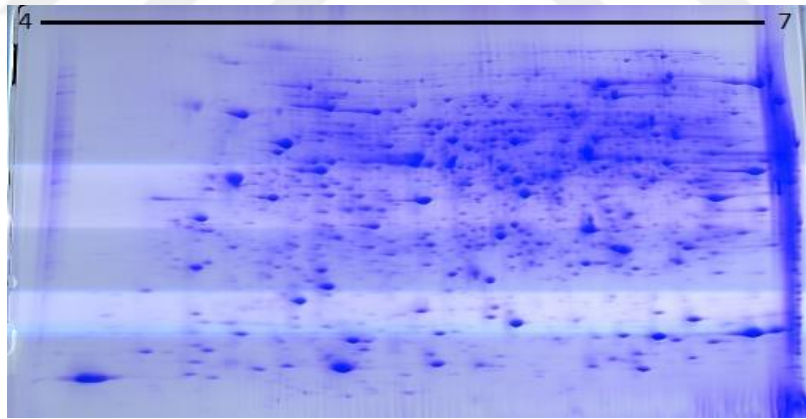
Şekil Ek 2.4. (a) 4. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 4. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 4. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar



(a)



(b)



(c)

Şekil Ek 2.5. (a) 5. Biyolojik Tekrar 1. Teknik Tekrar, (b) 5. Biyolojik Tekrar 2. Teknik Tekrar, (c) 5. Biyolojik Tekrar 3. Teknik Tekrar

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Soyadı, Adı : Mahmut EMİR
Uyruđu : T.C.
Dođum Tarihi ve Yeri: 17.05.1987 / GAZİANTEP
e-mail : mhmtmr6@gmail.com

Eđitim

Lise : 19 Mayıs Lisesi
Lisans : Ahi Evran Üniversitesi Kimya
Yüksek Lisans : Ahi Evran Üniversitesi Biyokimya
Lisans Tezi :
Yüksek Lisans Tezi : Arpada Ağ Benek Leke Hastalığına Neden Olan
Drechslera teres f. maculata Fungusunun Misel Proteom Haritalaması

Yabancı Dil : İngilizce