Universidad Autónoma de Madrid Facultad de Ciencias Departamento de Biología

Papel de EARLY BOLTING IN SHORT DAYS (EBS) en la regulación de la dormición de semillas en *Arabidopsis thaliana*

> Tesis Doctoral Laura Narro Diego Madrid, 2014

Universidad autónoma de Madrid Facultad de Ciencias Departamento de Biología





Papel de EARLY BOLTING IN SHORT DAYS (EBS) en la regulación de la dormición de semillas en *Arabidopsis thaliana*

Tesis Doctoral Laura Narro Diego Madrid, 2014

Universidad autónoma de Madrid Facultad de Ciencias Departamento de Biología

Papel de EARLY BOLTING IN SHORT DAYS (EBS) en la regulación de la dormición de semillas en Arabidopsis thaliana

Memoria presentada por Laura Narro Diego para optar al grado de Doctora por la Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma de Madrid.

Trabajo realizado en el Departamento de Biotecnología del Instituto Nacional de Investigación Agraria y Alimentaria (INIA) bajo la dirección de los Doctores Manuel Angel Piñeiro Galvín y José Antonio Jarillo Quiroga.

V^oB^o de los Directores

V^oB^o del Tutor

Doctoranda

M.A. PIÑEIRO J.A. JARILLO

L.E. HERNÁNDEZ

L. NARRO

Tesis Doctoral Laura Narro Diego Madrid, 2014

A mis padres

Agradecimientos

Por fin ha llegado este momento. En primer lugar quiero agradecer a las personas que han colaborado en la realización de esta Tesis.

Gracias a mis Directores de Tesis, Manolo y Jose, por darme la oportunidad de hacer el Doctorado con ellos, y por tener siempre la puerta del despacho abierta, dispuestos a echar una mano. Gracias especialmente a Manolo, por su paciencia y por volverse loco conmigo mirando datos de ensayos repetidos una y otra vez, y otra vez hasta encontrar el sentido que estaba ahí y que yo no veía.

Gracias a Leti, Ana e Iván, por enseñármelo todo en el laboratorio; a Alfon, por su inestimable ayuda; a Pedro, por su ayuda en la realización del ChIP con semillas; a Regla, por su ayuda con el tratamiento de datos (y su documento ebs-shl-spt Laura-Leti-Regla; sin él todo hubiera sido mucho más difícil).

Han sido años de mucho trabajo, consiguiendo varios records, entre ellos el de tener 54 bandejas de plantas en crecimiento al mismo tiempo. Pero también ha habido grandes buenos momentos. Nunca olvidaré las comidas, cumples, picnics, los momentos RAE en el labo (con grandes momentos como "semá-foro" o "a-tlán-ti-co" ¡Que me aspen!), los días de patines con Leti, Ana y sus amigos, las cañas, mi temporada de mala suerte, con las grandes soluciones de Zami y Elena, el día que montamos el tablao flamenco con Ana, Sara y los demás, las charlas sobre *política*, mi "gusano de secuencias", los chistes intra-labo (aseregel, el baile del oligo…).

Durante este periodo de mi vida he compartido muchas cosas con gente que siempre recordaré. A los compañeros de nuestro querido Edificio Z, con Bruno, Karina, Tamara, Jesús, Marga, Mariano, Gema... y las "niñas del Z". A David S., Dorota, Pedro, Eugenio, David C., Julieta, Bárbara, Mercedes, Alberto, Silva, Juan Carlos, Rosa, Regla, Mónica, Mar y todos los demás, siempre dispuestos a celebrar algo, a debatir sobre algo o a echar unas risas en los desayunos y comidas. A Silvia, con nuestros paseos por la calle de la Cruz y las fiestas con Rafa, Iñaki y Carlos. A Nacho, y su preocupación por mi vida sentimental. A Gema, ejemplo a seguir: tres niñas, patentes a la vista y sin olvidar su vida social. A Pablo, sus cánticos y sus conversaciones en català. A Zami, que a pesar de ser tan diferentes, pensamos tan parecido, y a sus niñas, encantadas de ayudarme a recoger silicuas. A Elena, con su creatividad y haciéndonos llorar de risa con las historias de sus niños. A Sara, con su sonrisa siempre presente y sus ojos brillantes. A Ruth, con sus mensajes positivos y sus fotos; tenemos un concierto pendiente! A Conchi, gracias por tu amistad, tus

consejos, y por los momentos Lost, gym y la despedida en la estación de autobuses el día que me fui de Madrid. A mi Sandri, por los momentos Zipi y Zape; gracias por tu complicidad, positividad, amistad y por entenderme siempre tan bien. Y por fin a amparitos y pichoncines: a Iván, el más cariñoso de labo, con sus explicaciones, compartiendo eSeCeLebraciones y siempre liado con una historia; a Angelita, la más folckórica del labo, con su energía, corriendo juntas por los montes de mi tierruca como locas; a Ana, la más organizada del labo, reina de las listas (sin ellas hubiera sido un caos), siempre aportando la respuesta más racional, gracias por escucharme y por preocuparte por mi siempre; a Alfon, el más bueno del labo, por sus conversaciones, por los viajes en coche, por las cenas cuando salíamos a las mil de labo, felices como lombrices; a Leti, la más alta del labo (entre otros "la más"), gracias por tu amistad, por ejercer de hermana mayor y por estar siempre pendiente, en los buenos y en los malos momentos.

Mis amigos de fuera también fueron muy importantes en este tiempo. Gracias a mi familia de Madrid, mis sisters, Myriam y Emma, por tan buenos momentos en el mejor piso de Madrid. Gracias a mis amigos agrícolas, por continuar con las agroquedadas a pesar de las complicaciones de cada uno; en especial a Jorge, por leerte mi Tesis. Gracias a M^a José, por preocuparte por mi desde cualquier punto del mundo. Gracias a Cristi, por preocuparte cada día por mí, y a Ana y Eva, por estar siempre ahí; gracias a las tres por transmitirme vuestra positividad y por los grandes momentos en Cantabria y en Madrid.

Y como no, a mi familia. Gracias a mis padres, por las llamadas diarias, por darme una base sólida en mi vida a la que siempre poder volver, por apoyarme siempre y ayudarme con todos mis proyectos. ¡Ya puedo ser quiosquera! Gracias a mis abuelos Lali y Zique, por ser mis segundos padres, y por cuidarme durante toda mi vida. Gracias a mi abuela Juliana por preocuparse tanto por mi. Gracias a Marta, por entenderme solo con un gesto, y a Eric, por sus asesoramientos varios; gracias a los dos por estar siempre ahí y sobre todo gracias por darme lo que más quiero en esta vida, a Emma. Gracias a Carlos, por la carta que enviaste hablando de mí a un concurso de televisión; a ti y a Stanka por las pelis, juegos, calçotadas y soluciones informáticas. Gracias a mis tíos y primos, por las Navidades, los fines de año, los gritos de buenos deseos por el balcón, los acertijos recurrentes, los San Juanes, las vacaciones, las comidas de los sábados (antiguos domingos de paella), por las vendimias... y por preguntarme siempre por la tesis ¡Por fin ya está aquí!

¡¡¡Gracias, gracias, gracias!!! A todos os llevo en el corazón.

"¡Hip hip por los viejos tiempos! ¡Hurra por lo que vendrá!" (González, Q., 2009).

Abreviaturas y siglas 6		
Summa	ry	7
INTROE	DUCCIÓN	
1.	La dormición de las semillas es un mecanismo clave para la supervivencia de las especies vegetales.	12
1.1	Clasificación de la dormición.	14
1.2	Maduración y establecimiento de la dormición de semillas en Arabidopsis.	16
1.2.1	Control de la dormición por la testa.	18
1.2.2	Control de la dormición por el endospermo.	19
1.2.3	Control de la dormición por el embrión	19
2.	Mecanismos moleculares que participan en la regulación de la dormición de la semilla.	20
2.1	Regulación de la inducción de la dormición de la semilla.	20
2.1.1	Redes transcripcionales implicadas en la maduración de la semilla.	20
2.1.2	Inducción y mantenimiento de la dormición dependiente de hormonas: papel del ABA.	22
2.1.2.1	Regulación de la inducción de la dormición por ABA.	22
2.1.2.2	Papel de la señalización de ABA en la regulación de la dormición.	23
2.1.3	Papel de la señalización de GAs mediada por las proteínas DELLA en la dormición de semillas.	26
2.2	Mecanismos moleculares que median la salida de dormición de la semilla.	28
2.2.1	Cambios de expresión génica median la salida de dormición de la semilla.	29
2.2.2	Función de diferentes hormonas en la salida de la dormición.	31
2.2.2.1	Degradación de ABA.	31
2.2.2.2	Biosíntesis y señalización de GAs.	32
2.2.2.3	Auxinas.	35
2.2.2.4	Etileno.	35
2.2.3	El óxido nítrico (NO) funciona como molécula señalizadora en la liberación de la dormición de semillas.	36
2.2.4	Papel regulador de ROS en la germinación y dormición de semillas.	37

- 3. Regulación de la dormición por factores ambientales y el reloj 37 circadiano.
- 3.1Efecto de la temperatura en la dormición de la semilla.383.2Efecto de la luz en regulación de la dormición.41

3.3	Efecto de los compuestos nitrogenados en la inducción de la dormición.	43
3.4	La participación del reloj circadiano en mediar el efecto de factores ambientales en el control de la dormición.	43
4.	Control de la dormición por la modificación en la cromatina.	44
4.1	Efecto de modificaciones de la cromatina que facilitan la transcripción sobre la dormición de la semilla.	47
4.2	Papel de la Metilación/Demetilación de histonas en la dormición de semillas.	49
4.3	La acetilación de histonas en el control de la dormición de la semilla.	52
5.	Antecedentes.	55
OBJETI	/OS	59
MATERI	AL Y MÉTODOS	
1.	Material vegetal.	63
1.1	Generación de líneas dobles mutantes.	64
2.	Condiciones de cultivo.	64
3.	Análisis fenotípicos.	65
3.1	Ensayos de dormición de semillas.	65
3.2	Medida del tiempo de floración.	67
3.3	Ensayos relacionados con la respuesta a hormonas.	67
3.3.1	Ensayos de respuesta de la expresión de EBS a hormonas.	67
3.3.2	Ensayos de dormición en respuesta a hormonas y a PAC.	67
3.4	Ensayos fenotípicos y de expresión con líneas de sobreexpresión inducibles mediante tratamientos con β-estradiol.	68
4.	Métodos de manipulación y análisis de DNA genómico vegetal.	68
5.	Técnicas de clonación y manipulación de ácidos nucleicos.	70
5.1	Clonación por Tecnología Gateway (GW).	70
5.2	Obtención de las construcciones plasmídicas utilizadas.	71
5.3	Transformación genética de plásmidos de interés en cepas bacterianas.	72
5.4	Técnicas de manipulación de ácidos nucleicos.	72
6.	Generación de plantas transgénicas de Arabidopsis thaliana.	72
7.	Métodos histoquímicos.	73
7.1	Ensayos histoquímicos para la visualización de β-glucuronidasa.	73
7.2	Tinción con rojo de rutenio.	73
8.	Análisis de expresión.	73
8.1	Extracción de RNA.	73
8.1.1	Extracción de RNA de semillas de Arabidopsis.	73

8.1.2	Extracción de RNA de plántulas de Arabidopsis.	74
8.2	Cuantificación y análisis de RNA.	74
8.2.1	Reacción de la transcriptasa reversa seguida de amplificación del cDNA mediante la reacción en cadena de la polimerasa (RT–PCR).	75
8.2.1.1	Cuantificación por RT-PCR e hibridación con sondas específicas.	75
8.2.1.2	Cuantificación por RT-PCR cuantitativa (qRT-PCR).	75
8.3	Marcaje radiactivo de sondas e hibridación de ácidos nucleicos.	77
8.4	Análisis transcriptómico global de semillas de mutantes ebs y spt-10.	77
9.	Ensayos de inmunoprecipitación de cromatina (ChIP).	78
RESUL	TADOS	
1.	Caracterización del papel del gen EBS en el control de la dormición de semillas en Arabidopsis.	83
1.1	Análisis de la expresión de EBS en semillas de Arabidopsis.	83
1.2	Interacción entre EBS y factores ambientales en el control de la dormición de la semilla	86
1.3	Efecto de la sobreexpresión de <i>EBS</i> sobre la dormición de la semilla.	89
1.3.1	Sobreexpresión constitutiva de EBS.	89
1.3.2	Sobreexpresión inducible de EBS.	93
2.	Papel del gen <i>SHL</i> , un homólogo de <i>EBS</i> , en el control de la dormición en Arabidopsis.	97
3.	Interacción de <i>EBS</i> y <i>SHL</i> con hormonas implicadas en la regulación del proceso de la dormición de la semilla.	99
4.	Función de <i>EBS</i> y <i>SHL</i> en la regulación del desarrollo de la cubierta de la semilla.	100
5.	Análisis molecular de la función desempeñada por <i>EBS</i> en el control de la dormición de la semilla.	102
5.1	Identificación mediante análisis transcriptómicos globales de genes controlados por los reguladores transcripcionales <i>EBS</i> y <i>SPT</i> durante la dormición de la semilla.	102
5.1.1	EBS actúa sobre circuitos reguladores diferentes durante la imbibición de la semilla y el desarrollo vegetativo.	110
5.1.2	Diversos genes implicados en la regulación de la dormición y la germinación de semillas se encuentran desregulados en los mutantes <i>ebs</i> y <i>spt.</i>	111
5.1.3	Confirmación mediante q-PCR de las alteraciones transcripcionales observadas en los perfiles globales de expresión en semillas de los mutantes <i>ebs</i> y <i>spt</i> .	117
5.2	Análisis de los cambios de expresión en genes desregulados en el mutante <i>ebs</i> durante el proceso de germinación.	118
5.3	Efecto de mutaciones en <i>SHL</i> sobre la expresión de genes expresados diferencialmente en el mutante <i>ebs</i> .	120
5.4	Estudio de la posible implicación de los genes expresados	121

diferencialmente en el mutante *ebs* en la regulación de la dormición mediada por *EBS*.

- 5.4.1 Caracterización del fenotipo de dormición en semillas frescas de 123 mutantes *agp31*.
- 5.4.2 Caracterización del fenotipo de dormición observado en semillas frescas 124 de mutantes *scl14*.
- 5.4.3 Análisis de la interacción genética entre *EBS* y *RGL2* en el control de la 126 dormición de semillas.
- 5.4.4 Caracterización del fenotipo de dormición en semillas frescas de los 126 mutantes *flc* y *ft.*
- 5.4.5 Análisis de la posible interacción genética entre *EBS* y *AGL67* en el 128 control de la dormición.
- 6. Análisis de la posible interacción con *EBS* con otros factores 134 remodeladores de cromatina en la regulación de la dormición.
- 6.1 Relación funcional de *EBS* con los genes *HUB1* y *HUB2*, implicados en 135 la monoubiquitinación de la histona H2B.
- 6.1.1 Interacción de *EBS* con los genes *HUB1/2* en la regulación de la 135 dormición.
- 6.1.2 Análisis de la interacción de *EB*S con *HUB1/2* en la regulación de la 139 floración.
- 6.2 Implicación del complejo PAF1 en el control de la dormición. 140
- 6.3 Relación funcional de *EBS* con genes implicados en la metilación de 140 histonas en el proceso de dormición.
- 6.3.1 Análisis de la interacción genética de *EBS* con *ATXR7* en el control de 140 la dormición.
- 6.3.2 Análisis de la interacción genética de EBS con ATXR7 en el control de 144 la floración.
- 6.3.3 Participación de la metiltransferasa de histonas *SDG8* en la regulación 145 de la dormición de semillas.
- 6.4 Análisis del posible papel de otros complejos remodeladores de 148 cromatina en la regulación de la dormición.
- 6.4.1 Análisis del papel de SWR1-C en la regulación de la dormición de 148 semillas.
- 6.4.2 Análisis del posible papel en dormición de ELF6 Y JMJ4, otros 149 remodeladores de la cromatina relacionados con EBS.
- **7.** Identificación de otros reguladores transcripcionales que podrían 150 participar en la regulación de la dormición.
- 7.1 Diseño y optimización del procedimiento de identificación de 151 reguladores transcripcionales implicados en el control de la dormición de semillas.
- 7.2 Identificación de líneas de la colección TRANSPLANTA con respuesta 154 alterada durante la dormición de la semilla.
- 7.3 Aproximación a la caracterización funcional de *COL9*, cuya 156 sobreexpresión inducible provoca una reducción de la dormición.

7.4 Aproximación a la caracterización funcional de *SCL30*, cuya 160 sobreexpresión inducible provoca un aumento de la dormición.

DISCUSIÓN	165
CONCLUSIONES	189
BIBLIOGRAFÍA	193
ΑΝΕΧΟ Ι	219
ANEXO II	227
	239

Abreviaturas y siglas

ABA	Ácido abscísico
cDNA	Ácido desoxiribonucleico complementario
DNA	Ácido desoxirribonucleico
DNAsa	Desoxirribonucleasa
dNTP	Deoxinucleótidos trifosfato
GA	Giberelina
GM	Growth medium.
DDI	Días después de imbibición
DDP	Días después de polinización
DDS	Días después de siembra
DF	Dormición fisiológica
DI	Dormición física
DM	Dormición morfológica
DMF	Dormición morfofisiológica
DTT	Ditiotreitol
E	Estratificación
EDTA	Ácido etilen-diamin-tetraacético
Est	B-estradiol
GAs	Giberelinas
GUS	ß-D-glucuronidase.
Kb	Kilobase
LB	Luz blanca
LR	Luz roja
µE m-2 s-1	μEinsteins m-2 s-1.
MES	2-(N-morpholino)ethanesulfonic acid.
MOPS	3-(N-morpholino)propanesulfonic acid.
MS	Medio de cultivo Murashige y Skoog.
NASC	Nottingham Arabidopsis Centre.
NCBI	Nacional Center of Biotechnology Informa tion.
OSC	Oscuridad
PAC	Paclobutrazol
p/v	Peso/volumen.
pb	Pares de bases.
PBS	Phosphate buffered saline.
PCR	Reacción en cadena de la polimerasa
PIPES	Piperazine-1,4-bis(2-ethanesulfonic) acid.
PM	Post-maduración
PMSF	Phenylmethylsulphonyl fluoride.
r.p.m	revoluciones por minuto
RNA	Ácido ribonucleico
RNAsa	Ribonucleasa
RT-PCR	Reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa
qPCR	Reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa
qRT-PCR	Reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa con transcriptasa inversa
TBE	Tris/Borato/EDTA.
T-DNA	DNA de transferencia
TE	Tris-EDTA pH 8
Tris	Trihidrometil aminometano
UTR	Unstranlated Region.

Summary

Our laboratory is interested in understanding the role of chromatin remodelling in the control of plant developmental processes. In particular, we are focused in the analysis of a plant-specific family of nuclear proteins characterised for containing a BAH and a PHD domain, two types of motifs present in chromatin remodelling factors. Our previous results indicate that the two members of this family in Arabidopsis, EARLY BOLTING IN SHORT DAYS (EBS) and SHORT LIFE (SHL), have independent roles in the repression of flowering and are required to maintain an inactive chromatin conformation in their target loci. Besides their role in flowering time, these proteins participate in the control of other developmental transitions. EBS has a role in the regulation of seed dormancy, as shown by the reduced latency phenotype of ebs mutant seeds, suggesting that this PHD-containing protein participates in the repression of germination during the seed dormancy period. Moreover, our seed dormancy analyses performed under different light conditions and in response to hormones involved in the control of seed germination (abscisic acid, ABA, and gibberelic acid, GA) indicate that SHL has a redundant function with EBS in dormancy regulation in Arabidopsis. To understand the role of EBS in the modulation of this developmental process, we have performed a transcriptomic approach. We will present data concerning the misregulation observed in the gene expression profiles of freshly harvested ebs mutant seeds, which are consistent with an essential role for EBS in the transcriptional regulation of central genes in the control of seed dormancy. Progress in understanding the role of some of the genes misregulated in the ebs mutant during the period of seed dormancy will be also presented. In addition, the genetic interactions of EBS with other genes encoding chromatin remodelling factors involved in the regulation of seed dormancy will be also discussed. These data highlight the essential role of chromatin remodelling processes in establishing the duration of the dormancy period that precedes germination. seed

7



La semilla es el óvulo transformado y maduro que se produce tras el proceso de fecundación. Contiene el embrión, rodeado por el endospermo y por una cubierta de protección llamada testa (Recasens y Conesa, 2009) (Figura 1). La función de la semilla es esencial para la reproducción de las especies vegetales, ya que es responsable de su multiplicación y perpetuación. Además, la semilla permite que el embrión maduro sobreviva el periodo que va desde que la semilla se separa de la planta madre hasta que se establece como una nueva plántula capaz de generar los recursos necesarios para su crecimiento y desarrollo tras la germinación. La estructura de la semilla está relacionada con esta función de supervivencia del embrión, y por ello es resistente a la desecación, contiene reservas nutritivas almacenadas para la plántula en desarrollo, y es capaz de controlar el momento de la germinación en respuesta a factores endógenos y medioambientales, con el fin de optimizar su supervivencia.

Las semillas representan un componente esencial de la alimentación tanto humana como animal, constituyendo la principal fuente calórica en la dieta mundial. Entre todas las semillas, las de cereales suponen alrededor del 90% de todas las cultivadas (Bewley, 1997). Se estima que en el año 2050 será necesario producir un 70–100% más de alimentos para satisfacer la demanda alimentaria de una creciente población mundial, sin apenas poder aumentar la superficie cultivable y en un escenario de cambio climático que podría afectar de forma negativa la producción de cultivos a escala planetaria (Godfray et al., 2010). Un conocimiento preciso de los mecanismos que controlan el desarrollo y la germinación de las semillas puede contribuir a asegurar la producción de alimentos y productos agrarios necesarios para satisfacer las demandas de la población mundial.



Figura 1. Esquema de la estructura de la semilla de Arabidopsis *thaliana* (adaptado de Müller et al, 2006).

1. La dormición de las semillas es un mecanismo clave para la supervivencia de las especies vegetales.

Las plantas son organismos sésiles, y no tienen la capacidad de desplazarse para evitar la exposición a condiciones ambientales adversas. Por ello, han desarrollado otras estrategias adaptativas para sobrevivir en un ambiente cambiante. Una estrategia esencial para la supervivencia es el desarrollo de la dormición de las semillas, proceso que permite la parada del crecimiento en respuesta tanto a factores endógenos como ambientales. La dormición consiste en la ausencia de germinación de una semilla intacta y viable para completar la germinación, aún en condiciones ambientales favorables (Bewley, 1997). Es una propiedad innata de la semilla, producida por diversos mecanismos de bloqueo intrínsecos que evitan la germinación durante condiciones ambientales favorables temporales en una estación desfavorable. Para que la semilla pueda germinar, deben eliminarse estos mecanismos de bloqueo en un proceso conocido como la rotura de la dormición (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006).

En plantas silvestres, la dormición es un mecanismo beneficioso, que asegura la supervivencia de las especies impidiendo la germinación fuera de estación o disminuyendo la competencia entre individuos de la misma especie (Finkelstein et al., 2008). Las especies vegetales germinan en el momento óptimo para que la planta pueda establecerse y completar su ciclo vital. En el campo, las semillas pueden presentar emergencia otoñal-invernal o emergencia primaveral (Recasens y Conesa, 2009), según su ciclo vital. La combinación de la dormición/germinación de la semilla y del tiempo de floración de la planta determina su ciclo biológico. Ambas son transiciones importantes para el desarrollo de la planta y requieren una precisa percepción y una correcta respuesta a los cambios ambientales, lo que permite adecuar el desarrollo de la planta a condiciones apropiadas de crecimiento. Por todo ello, la dormición es un carácter adaptativo esencial para la supervivencia de especies vegetales, que optimiza la distribución de la germinación en el tiempo para asegurar un buen establecimiento de las nuevas generaciones de plantas.

En cultivos agrícolas, la dormición de las semillas ha sido tradicionalmente una característica no deseable ya que el retraso de la germinación tras la siembra compromete la supervivencia de la semilla en el suelo y disminuye su capacidad de competir con otras especies presentes en su entorno, lo que tiene consecuencias negativas sobre el rendimiento de los cultivos. Por este motivo, durante la domesticación de las especies agrícolas se han ido seleccionando variedades con

12

niveles bajos de dormición de la semilla. Por ello, la mayoría de plantas cultivadas germinan de forma rápida y uniforme después de la siembra, a diferencia de lo que ocurre con sus antepasados silvestres (Kilian et al., 2009). Sin embargo, la eliminación total de la dormición no es deseable, ya que entonces se favorecería que la semilla germine cuando aún esté en la planta madre, un fenómeno conocido como viviparismo o "germinación precosecha" (del inglés pre-harvest sprouting) (Gubler et al., 2005), y que ocasiona cuantiosas pérdidas económicas, particularmente en cultivos de cereales (Bewley, 1997; Gubler et al., 2005). Por tanto, las semillas de los cultivos requieren un nivel adecuado de dormición (Graeber et al., 2012), y tanto la precocidad en la germinación (durante la maduración en la planta o durante el almacenamiento posterior), como la dormición profunda de las semillas después de la cosecha, son serios problemas para el sector agrícola e industrial. Por este motivo, un conocimiento profundo de los mecanismos que modulan el nivel de dormición de la semilla y cómo estos responden a las condiciones medioambientales no sólo tiene una gran relevancia fundamental, sino también un gran potencial biotecnológico. Este conocimiento puede permitir la manipulación de este proceso de desarrollo para optimizar el rendimiento de los cultivos, así como contribuir a desarrollar marcadores con capacidad de predecir el nivel de dormición de las semillas (Gubler et al., 2005).

La adquisición de la dormición de la semilla se inicia durante la maduración de ésta en la planta madre, y su profundidad dependerá de las condiciones ambientales durante su formación (Donohue, 2005; Finkelstein et al., 2008; Holdsworth et al., 2008). La salida de dormición depende de factores genéticos, factores endógenos (como fitohormonas), y factores ambientales (como la luz, la temperatura y el tiempo de almacenamiento) (Finkelstein et al., 2008; Holdsworth et al., 2008; Bentsink y Koornneef, 2008). Ninguno de estos factores ambientales constituye un requerimiento absoluto para la germinación, ya que la necesidad de un factor depende del resto de factores, y la necesidad de cada uno de ellos depende del genotipo (Bentsink y Koornneef, 2008). Cada uno de estos factores elimina mecanismos de bloqueo sucesivos de la germinación, pero generalmente este proceso debe llevarse a cabo en un orden establecido para que funcione adecuadamente (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006). La exposición a un sólo factor o a una incorrecta combinación de factores resulta en diferentes niveles de dormición.

En el campo, una vez que la semilla está en el suelo, determinados factores ambientales relacionados con cambios estacionales lentos como la temperatura, constituyen señales informativas sobre cuál puede ser el momento del año adecuado para germinar, lo que se ha definido como ventana temporal de la germinación (Footitt

13

et al., 2011). Estas señales son percibidas por la semilla, alterando la sensibilidad a un segundo grupo de factores ambientales relacionados con cambios estacionales rápidos, como la humedad, la luz, los niveles de nitrato en el medio y la alternancia de temperaturas, que determinan una ventana espacial de la germinación (Footitt et al., 2011). Esta ventana espacial está relacionada con una respuesta rápida a la adecuación de las condiciones locales para la germinación y el establecimiento (Footitt et al., 2013). Si no se produce la ventana espacial de germinación correcta, la ventana temporal de germinación se cierra hasta el siguiente año (Footitt et al., 2011).

1.1 Clasificación de la dormición.

La dormición se ha clasificado según su origen, es decir, si la inhibición de la germinación se produce por causas morfológicas, fisiológicas y/o físicas, en cinco tipos: fisiológica (DF), morfológica (DM), morfofisiológica (DMF), física (DI) y combinatoria (DI+DF) (Nikolaeva, 1967; Baskin y Baskin, 1998, 2004).

La DF es el tipo más abundante en semillas de plantas gimnospermas y de la mayoría de angiospermas, por lo que es el tipo de dormición más estudiado. Estos estudios muestran que los mecanismos moleculares intrínsecos que determinan la dormición pueden tener un componente embrionario y/o de la cubierta (Hilhorst, 1995; Bewley, 1997; Kucera et al., 2005; Hilhorst, 2007) que determinan la profundidad de la dormición de la semilla (Kucera et al, 2005; Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006; Bentsink y Koornneef, 2008; Holdsworth et al. 2008). La DF se puede clasificar en 3 niveles: profunda, intermedia y no profunda (Baskin y Baskin, 2004). Las semillas con DF profunda tienen dormición impuesta por el embrión, en la que éste es incapaz de germinar aún en presencia de giberelinas (GA), hormonas que promueven la germinación. Estas semillas necesitan varios meses de estratificación en frío o en presencia de calor para germinar. Un ejemplo serían las semillas de la especie Acer platanoides. En la DF intermedia, las semillas necesitan periodos más cortos de calor o de frío para romper la dormición. Un ejemplo de semillas con este tipo de dormición serían las de la especie Acer pseudoplatanus. Sin embargo, la mayoría de las semillas presentan DF no profunda. En este tipo de semillas, cuando separamos el embrión del resto de la semilla, se desarrollan plántulas con normalidad. Un ejemplo de semillas con este tipo de dormición son las de Arabidopsis thaliana, en las que los embriones extirpados de semillas durmientes (por ejemplo del ecotipo Cabo Verde Islands, Cvi) o de mutantes insensibles o deficientes en GAs, son capaces de germinar (Bethke et al.,

2007; luchi et al., 2007). Las GAs, así como el almacenamiento en seco y la estratificación con frío o calor también pueden romper la DF no profunda.

De entre estos tipos de DF el que más se ha caracterizado a nivel molecular es la DF no profunda. Existen dos estados en este tipo de dormición, dependiendo del momento en que se establece en la semilla: la dormición primaria y la secundaria (Baskin y Baskin, 2004). La primaria es la adquirida durante la última etapa de la maduración de la semilla en la planta madre (Hilhorst, 1995; Bewley, 1997; Hilhorst et al., 1998). Esta dormición primaria se observa en semillas frescas, que son aquellas semillas recién cosechadas de la planta madre al final de la maduración, que mantienen altos niveles de dormición. Este nivel de dormición depende de las condiciones ambientales (temperatura, fotoperiodo y calidad de la luz) durante la maduración de la planta madre (Alboresi et al., 2005; Matakiadis et al., 2009; Kendall et al., 2011). La dormición primaria puede superarse con almacenamiento a temperatura ambiente en condiciones de baja humedad, debido a un proceso llamado post-maduración (PM) (del inglés after ripening), o por imbibición de la semilla a ciertas temperaturas, generalmente bajas, durante un periodo de tiempo, lo que se conoce como estratificación (Derkx y Karssen, 1993). La dormición secundaria es la que adquiere la semilla madura después de la imbibición, en caso de no tener las condiciones ambientales adecuadas para germinar (Koornneef y Karssen, 1994; Bewley, 1997). Esta dormición secundaria puede ser perdida y adquirida repetidamente, hasta que se den las condiciones adecuadas para la germinación (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006). Esto permite a la semilla pasar por varios ciclos sucesivos de salida e inducción de la dormición, hasta que las condiciones para germinar y para el establecimiento de las plántulas sean óptimas (Hilhorst, 2007) (Figura 2).



Figura 2. Esquema de los ciclos de dormición que se pueden producir en la DF no profunda (adaptado de Finkelstein et al., 2008).

La DM se produce en semillas con embriones diferenciados pero todavía no desarrollados. Estos no presentan DF, pero necesitan tiempo para crecer y germinar. Un ejemplo de semillas que presentan este tipo de dormición son las de la especie *Apium graveolens* (apio). La DMF también está presente en embriones poco desarrollados, que además presentan un componente fisiológico de dormición. Requieren un tratamiento para romper la dormición, como la estratificación o la aplicación de GAs. Por su parte, la DI está causada por cubiertas impermeables al agua constituidas por células de empalizada de las semillas, que controlan los movimientos del agua. Se requieren escarificación mecánica o química para romper la dormición. Un ejemplo de este tipo de especies es *Ceratonia siliqua* (algarrobo). La dormición combinada (DI+DF) se encuentra en semillas con cubiertas impermeables al agua, combinadas con dormición fisiológica del embrión, como por ejemplo las de las especies de *Geranium* y *Trifolium*.

En este trabajo de Tesis Doctoral nos hemos centrado en la caracterización de mecanismos que regulan la dormición primaria en *Arabidopsis thaliana*, cuyas semillas presentan DF no profunda. Por ello, a continuación discutiremos este aspecto concreto de la dormición de las semillas.

1.2 Maduración y establecimiento de la dormición de semillas en Arabidopsis.

El desarrollo de la semilla de Arabidopsis se inicia tras la fecundación y se prolonga durante 18-21 días, en condiciones normales de invernadero (Parcy et al., 1994; Vicente-Carbajosa y Carbonero, 2005; Le et al., 2010). El embrión atraviesa por diversos estadios, en los que su volumen va aumentando, mientras que el del endospermo va disminuyendo, hasta formar una única capa de células (Raz et al., 2001). Finalmente, se produce una parada del crecimiento del embrión por el cese de la división celular (Raz et al., 2001), y se inicia la maduración de la semilla. Este proceso de maduración se caracteriza por la acumulación de reservas nutricionales, la parada del crecimiento de tejidos y del desarrollo, la inducción de la dormición primaria y, finalmente, el desarrollo de la tolerancia a la desecación y la propia desecación, después de la cual el embrión entra en un estado quiescente que le permite sobrevivir hasta que las condiciones sean adecuadas para la germinación (Koornneef y Karssen, 1994; Raz et al., 2001; Bentsink et al., 2007; Gutierrez et al., 2007; Zhang y Ogas, 2009). El final de la maduración se caracteriza por la disminución de las actividades metabólicas, incluyendo la transcripción de genes (Comai y Harada, 1990), lo que lleva a la semilla a mostrar una insensibilidad temporal a señales que promueven su

desarrollo (Graeber et al., 2012). De esta forma, el embrión puede resistir hasta que las condiciones sean favorables.

La dormición de la semilla es un carácter que depende de una combinación de factores ambientales y endógenos. Además, los distintos tejidos que componen la semilla contribuyen a establecer su nivel final de dormición. La germinación supone la salida de la radícula a través de las dos capas que envuelven al embrión (endospermo y testa). En el caso de Arabidopsis, la germinación se produce en dos etapas, la elongación de la radícula, rompiendo la testa, y la rotura del endospermo en el extremo micropilar de la semilla (Middleton et al., 2008) (Figura 3). La rotura del endospermo y de la testa son eventos separados y sólo el primero de ellos es inhibido por la hormona ácido abscísico (ABA) en semillas maduras en Arabidopsis. En esta especie, la testa y el endospermo oponen resistencia (mecánica y/o química) a la germinación, que durante la DF no profunda es mayor que el potencial de crecimiento del embrión (Hilhorst, 1995; Bewley, 1997; Koornneef et al., 2002; Leubner-Metzger, 2003; Kucera et al., 2006; Hilhorst et al., 2010). En la actualidad se desconoce si los genes implicados en dormición afectan sólo al embrión, al endospermo, o a la testa, o si afectan a una combinación de los tres componentes (Hilhorst et al., 2010). La luz y las GAs parecen ser los factores que liberarían a la semilla de la dormición impuesta por las cubiertas (Leubner-Metzger, 2001; Sanchez y Mella, 2004; Kucera et al., 2005).



Figura 3. La germinación en Arabidopsis se produce en dos pasos consecutivos. Secuencia de eventos en la germinación de una semilla de Arabidopsis, mostrando la rotura de la testa y la posterior rotura del endospermo.

1.2.1 Control de la dormición por la testa.

La testa es la cubierta más externa de la semilla y está constituida por tejido materno muerto, que procede de los integumentos del óvulo (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006). La testa restringe el crecimiento de la radícula y protege al embrión de daños ambientales. Se cree que la rotura de la testa puede producirse de dos formas: mediante la producción de enzimas por el endospermo y/o la radícula, que permitirían debilitar las cubiertas, o por la presencia de puntos de rotura predeterminados en las cubiertas, para facilitar la rasgadura de los tejidos (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006; Hilhorst et al., 2010). La estructura y la pigmentación de la testa afectan a la dormición y a la longevidad de la semilla en muchas especies, incluida Arabidopsis (Debeaujon et al., 2000). Así, la semilla madura presenta una testa marrón, cuyos pigmentos se producen al final del desarrollo de la semilla, y un embrión amarillento (Koornneef y Karssen, 1994). La capa celular interior del integumento interior contiene pigmentos de color marrón (Bouman, 1975). La capa exterior de la testa contiene el mucílago, substancia pectínica, principalmente compuesta de ramnogalacturonano y celulosa, organizada en una capa exterior soluble al agua y una capa interior unida covalentemente a la testa por microfibrillas de celulosa (Macquet et al., 2007). El mucílago es liberado durante la imbibición de la semilla, cuando la pared celular exterior se rompe (Koornneef y Karssen, 1994). Se ha propuesto que el mucílago podría permitir la adherencia a superficies o animales para su dispersión y contribuye a la germinación en ambientes con estrés osmótico o salino, ya que es hidrofílico y retrasa la pérdida de agua (Weitbrecht et al., 2011). Los pigmentos de la semilla difieren según la especie, pero principalmente son compuestos fenólicos. En Arabidopsis, los principales pigmentos son proantocianidinas y flavonoles glicósidos (Debeaujon et al., 2007), presentes en la capa interior de la testa, llamada endotelio (Bentsink y Koornneef, 2008). Las proantocianidinas son polímeros que establecen enlaces con los componentes de la pared durante la maduración de la semilla, lo que provoca un engrosamiento de las capas celulares proporcionando una mayor resistencia mecánica y reduciendo la permeabilidad a agua, gases y hormonas (Finkelstein et al., 2008). Por otro lado, la naturaleza antioxidante de los flavonoides permite inhibir la degradación oxidativa de ABA (Debeaujon et al., 2007), favoreciendo la dormición de la semilla. Además estos pigmentos tienen función antimicrobiana y antiherbívoros, y son un filtro para la luz UV que llega al embrión (Winkel-Shirley, 2002). Análisis de mutantes con defectos en la pigmentación o estructura de la testa muestran que estas características son necesarias para el correcto desarrollo de las semillas y para la dormición primaria (Holdsworth et al., 2008), ya que estos mutantes

presentan una reducción de la dormición (Flintham, 2000; Mcabee et al., 2006; Debeaujon et al., 2007).

1.2.2 Control de la dormición por el endospermo.

El endospermo es un tejido vivo que actúa como una barrera física y química a la germinación, inhibiendo el crecimiento de la radícula (Middleton et al., 2008). La importancia del endospermo para impedir la germinación ha sido bien establecida en varias especies como tomate, tabaco y lechuga (Hilhorst y Karssen, 1992; Bewley, 1997; Kucera et al, 2005), donde se ha determinado que para que se produzca la germinación es necesaria la rotura del endospermo. En Arabidopsis, se ha propuesto que el endospermo es el factor principal que promueve la dormición de las semillas, ya que cuando se elimina la testa en semillas frescas durmientes, el endospermo impide la germinación (Bethke et al., 2007). Se ha observado que el endospermo durmiente produce y libera ABA para inhibir el crecimiento del embrión en la semilla embebida (Lee et al. 2010). Por otra parte, la disminución de la resistencia mecánica en el endospermo micropilar (la capa de endospermo que cubre la punta de la radícula) (Figura 1) parece ser un prerreguisito para la salida de la radícula durante la germinación (Bewley, 1997, Kucera et al., 2005). Este debilitamiento puede estar promovido por GAs e inhibido por ABA (Müller et al., 2006; Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006), favoreciendo la degradación de las células del endospermo por enzimas hidrolíticas inducidas por estas hormonas producidas en el embrión. Este debilitamiento está asociado con la inducción de enzimas remodeladoras de la pared celular, como las expansinas (Kucera et al., 2005). Además se han identificado hidrolasas de polisacáridos de la pared celular y substancias reactivas a oxígeno (ROS), que estarían implicadas en el debilitamiento del endospermo y en la liberación de la dormición de la semilla (Bailly, 2004; Oracz et al., 2007).

1.2.3 Control de la dormición por el embrión.

La dormición debida al embrión se caracteriza por un bloqueo intrínseco que inhibe el crecimiento de extensión y, por lo tanto, embriones separados del resto de la semilla, no germinan aún en ausencia de la oposición mecánica de las capas externas de la semilla (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006). Este tipo de control no se produciría en las semillas con DF no profunda.

2. Mecanismos moleculares que participan en la regulación de la dormición de la semilla.

La dormición de la semilla es un proceso del desarrollo vegetal cuya base molecular, a diferencia de lo que ocurre con otras transiciones de fase del desarrollo en plantas como la inducción de la floración o el desarrollo floral, permanece en gran medida desconocida. Sin embargo, en los últimos años se ha producido un avance significativo en el conocimiento disponible acerca de los mecanismos moleculares implicados en el control de este proceso. El empleo de abordajes genéticos, genómicos y moleculares ha contribuido a desvelar algunos de los mecanismos de regulación de la dormición en Arabidopsis. De esa forma se han identificado genes y proteínas que controlan el proceso, así como otras moléculas reguladoras de la dormición. Entre ellos se incluyen moléculas de señalización, reguladores transcripcionales, fosfatasas o quinasas que regulan la actividad de los factores de transcripción modulando su estado de fosforilación, proteínas modificadoras de la actividad, estabilidad o localización de factores de transcripción mediante otras modificaciones, así como enzimas remodeladores de la pared celular que se expresan en el embrión y en el endospermo (Penfield et al., 2006). Asimismo, se han identificado proteínas implicadas en modular la homeostasis de hormonas (fundamentalmente ABA y GAs), en su reconocimiento específico o en la señalización en respuesta a su concentración (Middleton et al., 2008). Algunas de estas moléculas están asociadas a la inducción de la dormición, mientras que otras son necesarias para romper la dormición y facilitar el inicio de la germinación. A continuación discutimos algunos de los mecanismos moleculares más importantes implicados en ambos aspectos de la dormición de la semilla, centrándonos fundamentalmente en estudios realizados con la especie modelo Arabidopsis.

2.1 Regulación de la inducción de la dormición de la semilla.

2.1.1 Redes transcripcionales implicadas en la maduración de la semilla.

La semilla adquiere la dormición durante su fase de maduración, al mismo tiempo que se acumulan en ellas los compuestos de reserva, se desarrolla la tolerancia a la desecación y se alcanza el estado quiescente de actividad metabólica. Cuatro reguladores clave de estos procesos que tiene lugar durante la maduración son ABA-INSENSITIVE3 (ABI3), FUSCA3 (FUS3), LEAFY COTYLEDON 1 (LEC1) y LEC2 (Meinke et al., 1994; Raz et al., 2001). De hecho, los genes que codifican estas proteínas interaccionan entre sí en una red que controla varios aspectos de la

maduración de la semilla (Bentsink y Koornneef, 2008). ABI3, FUS3 y LEC2 son factores de transcripción con un dominio B3 de unión a DNA (Giradaut et al.; 1992; Stone et al., 2001), mientras que LEC1 codifica una subunidad de tipo HAP3 del factor de transcripción de unión a la secuencia CCAAT (CBF, también llamado NF-Y) (Lotan et al., 1998). Los mutantes abi3, fus3, lec1 y lec2 presentan alteraciones comunes entre sí que afectan a la maduración de la semilla, incluyendo una reducción en la dormición (Raz et al., 2001) y menor expresión de proteínas de almacenamiento (Gutiérrez et al., 2007). También presentan alteraciones específicas, como una menor sensibilidad al ABA (en abi3 y en menor medida en lec1) e intolerancia a la desecación (en abi3, fus3 y lec1), entre otras (Bentsink y Koornneef, 2008). Las proteínas LEC2 y FUS3 suprimen la biosíntesis de GA en el embrión en desarrollo, inhibiendo la expresión de Ga3ox2 en la epidermis del eje embrionario (Curaba et al., 2004). Entre todos estos reguladores, ABI3 parece tener un papel central en dormición (Bassel et al., 2006). De hecho, el estudio de ortólogos de los genes AB/3-like en dicotiledóneas, cereales y en coníferas, ha puesto de manifiesto la importancia de estos genes en la regulación de la dormición (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006). Mutantes en el gen VP1 de maíz, ortólogo a ABI3, se caracterizan por presentar una sensibilidad reducida a la presencia de ABA durante la germinación y viviparismo (Graeber et la., 2012).

Recientemente se han identificado genes que actúan regulando a ABI3, FUS3, LEC1 y LEC2. Por ejemplo, en maíz se ha visto que todos ellos están regulados por VIVIPAROUS 8 (VP8) (Suzuki et al., 2008). El mutante vp8 produce semillas vivíparas, además de otras alteraciones pleiotrópicas del fenotipo (Suzuki et al., 2008). Los los homólogos de VP8 correspondientes mutantes en en arroz, PLASTOCHRON3/GOLIATH (PLA3/GO), y en Arabidopsis, ALTERED MERISTEM PROGRAM 1 (AMP1), también muestran niveles alterados de dormición de las semillas (Kawakatsu et al., 2009; Griffiths et al., 2011), lo que sugiere la existencia de un mecanismo altamente conservado en varias especies vegetales, tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas. AMP1 está implicado en el control de la dormición regulando el contenido en ABA de semillas de Arabidopsis, aunque su modo de actuación depende de la accesión (Griffiths et al., 2011). AMP1 y sus ortólogos codifican una posible glutamato carboxipeptidasa, lo que abre la posibilidad de que una señal peptídica esté implicada en la maduración de la semilla y en la inducción de la dormición (Graeber et al., 2012).

2.1.2 Inducción y mantenimiento de la dormición dependiente de hormonas: papel del ABA.

Un gran número de estudios genéticos y fisiológicos han demostrado que el nivel de dormición de las semillas de Arabidopsis depende del balance entre la biosíntesis y catabolismo de GAs y de ABA (Karssen y Lacka, 1986; Lee et al., 2002; Nambara y Marion-Poll, 2005; Yamaguchi, 2008; Nambara et al., 2010). Ambas hormonas juegan un papel antagónico en la adquisición y el mantenimiento de la dormición (Oh et al., 2006; Okamoto et al., 2006; Graeber et al., 2012; Kim et al., 2013). Mientras que la biosíntesis de ABA y la degradación de GAs favorecen la adquisición y el mantenimiento del estado durmiente de las semillas, la acumulación de GAs promueve la germinación (Olszewski et al., 2002; Nambara y Marion-Poll, 2005; Kucera et al., 2005; Graeber et al., 2012). La biosíntesis de GAs y ABA, así como la sensibilidad de las semillas a estas fitohormonas y las rutas de transducción de señales de GAs y ABA, están interconectadas y a su vez interaccionan con otras hormonas y factores ambientales y endógenos, de manera que el equilibrio entre la acción de ambas hormonas tiene un papel esencial en la regulación de la germinación y la dormición (Kucera et al., 2005; Finkelstein et al., 2008; Seo et al., 2009; Nambara et al., 2010; Nonogaki et al., 2010; Weitbrecht et al., 2011; Graeber et al., 2012; Rajjou et al., 2012).

2.1.2.1 Regulación de la inducción de la dormición por ABA.

Numerosos datos experimentales han permitido concluir que la acumulación de ABA está relacionada con el establecimiento de la dormición de la semilla, y que esta hormona es el principal factor intrínseco de la semilla que induce el establecimiento y mantenimiento de la dormición (Lefebvre et al., 2006; Nakashima et al., 2009; Lee et al, 2010; Nambara et al., 2010). El ABA no es solo un regulador positivo de la dormición, sino también es un represor de la germinación, ya que inhibe el potencial de crecimiento del embrión y de debilitamiento de la capa del endospermo durante la germinación (da Silva et al. 2004).

El ABA materno tiene un importante papel en la regulación de muchos aspectos del desarrollo de la semilla y es el responsable de los altos niveles de ABA durante el desarrollo de ésta (Karssen et al., 1983). Sin embargo, diversos estudios muestran que el ABA producido por tejidos maternos o añadido exógenamente no es suficiente para inducir la dormición. De hecho, mutantes deficientes en *ABA* (*aba/aba*) en plantas que producen ABA (*ABA/aba*), no presentan dormición (Bewley et al.,

1997). Ésta se establece en las semillas gracias al ABA producido por los tejidos zigóticos, tanto en el embrión como en el endospermo, en los últimos estadios de la maduración (Karssen et al., 1983; LePage-Degivry y Garello, 1992; Frey et al., 2004; Gutierrez et al., 2007; Lefebvre et al., 2006).

Se ha demostrado que el contenido de ABA de las semillas es bajo en la primera parte de su desarrollo, aumenta progresivamente durante el periodo en el que se acumulan los productos de reserva, y disminuye cuando la semilla se deseca (Bewley, 1997). En el ecotipo Cvi de Arabidopsis, que muestra niveles elevados de dormición de las semillas, se han encontrado altos contenidos de ABA (Ali-Rachedi et al, 2004; Cadman et al; 2006). En esta accesión, una vez se han embebido las semillas, se produce biosíntesis de nuevo de ABA, hecho que se ha observado también en otras especies vegetales en las que el ABA está implicado en la inducción y el mantenimiento del estado durmiente (Le Page-Degivry y Garello, 1992; Wang et al., 1995; Kucera et al., 2005; Holdsworth et al., 2008; Hilhorst et al., 2010).

La regulación de la ruta de biosíntesis de ABA permanece en gran medida desconocida, aunque se ha demostrado que la síntesis de esta hormona está finamente regulada, al menos desde el punto de vista transcripcional, tanto temporal como espacialmente (Nambara y Marion-Poll, 2003; Ali-Rachedi et al, 2004; Lefebvre et al., 2006). Los mutantes alterados en la biosíntesis o el metabolismo del ABA presentan defectos en la dormición, y de hecho, la carencia de ABA permite la germinación sin GAs (Bentsink y Koornneef, 2008). Entre los genes claves que participan en la biosíntesis de ABA durante la inducción de la dormición de la semilla se encuentran NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 6 y 9 (NCED6 y NCED9). Mientras que NCED6 se expresa exclusivamente en el endospermo, NCED9 se expresa tanto en el endospermo como en el embrión (Lefebvre et al., 2006). La pérdida de función simultánea de ambos genes, pero no la de cada uno de ellos por separado, provoca reducción de la dormición de las semillas (Lefvebre, 2006). ZEAXANTHIN EPOXIDASE/ABA DEFICIENT 1 (ZEP/ABA1), que codifica un enzima importante en la biosíntesis de ABA también es necesario para el mantenimiento de la dormición (Cadman et al., 2006; Finkelstein et al., 2008).

2.1.2.2 Papel de la señalización de ABA en la regulación de la dormición.

En la regulación de la dormición, tan importante como la síntesis de ABA es su señalización. En Arabidopsis, determinados mutantes insensibles a ABA (*aba insensitive*, *abi*) presentan una marcada reducción en la dormición de semillas (Kucera

et al., 2005; Finkelstein et al., 2008; Holdsworth et al., 2008). Estudios recientes han revelado un posible mecanismo molecular que media la percepción de ABA. Así, la familia de proteínas PYRABACTIN RESISTANCE1/PYR1-LIKE (PYR/PYL1/RCAR) constituye un grupo de receptores de ABA que mediarían la respuesta a esta hormona, interaccionando con miembros de la familia de fosfatasas PROTEIN PHOSPHATASE 2C (PP2C) y antagonizando su acción (Nambara et al., 2010; Nishimura et al., 2010; Graeber et al., 2012). Esta familia de genes PP2C actúan como reguladores negativos de respuestas inducidas por ABA (Kucera et al., 2005; Nishimura et al., 2007). En ausencia de ABA, estas fosfatasas de tipo 2C actúan sobre determinadas quinasas de tipo SNF1-RELATED PROTEIN KINASE 2 (SnRK2), inhibiendo su actividad. Sin embargo, en presencia de ABA, los receptores PYR/PYL1/RCAR forman un complejo tripartito con la hormona y con PP2C, lo que impide la unión de estas fosfatasas con el sustrato, SnRK2, eliminando la inhibición de ésta mediada por PP2C. En esas condiciones, las guinasas SnRK2 son capaces de activar la expresión de genes portadores de dominios ABRE en sus regiones reguladoras (Nakashima et al., 2009) y que median las respuestas celulares dependientes de ABA (Raghavendra et al., 2010) (Figura 4). Diversos estudios han puesto de manifiesto que estos componentes de la cadena de señalización de ABA tienen un papel esencial en la regulación de la dormición de semilla y germinación. Por ejemplo, el aumento de la germinación de semillas de plantas deficientes en 3 a 6 receptores PYR/PYLs indica una regulación cualitativa por esta familia de receptores de ABA (González-Guzmán et al., 2012). Recientemente se ha descrito que HONSU (HON), que codifica una proteína de tipo PP2C, es uno de los principales reguladores negativos de la dormición de semillas (Kim et al., 2013). Además, semillas de plantas con mutaciones en ABI1 y ABI2, que también codifican proteínas PP2C, muestran un fenotipo de reducción de la dormición (Koornneef et al., 1984), causado por la incapacidad de estas proteínas mutadas para unirse a los receptores de ABA (Ma et al., 2009; Park et al., 2009). En consecuencia, en estos mutantes abi las fosfatasas permanecen activas en presencia de ABA y reprimen constitutivamente proteínas quinasas SnRK2. Tres quinasas de tipo SnRK2 (SnRK2.2, SnRK2.3 y SnRK2.6) actúan de manera redundante en la transmisión de la señal de ABA durante el desarrollo de la semilla y la inducción de la dormición (Fujii y Zhu, 2009; Nakashima et al., 2009). El triple mutante snrk2 muestra pérdida de dormición y viviparismo en condiciones de humedad alta (Nakashima et al., 2009). Se ha demostrado que entre las dianas más importantes de estas quinasas se encuentran factores de transcripción de tipo bZIP, incluyendo ABI5 y ABSCISIC ACID RESPONSIVE ELEMENTS-BINDING PROTEIN 3 (AREB3) (Nakashima et al., 2009).


Figura 4. Modelo hipotético del mecanismo de percepción de ABA. A. En ausencia de ABA, las fosfatasas PP2C inhibirían la actividad de las proteínas SnRK2, promoviéndose la germinación de las semillas. B. En presencia de ABA, se formaría un complejo ABA-PYR/PIL/RCAR-PP2C, con lo que las proteínas SnRK2 podrían activar la expresión de factores de transcripción con dominio ABRE, promoviéndose la dormición.

Además de estas proteínas implicadas en la percepción y señalización de ABA, otros factores como ABI4 participan en la regulación de la dormición de la semilla mediada por ABA. Los mutantes abi4 muestran dormición reducida de sus semillas (Shu et al., 2013). ABI4 es un factor de transcripción de tipo APETALA 2/ETHYLENE RESPONSE FACTOR (AP2/ERF), que se expresa en el embrión (Penfield et al., 2006). ABI4 desempeña un papel especialmente relevante durante el desarrollo de la semilla y la imbibición (Finkelstein et al., 1998), momentos en los que el nivel de tránscrito de ABI4 es alto (Soderman et al., 2000). Los mutantes abi4 muestran una reducción de la dormición primaria, con un nivel inferior de ABA pero superior de GAs al de semillas de tipo silvestre, es resistente a Paclobutrazol (PAC), un inhibidor de la síntesis de GAs, y presenta alteraciones en la mayoría de genes implicados en el metabolismo de ABA y GA (Shu et al., 2013). Estas observaciones han llevado a la conclusión de que ABI4 es un regulador negativo de la biogénesis de GA y un regulador positivo de la biosíntesis de ABA durante la germinación de la semilla (Shu et al., 2013). Además, ABI4 probablemente actúa aguas arriba de CHOTTO 1 (CHO1) en la misma ruta genética, ya que la inducción de CHO1 después de la imbibición requiere el factor de transcripción ABI4 (Yano et al., 2009; Yamagishi et al., 2009). CHO1 es un factor de transcripción que se expresa predominantemente en semillas,

sobre todo en semillas embebidas (Yamagishi et al., 2009). CHO1 promueve la dormición en semillas embebidas de Arabidopsis, al inhibir la biosíntesis de GA, mediante la supresión de la síntesis de GA3ox2 (Yano et al., 2009). Además, los mutantes *cho1* muestran una reducción del nivel de ABA, mientras que su ganancia de función tiene el resultado opuesto (Yano et al., 2009). Puesto que la expresión de *CHO1* requiere la señalización de ABA, se ha propuesto que este factor de transcripción podría integrar la regulación de la biosíntesis de GA y la señalización de ABA (Hedden y Thomas., 2012).

ABI5 también se ha identificado como un represor central de la germinación que integra señales procedentes tanto de ABA como de GAs (Piskurewicz et al., 2008). La acumulación de ABI5 está promovida por ABA al final de la maduración (Piskurewicz et la., 2008). *ABI5* funciona aguas abajo de *ABI3*, y es esencial para la parada del crecimiento inducida por ABA que se produce después de la salida de la dormición de la semilla, pero antes del crecimiento autotrófico (Lopez-Molina et al., 2001, 2002). Bajo condiciones normales de germinación, la expresión de *ABI5* (tanto a nivel de mRNA como de proteína) refleja los niveles de ABA y desciende rápidamente, siendo indetectable dentro de las 12 a 24 h después de la imbibición (Piskurewicz et al., 2008). El tránscrito de *ABI5* se ha detectado en el embrión y en el endospermo micropilar en semillas embebidas, lo que sugiere un papel de esta proteína en la inhibición del crecimiento del embrión así como de la rotura del endospermo (Penfield et al., 2006). Sin embargo, hasta el momento no se han descrito defectos en la dormición de la semilla de los mutantes *abi5* por lo que el papel de este locus en el control de dicho proceso no está claro.

2.1.3 Papel de la señalización de GAs mediada por las proteínas DELLA en la dormición de semillas.

Las proteínas DELLA son reguladores negativos de diversas respuestas dependientes de GA. Estas hormonas regulan positivamente la germinación promoviendo la degradación de las proteínas DELLA (Tyler et al., 2004; Finkelstein et al., 2008). La familia de proteínas DELLA en Arabidopsis está formada por 5 miembros: GAI (GA-INSENSITIVE), RGA (REPRESSOR OF GA1-3) y RGL1-3 (RGA-LIKE1-3). Las proteínas de esta familia se caracterizan todas ellas por la presencia del dominio DELLA, necesario para la regulación dependiente de GAs, y de un dominio GRAS (<u>G</u>AI, <u>R</u>GA y <u>S</u>CARECROW) también necesario para su función (Peng y Harberd et al., 1997; Silverstone et al., 1998; Pysh et al., 1999; Dill et al., 2001). Entre

las cinco DELLA de Arabidopsis, RGL2 tiene un papel único y central para promover la síntesis de ABA en las semillas (Lee et al., 2010), aunque también se ha descrito un papel de las proteínas RGA y GAI en el control de la dormición de semillas (Penfield et al., 2006). Se ha comprobado en ensayos de germinación de embriones aislados sobre lechos de cubiertas seminales (del inglés "seed coat bedding assay"), que las cubiertas de mutantes *rgl2* no promueven la dormición de embriones extraídos de semillas durmientes, mientras que las cubiertas de mutantes *rga gai* no promueven la germinación de los embriones aislados (Lee et al., 2010). Sin embargo, endospermos durmientes con embriones *rga gai* no son capaces de bloquear la germinación (Lee et al, 2012). Así el papel principal de *RGL2* se produciría específicamente en las cubiertas mientras que el de *RGA* y *GAI* se ejercería en el embrión (Lee et al., 2010). La presencia de altos niveles de proteínas DELLA en semillas durmientes.

El ABA promueve la acumulación del mRNA de *RGL2* en el endospermo, pero no el de las otras DELLA, y este a su vez promueve la síntesis de ABA en semillas durmientes durante la imbibición (Piskurewicz et al., 2008, 2009; Lee et al., 2010). GAI y RGA también promueven un mayor nivel de ABA en la semilla para ejercer la represión de la germinación en condiciones de luz roja lejana (Piskurewicz et al., 2009; Lee et al., 2010).

Análisis de micrordenamientos han mostrado que RGL2 promueve la expresión de varios genes asociados con la dormición. Además se ha visto que RGL2 inhibe la transcripción de ALPHA EXPANSIN3 (EXPA3) y EXPA8, genes que modulan la pared celular, uniéndose directamente a sus promotores, y promoviendo la dormición (Stamm et al., 2012). Por otra parte, el principal mecanismo molecular de actuación de las proteínas DELLA es su interacción con factores de transcripción, conduciendo a la formación de complejos inactivos (Davière et al., 2008), aunque también pueden activando la transcripción mediante el secuestro de inhibidores actuar transcripcionales (Stamm et al., 2012). Se ha observado que las proteínas DELLA interaccionan con otras proteínas entre las que se incluyen PIF3-like 5 (PIL5), PIL2 y SPATULA (SPT), factores de la subfamilia basic helix-loop-helix (bHLH) (Hou et al., 2010).



Figura 5. Participación de las proteínas DELLA en la promoción de la dormición. En las semillas, las GAs regulan positivamente la germinación promoviendo la degradación de las proteínas DELLA. Por su parte, las proteínas DELLA promueven la dormición de las semillas a diferentes niveles, siendo uno de los más importantes la inhibición de la expresión de genes que responden a GA. Además, promueven la síntesis de ABA, hormona que a su vez estabiliza al menos alguna de las proteínas DELLA, RGL2.

2.2. Mecanismos moleculares que median la salida de dormición de la semilla.

Una vez separada de la planta madre, el periodo durante el cual la semilla se mantiene en estado durmiente depende de diversos factores, tanto ambientales como endógenos (Bentsink y Koornneef, 2008; Graeber et al., 2012). En Arabidopsis se ha descrito una gran variación natural para la dormición de semillas (Alonso-Blanco et al., 2003; Bentsink et al., 2010; Nguyen et al., 2012). Mientras que determinados ecotipos como L*er* tienen escasos requerimientos de post-maduración (PM) (en pocos días de PM se elimina totalmente la dormición), otros ecotipos como Cvi requieren periodos prolongados de almacenaje para salir de la dormición (Alonso-Blanco et al., 2003). Por tanto, determinantes genéticos condicionan el nivel de dormición de semillas de Arabidopsis. Asimismo, factores ambientales como la temperatura también tienen un efecto relevante sobre la duración del periodo de dormición de la semilla.

En Arabidopsis, la salida rápida de la dormición requiere generalmente de un periodo de estratificación, condición que como hemos discutido anteriormente favorece la germinación (Koornneef y Karssen, 1994; Baskin y Baskin, 2004). El proceso de PM se produce en periodos más largos de tiempo y acaba relajando progresivamente el bloqueo de la germinación presente en la semilla fresca (Koornneef y Karssen, 1994; Baskin y Baskin, 2004). La eliminación de la restricción física impuesta por las capas que rodean al embrión (escarificación), también favorece la eliminación de la dormición. Además, condiciones ambientales favorables tales como disponibilidad de agua, temperatura adecuada y/o luz promueven la germinación (Koornneef y Karssen, 1994; Hilhorst et al., 1995; Penfield et al., 2005; Bentsink y Koornneef, 2008). Todos

estos factores modulan la salida de dormición de la semilla interaccionando con complejos circuitos reguladores que responden también a hormonas y a otras moléculas para controlar con precisión el momento en el que la semilla está lista para germinar, y asegurar así la adaptación óptima de la nueva planta a su entorno. En los apartados siguientes discutiremos algunos de los datos obtenidos recientemente en relación con la rotura de la dormición de las semillas de Arabidopsis, empleando diversas aproximaciones experimentales. Estos estudios han desvelado que la interacción entre estímulos medioambientales y procesos de síntesis, degradación y señalización de hormonas, desempeñan un papel central en la modulación de este proceso.

2.2.1 Cambios de expresión génica median la salida de dormición de la semilla.

El metabolismo de semillas durmientes permanece solo parcialmente inactivo, como lo indica la transcripción continuada de genes regulados por el desarrollo en los embriones presentes en dichas semillas (Bewley, 1997). Por tanto, la dormición es un estado celular activo, con redes reguladoras complejas que continuamente integran señales ambientales y responden a ellas, manteniendo la dormición o regulándola negativamente (Cadman et al., 2006; Carrera et al., 2007, 2008; Finch-Savage et al., 2007). Diferentes análisis transcripcionales globales llevados a cabo con semillas durmientes han puesto de manifiesto que los sucesivos mecanismos de bloqueo de la germinación están asociados con cambios en programas de expresión génica (Cadman et al., 2006). Muchos de los genes más representados en los estados de dormición están relacionados con respuestas de estrés, mientras que los genes que se expresan después de la maduración están relacionados con el establecimiento de la maquinaria de traducción, el potencial para la remodelación de la pared celular y la movilización de reservas para completar la germinación (Cadman et al, 2006; Müller et al. 2010). Se ha propuesto que un regulador de estos efectos podría ser el reloj circadiano, ya que se ha observado que es necesario para la respuesta a señales que eliminan la dormición de la semilla (Penfield y Hall., 2009).

Durante el almacenamiento de semillas secas se producen importantes cambios en la expresión de tránscritos y proteínas, y algunos de ellos podrían ser responsables de eliminar la dormición de las semillas (Bove et al., 2005; Leubner-Metzger, 2005; Chibani et al., 2006). Además se ha propuesto que determinados procesos no enzimáticos tienen lugar para mitigar la dormición, como lo demuestra el papel de especies reactivas a oxígeno (ROS) (del inglés reactive oxygen species) en

la liberación de la dormición por almacenamiento en semillas de girasol (Oracz et al., 2007; Bazin et al., 2011).

Estudios de transcriptómica y proteómica realizados con semillas secas han permitido obtener información adicional para comprender los mecanismos que regulan la dormición/germinación de la semilla. Se ha descrito que en semillas durmientes existe una acumulación de mRNAs, producidos en la maduración, que son usados para la traducción de proteínas en la semilla embebida (Rajjou et al., 2004; Bentsink y Koornneef, 2008). Además, se ha demostrado que durante el almacenamiento de semillas durmientes se producen cambios significativos en los niveles de diferentes tránscritos y proteínas, y estos cambios podrían mediar la eliminación de la dormición en semillas PM (Bove et al., 2005, Leubner-Metzger, 2005; Chibani et al., 2006). Análisis de semillas PM en varias especies han mostrado que el número de tránscritos cuya expresión disminuye es mucho mayor que el de los que aumentan (Bove et al., 2005; Leymarie et al., 2007). Además, análisis de expresión globales en Arabidopsis han mostrado que el nivel de expresión de al menos 30 genes, incluyendo DELAY OF GERMINATION 1 (DOG1), disminuye significativamente durante la PM (Finch-Savage et al., 2007). Por otra parte, análisis proteómicos en Arabidopsis han identificado varias proteínas que se acumulan durante la PM (Chibani et al., 2006). La mayoría de ellas corresponde a proteínas de almacenamiento con funciones metabólicas que pueden preparar a la semilla para la germinación, pero que no tienen ningún efecto en la liberación de la dormición. Estos resultados sugieren la existencia de transcripción y traducción activa bajo condiciones de baja humedad en las semillas (Holdworth et al., 2008), que podrían conducir a la eliminación de la dormición en estas condiciones ambientales. En condiciones normales, la transcripción y la traducción probablemente no tienen lugar en toda la semilla, sino que podría estar localizada en áreas específicas de ésta, donde el un contenido de humedad es más alto (Leubner-Metzger, 2005; Bentsink y Koornneef, 2008).

Estas aproximaciones transcriptómicas y proteómicas han permitido identificar genes candidatos relacionados con la dormición, como *DESPIERTO (DEP)*, que codifica una proteína con un dedo de zinc C3HC4 tipo RING (Really Interesting New Gene), y *ATHB20*, un gen que codifica un factor de transcripción de tipo Homeodomain-Zip (HDZip) (Barrero et al., 2010). Los mutantes *dep* muestran ausencia de dormición, mientras que los mutantes *athb20* muestran un aumento en la dormición respecto a las semillas de tipo silvestre.. Se ha demostrado que ambos genes modulan la sensibilidad a ABA y que la expresión de los genes *DEP* y *DOG1* es

máxima durante la última parte del desarrollo de la semilla y baja durante la imbibición (Barrero et al., 2010).

Por otro lado, el desarrollo de herramientas bioinformáticas también ha contribuido a desvelar circuitos reguladores implicados en la regulación de este proceso de desarrollo. Así, la utilización de bases de datos públicas de expresión de genes en la semilla ha permitido elaborar un modelo representativo de la red transcripcional de genes expresados durante la etapa de dormición-germinación (Bassel et al., 2011). Este modelo describe las interacciones transcripcionales globales que median el mantenimiento de la dormición y la transición entre ésta y la germinación de las semillas. Este estudio permitió la identificación de varios genes relacionados con la dormición, entre ellos *AGAMOUS-LIKE67* (*AGL67*), que codifica un factor de transcripción de tipo MADS box. El alto número de genes coordinados con *AGL67*, la falta de dormición observada en los mutantes *agl67*, y el hecho de que la expresión de su tránscrito disminuya antes de la germinación, llevaron a proponer a *AGL67* como regulador central de la dormición de semillas (Bassel et al., 2011).

2.2.2 Función de diferentes hormonas en la salida de la dormición.

El papel de las hormonas, y en particular de ABA y GAs, no está limitado al proceso de adquisición de la dormición, sino que también tienen una función esencial en la salida de la dormición. Determinadas señales ambientales eliminan la dormición y promueven la germinación, regulando los niveles de hormonas, fundamentalmente promoviendo la degradación de ABA y aumentando la biosíntesis de GA (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006), al tiempo que disminuyen la sensibilidad a ABA y aumentan la sensibilidad a GAs (Le Page-Degivry et al., 1996; Koornneef et al., 2002; Leubner-Metzger, 2002; Ali-Rachedi et al, 2004). Además, resultados recientes han contribuido a desvelar el papel de otras hormonas en la regulación de la dormición (Arc et al., 2013).

2.2.2.1 Degradación de ABA.

Durante la imbibición de la semilla, los niveles de ABA disminuyen tanto en semillas durmientes como no durmientes (Ali-Rachedi et al., 2004). Sin embargo, después de 3 días de imbibición los niveles de ABA aumentan solo en las semillas durmientes (Ali-Rachedi et al., 2004). Los niveles de ABA disminuyen al final de la maduración y durante la imbibición debido a la acción de genes de la familia CYTOCHROME *P450*, FAMILY 707, SUBFAMILY A, POLYPEPTIDE 1 y 2 (*CYP707A1*

y *CYP707A2*), que codifican ABA 8' hidroxilasas, implicadas en el catabolismo de ABA en semillas (Okamoto et al., 2006; Matakiadis et al., 2009). Los patrones de expresión espaciales y temporales de estos dos genes durante el desarrollo de la semilla y la germinación son distintos, lo que sugiere diferentes papeles para *CYP707A1* y *CYP707A2* en la salida de dormición (Okamoto et al., 2006). *CYP707A1* se expresa en el embrión y tiene un máximo de expresión en silicuas durante la maduración (Kushiro et al., 2004; Okamoto et al., 2006). Sin embargo, *CYP707A2* se expresa en el embrión y en el endospermo (Okamoto et al., 2006). La expresión de *CYP707A2* es inducida en la radícula poco después de la imbibición (6 h), y participa en la degradación de ABA de manera dependiente de fitocromo y de PM (su mRNAs se acumula a niveles altos en las semillas secas) (Okamoto et al., 2006).

La expresión de estos genes *CYP707* está controlada por proteínas que participan en las rutas de señalización de ABA, como ABI4. Esta proteína se une directamente a los promotores de los genes *CYP707A1* y *CYP707A2*, inhibiendo su transcripción. Se ha propuesto que el fenotipo de reducción de la dormición del mutante *abi4* es debido a la acumulación de las enzimas CYP707A1 y CYP707A2, que degradan ABA, promoviendo así la germinación (Shu et al., 2013).

2.2.2.2 Biosíntesis y señalización de GAs.

Las GAs estimulan la germinación en un amplio rango de especies de plantas y tienen un papel esencial y antagónico al del ABA en la regulación de la dormición. El balance entre los niveles de estas dos hormonas y sus respectivos mecanismos de señalización son importantes en la regulación tanto de la inducción como del mantenimiento de la dormición (Finkelstein et al., 2008). Sin embargo, su papel en la liberación de la dormición es controvertido. La acumulación de esta hormona está asociada a la disminución de la dormición y a la germinación, pero la adición de GAs a semillas durmientes de muchas especies, incluidos ecotipos muy durmientes de Arabidopsis, no es suficiente para estimular la germinación (Derkx et al., 1994; Bewley, 1997; Ali-Rachedi, 2004). Se ha propuesto que es necesaria una disminución de los niveles de ABA antes de que las semillas adquieran la capacidad de responder a GA (Jacobsen et al., 2002; Ali-Rachedi, 2004). A pesar de ello, diversas observaciones sustentan la idea que niveles altos de GAs median la disminución de la dormición de semillas de Arabidopsis en respuesta a la imbibición en frío (Yamauchi et al., 2004). Por ejemplo, la estratificación de semillas de Arabidopsis conduce a un aumento de la expresión de enzimas de la biosíntesis de GAs como GA20ox1, GA20ox2 y GA3ox1, y

a una disminución de los niveles de genes del catabolismo de esta hormona como *GA2ox2*, lo que sugiere que las GAs podrían no ser responsables de disparar el proceso de PM, pero sí ser necesarias para la salida de la dormición y la germinación (Yamauchi et al., 2004; Finch-Savage et al., 2007; Finkelstein, 2008).

Durante la imbibición de la semilla se requiere biosíntesis de GAs de novo, y mutantes deficientes en GAs son incapaces de germinar sin la adición exógena de dicha hormona (Koornneef y Van der Veen, 1980). Además, se ha comprobado que determinados factores ambientales pueden inducir la biosíntesis de GAs durante el periodo inicial de la germinación, incrementando el potencial de germinación de la semilla (Bentsink y Koornneef, 2008). Se han propuesto dos papeles para las GAs en la germinación: aumentar el potencial de crecimiento del embrión y debilitar los tejidos que rodean la radícula antes de su emergencia (Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006). El aumento del potencial de crecimiento se consigue con la acumulación de GAs bioactivas, promovida por factores ambientales, sobre todo la luz y el frío (Yamaguchi y Kamiya, 2000; Oh et al., 2004; Liu et al, 2005; Penfield et al.; 2005; Finch-Savage y Leubner-Metzger, 2006), justo antes de la salida de la radícula. Esta acumulación tiene lugar en dos localizaciones separadas dentro del embrión ya que las etapas iniciales de la ruta de biosíntesis de GAs tienen lugar en el tejido provascular, mientras que las etapas finales ocurren en el córtex y la endodermis de la raíz, donde se acumulan los tránscritos de GA3ox1 y GA3ox2 (Ogawa et al., 2003; Finkelstein et al., 2008). Esta biosíntesis de GAs en la radícula estimula la germinación, induciendo enzimas hidrolíticas que debilitan las capas que cubren la semilla, endospermo y testa, provocando la movilización de reservas almacenadas y estimulando la expansión del embrión (Bewley y Black, 1994; Yamaguchi et al. 2001).

Por otra parte, la proteína BLUE MICROPILAR END 3 (BME3) promueve la expresión de *GA3ox1* y *GA20ox3* en el extremo micropilar de la semilla, lo que estimula la rotura de las barreras que rodean al embrión antes de la germinación. De acuerdo con estas observaciones, los mutantes *bme3* presentan un fenotipo de aumento de la dormición (Liu et al, 2005).

La señalización de GAs también es importante para la regulación del potencial de germinación de las semillas de Arabidopsis, como muestran los mutantes afectados en los receptores de GA, GIBBERELLIN INSENSITIVE DWARF1 (GID1), *gid1a, gid1b y gid1c* (Griffiths et al., 2006; Willige et al., 2007) y también en los mutantes *sleepy1* (*sly1*), afectados en una subunidad de un complejo E3 ligasa de ubiquitina que reconoce a las proteínas DELLA para su degradación y que, por tanto, tiene un papel

central en la señalización dependiente de GAs (Stebber et al., 1998). La implicación de los receptores de GAs en este proceso solo se aprecia en el triple mutante gid1, incapaz de germinar, ya que los tres genes GID1 tienen funciones redundantes (Griffith et al., 2006; Willige et al., 2007). Las semillas frescas de sly1 también son altamente durmientes (Ariizumi y Steber, 2007). Las GAs se unen a los receptores GID1 para formar complejos GA-GID1 que se unen posteriormente a las proteínas DELLA (Dill et al., 2001; Griffiths et al., 2006; Nakajima et al., 2006; Willige et al., 2007; Ariizumi et al., 2008; Murase et al., 2008; Shimada et al., 2008). Esta interacción favorece el reconocimiento de las proteínas DELLA por la subunidad F-box SLY1/GID2, que promueve la ubiquitinación y posterior degradación de las proteínas DELLA por el proteasoma 26S (Sun y Gubler, 2004; Thomas y Sun, 2004; Dill et al., 2004; Ariizumi y Steber, 2007; Finkelstein et al., 2008). Como consecuencia se activa la señalización de GA y se impide la síntesis de ABA a través de XERICO (Zentella et al., 2007; Piskurewicz et al., 2008) (Figura 6). Recientemente se ha descrito otro mecanismo de inactivación de las proteínas DELLA en semillas PM. En estas condiciones, es posible la formación del complejo GA-GID-DELLA, sin proteólisis de las DELLA mediada por SLY, bloqueando la transcripción de XERICO y disminuyendo así la acumulación de ABA, además de promoviendo la señalización de GA (Ariizumi et al., 2013).



Germinación

Figura 6. Modelo hipotético para la degradación de las proteínas DELLA y la promoción de germinación. En presencia de GAs, se forma el complejo GA-GIDs-DELLA, que es reconocido por la proteína F-box SLEEPY (SLY), que media la degradación de las proteínas DELLA. De esta manera se impide la síntesis de ABA por XERICO, y se inducen los genes de respuesta a GA para promover la germinación.

Como hemos mencionado anteriormente, entre las cinco proteínas DELLA de Arabidopsis, RGL2 desempeña un papel fundamental en mediar las respuestas a GAs en la semilla, y está implicada en la represión de la germinación (Lee et al., 2002; Piskurewicz et al., 2008; Lee et al., 2010; Stamm et al., 2012). Los niveles de mRNA y de proteína de RGL2 aumentan durante la imbibición, llegando a un pico a las 12h después de la imbibición, y disminuyen rápidamente durante el proceso de la germinación (Lee et al., 2002). Se ha observado que la disminución de la expresión del mRNA de RGL2 ocurre después de la emergencia de la radícula (Bassel et al., 2004), lo que indica la complejidad del control de la germinación mediado por las proteínas DELLA. RGL2 lleva a cabo la represión de la germinación, al menos en parte, estimulando la biosíntesis de ABA, así como la actividad de ABI5 y ABI3; a su vez, la expresión del mRNA de RGL2 es regulada positivamente por ABA (Ko et al., 2006; Zentella et al., 2007; Piskurewicz et al., 2008, 2009), lo que indica que RGL2 tiene un papel en mediar la interacción entre GAs y ABA durante la germinación (Xi et al., 2010). Además se ha observado que RGL2 interacciona directamente con los factores PIL5 (Oh et al., 2009) y PIL2 (Gallego-Bartolomé et al., 2010), lo que sugiere que RGL2 podría estar implicado en la regulación de la germinación mediada por el fitocromo (Stamm et al., 2010).

2.2.2.3 Auxinas.

Las auxinas regulan muchos aspectos del crecimiento y desarrollo de la planta a través del sistema de señalización TRANSPORT INHIBITOR RESPONSE1 (TIR1)/ADDITIONAL F BOX PROTEIN (AFB)-AUX/INDOLE-3-ACETIC ACID (IAA) – AUXIN RESPONSE FACTOR (ARF) (Vanneste y Friml, 2009; Chapman y Estelle, 2009). Recientemente se ha demostrado que las auxinas son necesarias para la dormición de las semillas y para la inhibición de la germinación de las semillas por ABA (Liu et al., 2013). Este papel en el mantenimiento de la dormición de las auxinas se lleva a cabo modulando la expresión de *ABI3*, a través del reclutamiento de los genes *ARF10* y *ARF16* (Liu et al., 2013).

2.2.2.4 Etileno.

La producción de etileno en la semilla comienza desde el inicio de la fase de imbibición. De hecho, la salida de la radícula se ha asociado con la liberación de un pico de etileno (Arc et al., 2013). El etileno promueve la germinación de semillas y regula negativamente la dormición de semillas, antagonizando la acción del ABA

(Beaudoin et al., 2000; Matilla y Matilla-Vázquez, 2008; Linkies y Leubner-Metzger, 2012). Semillas del mutante insensible a etileno ethylene response1 (etr1) muestran un aumento de la dormición e hipersensibilidad a ABA. Este fenotipo está parcialmente causado por niveles más altos de ABA en las semillas de este mutante (Beaudoin et al., 2000; Chiwocha et al., 2005). Mutaciones en los genes ENHANCED RESPONSE (ERA3)/ETHYLENE INSENSITIVE2 ТО ABA3 (*EIN*2) conducen a una sobreacumulación de ABA y a un aumento de la dormición de semillas, sugiriendo que ERA3/EIN2 es un regulador negativo de la síntesis de ABA (Ghassemian et al., 2000). La regulación del antagonismo etileno-ABA durante la dormición y la germinación es poco conocida (Wang et al., 2013). Entre las funciones que el etileno podría desarrollar se encuentran las de promover la expansión radial celular en el hipocotilo embrionario, disminuir el potencial hídrico de la semillas y favorecer la respiración de la semilla o la actividad de las hidrolasas de la pared celular en el endospermo (Kucera et al., 2005; Matilla y Matilla-Vázquez, 2008, Linkies et al., 2009).

2.2.3 El óxido nítrico (NO) funciona como molécula señalizadora en la liberación de la dormición de semillas.

El óxido nítrico (NO) es un compuesto gaseoso que desempeña diversas funciones en el desarrollo de plantas. Entre ellas, está implicado en la liberación de la dormición de semillas de diversas especies, incluida Arabidopsis, y se ha propuesto que el NO sería un regulador endógeno de este proceso (Bewley y Black, 1994; Beligni y Lamattina, 2000; Sarath et al., 2006; Bethke et al., 2007). De acuerdo con estas observaciones, el cPTIO (carboxy-2-phenyl-4,4,5-tetramethylimidazole-1-oxyl 3-oxide), un secuestrador de NO, impide la eliminación de la dormición (Bethke et al., 2006), lo que es consistente con un papel de esta molécula en la modulación de la dormición (Bethke et al., 2004; Sírová et al., 2011).

Se ha observado que el NO promueve la expresión de *CYP707A2*, un gen que como hemos descrito, participa en la degradación de ABA (Liu et al., 2009; Arc et al., 2013). En semillas embebidas de Arabidopsis, el principal tejido diana del NO es el endospermo (Sarath et al., 2006; Bethke et al., 2007), donde se acumularía durante la primera etapa de la imbibición de la semilla, para romper la dormición mediante el catabolismo de ABA (Liu et al., 2009; Arc et al., 2013). Asimismo, el NO podría actuar disminuyendo la sensibilidad a ABA de semillas embebidas (Bethke et al., 2006).

2.2.4. Papel regulador de ROS en la germinación y dormición de semillas.

Las ROS también han sido propuestas como elementos con un papel regulador en la germinación y dormición de semillas (Bailly, 2004; Oracz et al., 2007; Bailly et al., 2008; El-Maarouf-Bouteau y Bailly, 2008; El-Maarouf-Bouteau et al., 2013). Recientemente se ha propuesto que ROS podría coordinar la reducción de la dormición impuesta por ABA con la activación de la germinación estimulada por GA (Liu et al., 2010). Más concretamente, el peróxido de hidrógeno (H_2O_2) exógeno parece promover el catabolismo de ABA y la biosíntesis de GA durante la imbibición de la semilla. Como en el caso del NO, el H_2O_2 media la expresión de genes *CYP707A*, pero el primero no tiene ningún efecto sobre la estimulación de la biosíntesis de GAs, por lo que se ha propuesto que el NO puede actuar aguas abajo de H_2O_2 para aumentar el catabolismo ABA (Arc et al., 2013) (Figura 7). *In vivo*, tanto H_2O_2 como NO se acumulan rápidamente en la imbibición y preceden a la inducción de catabolismo de ABA / biosíntesis de GAs (Liu et al., 2010; Arc et al., 2013).



Figura 7. Modelo hipotético del efecto de ROS y de NO en la salida de la dormición de semillas de Arabidopsis. La salida de la dormición está favorecida por el efecto de ROS y NO. Ambos promueven el catabolismo de ABA, mientras que ROS además promueve la síntesis de GA.

3. Regulación de la dormición por factores ambientales y el reloj circadiano.

Como se ha mencionado con anterioridad, determinadas señales ambientales contribuyen a eliminar la dormición y promueven la germinación regulando los niveles de hormonas, fundamentalmente ABA y GAs (Oh et al., 2004; Penfield et al., 2005; Nambara et al., 2010; Cho et al., 2012; Park et al., 2012; Lim et al., 2013). Las condiciones medioambientales de luz, temperatura, humedad, nitrato, etc. en las que

se encuentran las plantas durante el proceso de maduración de las semillas influyen de manera decisiva en el nivel de dormición que estas alcanzan (Donohue, 2008; Chiang, 2009). Asimismo, una vez que la semilla se libera de la planta madre, el nivel de dormición de las semillas se ve afectado por factores medioambientales tales como la temperatura del suelo, la luz y la humedad (Footitt et al., 2011; Graeber et al., 2012; Footitt et al., 2013). Esta capacidad de las semillas para modular el nivel de dormición en respuesta a factores ambientales permite inducir la germinación en condiciones ambientales óptimas para el establecimiento de la plántula y el éxito reproductivo.

3.1 Efecto de la temperatura en la dormición de la semilla.

La temperatura es uno de las principales factores ambientales que regulan la dormición primaria, modulando los niveles de ABA y GAs en las semillas. Como se ha mencionado anteriormente, los tratamientos de frío estimulan la biosíntesis de GA en la semilla de Arabidopsis (Yamauchi et al., 2004), induciendo la expresión de los genes *GA3ox1* y *GA3ox2*, y por tanto, la germinación. Las bajas temperaturas inducen un cambio espacial en el patrón de expresión de *Ga3ox1*, ya que además de encontrarse en la radícula, pasa a acumularse en el endospermo micropilar (Yamauchi et al., 2004). Además la estratificación por frío induce la bajada de los niveles de ABA, y afecta la expresión transcripcional de varios componentes de la señalización de esta hormona, incluyendo *PYL6*, *ABI4*, *ABI5*, así como varias *PP2C* y *SnRK2s* (Graeber et al., 2012).

Además de los niveles de hormonas, la temperatura actúa modulando la expresión de *DOG1* (Chiang et al. 2011; Footitt et al. 2011; Kendall et al. 2011; Graeber et al., 2012). *DOG1* codifica una proteína de función desconocida y fue identificado como el primer Quantitative Trait Loci (QTL) de dormición de semillas clonado en Arabidopsis (Bentsink et al., 2006). El mutante *dog1* de Arabidopsis muestra una reducción de la dormición sin otros defectos pleiotrópicos, lo que sugiere que *DOG1* es un regulador clave específico para la inducción de la dormición (Sugimoto et al., 2010; Graeber et al., 2010). Además, *DOG1* está conservado en otras especies de plantas (Graeber et al., 2013). Este gen se expresa principalmente en el tejido vascular del embrión y los niveles de su tránscrito disminuyen rápidamente durante la imbibición (Nakabayashi et al., 2012, Graeber et al., 2013). La proteína DOG1 se acumula durante la maduración de la semilla (Nakabayashi et al., 2012; Footitt et al., 2013), y está implicada en el establecimiento de la dormición primaria (Vaistij et al., 2013). Se ha propuesto que *DOG1* tiene un papel importante en

transmitir la señal de temperatura de maduración de las semillas a niveles de dormición (Chiang et al., 2011; Footitt et al., 2011; Kendall et al., 2011; Nakabayashi et al., 2012). Así, cuanto más baja es la temperatura de maduración, mayores niveles de dormición alcanza la semilla, lo que además está correlacionado con un aumento de los niveles de la proteína DOG1 (Nakabayashi et al., 2012).

Además, la expresión de DOG1 está correlacionada negativamente con la temperatura del suelo, por lo que este gen podría actuar como parte de un mecanismo de detección térmica para influenciar el nivel de dormición, alterando la sensibilidad a ABA, y podría mediar las respuestas lentas estacionales (Footitt et al., 2011, 2013). Así, DOG1 podría actuar como un temporizador, ya que la cantidad de proteína DOG1 en semillas frescas está altamente correlacionada con el tiempo de PM necesario para romper la dormición (Nakabayashi et al., 2012; Footitt et al., 2013). Se ha demostrado que la dormición en respuesta a bajas temperaturas está asociada con aumentos en la expresión de AtGA20x6, un proceso mediado por DOG1 (Kendall et al., 2011). Este aumento de GA20x6, que reduce el nivel de GA bioactivo, ya se había descrito por su papel en la inhibición mediada por ABA de la biosíntesis de GAs en semillas en desarrollo (Gutiérrez et al., 2007). Los genes C-REPEAT BINDING FACTOR (CBF) son necesarios para la regulación de la dormición causada por bajas temperaturas de maduración de la semilla y el control de la expresión de DOG1 y GA2OX6 en respuesta a bajas temperaturas (Kendall et al., 2011). Por otra parte, diferentes trabajos publicados han propuesto que la expresión de DOG1 está regulada por ABA o factores de señalización de ABA (Graeber et al., 2010), y por GAs (Gutiérrez et al., 2007; Zheng et al., 2011). Sin embargo, datos genéticos muestran que DOG1 funciona de manera independiente de ABA, aunque la presencia de DOG1 y de ABA sea necesaria para la dormición de la semilla (Nakabayashi et al., 2012; Vaistij et al., 2013). Niveles altos de ABA no conducen a la dormición en ausencia de DOG1, como muestran semillas del doble mutante dog1-2 cyp707a2-1. Asimismo, los altos niveles de DOG1 no pueden compensar la ausencia de dormición en el mutante aba1 (Nakabayashi et al., 2012). Además el aumento de la dormición debido a temperaturas frías en la maduración no solo está correlacionado con el aumento de expresión de DOG1, sino también con la disminución de CYP707A2 (Kendall et al., 2011; Arc et al., 2013). Por tanto, es posible que DOG1 actúe en paralelo a la señalización de ABA, de manera independiente, aunque indirectamente regule el nivel de ABA (Footitt et al., 2011; Nakabayashi et al., 2012).

Al igual que ocurre con *DOG1*, la expresión de *MOTHER OF FT AND TFL1* (*MFT*) está altamente correlacionada con el ciclo de dormición en ecotipos durmientes

de Arabidopsis en respuesta a la temperatura (Footitt et al., 2013). En el caso del homólogo de *MFT* de trigo, su expresión aumenta durante el invierno, por lo que podría actuar como parte de un mecanismo de detección térmica para influenciar el nivel de dormición, alterando la sensibilidad a ABA (Nakamura et al., 2011). Por lo tanto, *MFT* podría transmitir las señales de la temperatura a una cascada de señalización para regular la profundidad de la dormición de la semilla (Nakamura et al., 2011). MFT pertenece a la familia de proteínas PHOSPHATIDYLETHANOLAMINE-BINDING PROTEIN (PEBP), junto a FT y TFL1, los cuales tienen papeles antagónicos en el control de la floración (Kobayashi et al., 1999). Por otro lado, recientemente se ha demostrado que MFT promueve la dormición primaria en semillas frescas de Arabidopsis y la germinación en semillas PM (Vaistij et al., 2013). Los mutantes *mft-2* muestran menor dormición que las semillas de tipo silvestre, y sus semillas, después de un tiempo de almacenamiento, son hipersensibles a ABA, por lo que *MFT* promueve la dormición de las semillas y la germinación en semillas almacenadas con ABA exógeno (Vaistij et al., 2013).

Otra de las proteínas que media la respuesta de dormición a las bajas temperaturas es SPATULA (SPT), que media la represión de la germinación de semillas frescas en respuesta al frío (Penfield et al., 2005). El mutante spt-10, descrito inicialmente como un alelo de pérdida de función de SPT, muestra una reducción de la dormición en condiciones de luz sin estratificación. En base a estas observaciones se propuso que SPT reprimiría la germinación de semillas frescas en respuesta a luz y frío, y actuaría inhibiendo la expresión de GA3ox1 y GA3ox2 durante la imbibición (Penfield et al., 2005). Sin embargo, estudios recientes sobre la función de SPT en diferentes ecotipos de Arabidopsis han revelado que este factor de transcripción tiene efectos opuestos en la germinación de distintas accesiones. En fondo genético Ler, SPT funciona como un represor de la dormición, mientras que en fondo Col, la promueve (Vaistij et al., 2013). Estos datos contrastan con las observaciones previas descritas en Penfield et al., 2005, donde se muestra un fenotipo de reducción de la dormición en mutantes spt-10 en fondo Ler. Resultados recientes muestran que este comportamiento del mutante spt-10 es debido a un aumento de la expresión de SPT en este alelo mutante (Vaistij et al., 2013), lo que confirma que spt-10 no sería un alelo de pérdida de función. Se ha descrito que SPT regula rutas antagónicas en el control de la dormición primaria, y que ambas funcionarían en ambas accesiones, aunque con resultados opuestos sobre este proceso de desarrollo. Así, SPT promueve la expresión de ABI5 y RGL3 pero también reprime la expresión de ABI4, RGA y MFT, aunque solo RGA, ABI5 y RGL3 serían dianas directas de SPT.

Según el modelo propuesto, en fondo genético L*er*, los altos niveles de expresión de *ABI4*, *RGA* y *MFT* en el mutante *spt* anularían el efecto de la disminución en la expresión de *ABI5* y *RGL3*. Por el contario, en fondo Col, la baja expresión de estos últimos genes en los mutantes *spt* dominaría sobre la sobreexpresión de *MFT* y *ABI4* (Vaistij et al., 2013). Estos resultados ponen de manifiesto la complejidad de las interacciones génicas que controlan la dormición de la semilla.

3. 2 Efecto de la luz en la regulación de la dormición.

La luz es otro factor medioambiental que modula la dormición de las semillas (Hennig et al., 2002; Penfield et al., 2005; Oh et al., 2004, 2006, 2009; Donohue et al., 2008; Piskurewicz et al., 2009), y de hecho se ha propuesto que los mecanismos moleculares que median la respuesta de dormición a temperatura y luz están íntimamente relacionados (Penfield et al., 2005). Las longitudes de onda más efectivas para promover la salida de dormición de semillas son las que se encuentran en la zona del espectro de luz roja, percibida a través de la acción de los fitocromos, principalmente PHYB (Shinomura et al., 1994). La activación de PHYB por la luz durante la germinación hace disminuir el nivel de ABA en las semillas, debido a que se reprimen genes de biosíntesis de esta hormona (ABA1, NCED6 y NCED9), mientras que se inducen los de catabolismo de ABA (CYP707s) (Kim et al., 2008; Oh et al; 2008). Además, la activación de PHYB por la luz afecta al nivel de GAs y de la capacidad de respuesta a esta hormona en la semilla (Seo et al., 2009; Toyomasu et al., 1998). Genes de biosíntesis de GAs como Ga3ox1 y Ga3ox2 se activan en la semilla en respuesta a la luz, mientras que se reprimen genes de degradación de formas activas de GAs, como Ga2ox2 (Yamauchi et al., 2007). Además de este efecto sobre la germinación, la luz parece influir también sobre la inducción de la dormición de semillas. La proporción de luz roja/luz roja lejana (R/FR) experimentada por la planta madre durante la maduración afecta al comportamiento de germinación de las semillas maduras (Bentsink y Koornneef, 2008). Además, se ha propuesto que las rutas mediadas por fitocromo se requieren para la salida de la dormición inducida por frío en la planta madre (Donohue et al., 2007).

Un componente de la señalización de la luz en semillas es PIL5, una proteína de tipo bHLH que inhibe la germinación, reprimiendo la expresión de los genes *GA3ox1* y *GA3ox2*, e induciendo la expresión de *GA2ox2* durante la imbibición en oscuridad (Oh et al, 2006). Asimismo, PIL5 está también implicado en la regulación de la dormición reprimiendo la germinación de semillas frescas de Arabidopsis en

oscuridad, así como la expresión de los enzimas de biosíntesis de GAs GA3ox1 y 2 (Penfield et al, 2005). Durante el proceso de germinación, cuando el fitocromo es activado por la luz, la forma activa de PHYB interacciona en el núcleo con PIL5 y favorece la degradación de esta proteína fosforilada mediante el proteosoma 26S (Oh et al., 2006). Además, PIL5 actúa activando también la expresión de los genes que codifican las proteínas DELLA, GAI y RGA (Oh et al., 2007), por lo que este factor de transcripción modula a varios niveles las rutas de biosíntesis y degradación, así como las de señalización de GAs en la semilla. PIL5, junto con ABI3, activa la expresión de *SOMNUS* (*SOM*), otro represor de la germinación, uniéndose directamente a su promotor (Kim et al., 2008). Los mutantes *som* son capaces de germinar en oscuridad, y se ha propuesto que PIL5 regula los genes de metabolismo de GA y ABA, en parte a través de *SOM* (Cho et al., 2012). Se ha propuesto que la ruta regulada por el nodo PHYB-PIL5-SOM, que actúa modulando la organización de cromatina en los genes GA3ox, podría ser el principal controlador de la germinación dependiente de la luz (Cho et al., 2012).

La represión de *GA3ox1* por PIL5 está también mediada por la proteína DOF AFFECTING GERMINATION 1 (DAG1), que actúa aguas abajo de PIL5 y se une directamente al promotor de *GA3ox1* (Gabriele et al., 2010). Los factores de transcripción de tipo DOF (DNA-BINDING WITH ONE ZINC FINGER) DAG1 y DAG2, que contienen un dedo de Zinc, se expresan exclusivamente en el tejido vascular de la planta madre, y tienen efectos contrapuestos sobre el potencial de germinación (Papi et al., 2000; Gualberti et al., 2002). El análisis de dobles mutantes muestra que *DAG1* activa genes maternos que promueven la dormición, mientras que *DAG2* reprime esta acción. Se ha propuesto que sus dianas podrían modificar características del embrión y de los tejidos que lo rodean, y que su expresión podría estar regulada por el ambiente, regulando la sensibilidad de la semilla a señales que inducen la germinación, como la luz o las GAs (Finkelstein et al, 2008) (Figura 8).

Otro miembro de la familia de factores de transcripción bHLH que se ha implicado en la regulación de la dormición de la semilla es PIF6. El gen *PIF6* se expresa a niveles altos durante el desarrollo de la semilla y su mensajero está sometido a maduración alternativa. La pérdida de función de *PIF6* ocasiona un aumento de la dormición primaria y la sobreexpresión de una de las variantes del mensajero produce una reducción de la dormición, lo que sugiere que este factor de transcripción está implicado en la regulación de este proceso (Penfield et al., 2010).



Figura 8. Regulación de los niveles de ABA y GA en semilla a través de PIL5. La proteína PIL5 se une al promotor de *SOM*, a las proteínas DELLA RGA y GAI y regula la expresión de DAG1. SOM activa la síntesis y señalización de ABA a través de *NCED6*, *NCED9* y *ABA1*, la degradación de GA a través de Ga2ox2, y además reprime la síntesis de GA e inhibe el catabolismo de ABA a través de *CYP707A2*. Por su parte, DAG1 reprime la síntesis de GA a través de *Ga3ox1*. Por último, PIL5 reprime la señalización de Ias GA y promueve la síntesis de ABA a través de RGA y GAI, tal y como se indica en la Figura 5.

3.3 Efecto de los compuestos nitrogenados en la inducción de la dormición.

Los compuestos nitrogenados, como nitrato o nitrito, también promueven la eliminación de la dormición en semillas embebidas, y se ha propuesto que probablemente este efecto se produzca a través de la producción de NO (Bethke et al., 2004, 2006; Arc et al., 2013). Se ha comprobado que el nitrato puede modificar los niveles de ABA en la semilla, tanto por nitrato exógeno, aportado en la imbibición, como endógeno, aportado por la planta madre (Ali-Rachedi et al., 2004; Matakiadis et al., 2009). De acuerdo con esto, se ha demostrado una relación positiva entre el nitrato y la expresión de enzimas que catalizan la degradación de ABA, como CYP707A2 (Matakiadis et al., 2009). Además del efecto del nitrato en el metabolismo de ABA, el nitrato parece actuar disminuyendo la sensibilidad a ABA, y aumentando la biosíntesis de GA (*GA3ox1*), o incrementando su señalización (Bethke et al., 2006; Finkelstein et al., 2008; Matakiadis et al., 2009).

3.4 La participación del reloj circadiano en mediar el efecto de factores ambientales en el control de la dormición.

El reloj circadiano es un mecanismo celular endógeno de medida del tiempo que proporciona una ventaja adaptativa a los organismos, ya que les permite anticipar cambios diarios o estacionales y sincronizar con ellos determinados procesos

biológicos. Por tanto, la función del reloj circadiano es esencial para modular la respuesta de las plantas al ambiente (Dodd et al., 2005). De hecho, determinados factores ambientales como la luz y la temperatura afectan al sistema circadiano para "poner en hora" el mecanismo del oscilador central. El modelo actual del reloj circadiano comprende una serie de bucles de retroalimentación positiva y negativa entre proteínas que se expresan a distintas horas del día (Penfield y Hall., 2009).

Se ha demostrado que la capacidad de promover la germinación por un pulso de luz roja lejana varía durante un periodo de 24h, sugiriendo la participación del reloj circadiano en el programa de germinación (Oliverio et al., 2007). Además, mutantes que afectan a genes que codifican componentes centrales del reloj como *GIGANTEA* (*GI*), *LATE ELONGATED HYPOCOTYL* (*LHY*) y *CIRCADIAN CLOCK ASSOCIATED 1* (*CCA1*) muestran alteraciones en la dormición de las semillas (Penfield y Hall., 2009). También se ha demostrado que los genes del reloj son esenciales para la regulación de la transcripción de enzimas necesarios para el metabolismo de GAs y ABA en semillas (Penfield y Hall., 2009). Puesto que el mecanismo del oscilador circadiano se sincroniza con factores ambientales como la luz, la temperatura, o la accesibilidad de compuestos de nitrato (McClung, 2006; Gutierrez et al., 2008), y tiene un papel en la regulación transcripcional del metabolismo de hormonas y de respuesta a éstas (Covington et al., 2008; Michael et al., 2008), es posible que el reloj circadiano sea responsable de transmitir las señales que regulan los mecanismos que controlan la dormición (Penfield y Hall., 2009).

4. Control de la dormición por la modificación de la cromatina.

El desarrollo de las plantas, al igual que el de otros organismos multicelulares, está controlado por patrones de expresión génica finamente regulados tanto espacial como temporalmente. Sin embargo, a diferencia de los organismos animales en los que la formación de órganos tiene lugar durante el desarrollo embrionario, en las plantas los procesos de organogénesis y diferenciación continúan a lo largo de todo su ciclo de vida, durante el cual atraviesan diversas fases de desarrollo. Cada una de estas etapas se caracteriza por presentar patrones de diferenciación celular específicos. Además, las plantas son capaces de modular su desarrollo en respuesta a condiciones medioambientales, y esta plasticidad les proporciona una gran ventaja adaptativa. Diferentes trabajos han puesto de manifiesto el papel central que desempeñan los procesos de remodelación de la cromatina en el establecimiento y mantenimiento de los patrones de expresión génica que gobiernan el desarrollo de las

plantas y además, que la organización de la cromatina proporciona un mecanismo que asegura la estabilidad de patrones de expresión a lo largo de las divisiones mitóticas que tienen lugar en una línea celular.

La cromatina es una estructura extremadamente dinámica y heterogénea, y la modulación de su funcionamiento implica diferentes procesos bioquímicos que modifican su organización, cambiando su accesibilidad a enzimas y factores de transcripción (Aalfs y Kingston, 2000). Estas modificaciones resultan en cambios en los niveles de expresión de genes subyacentes en respuesta a señales del desarrollo o a factores ambientales que acaban modulando procesos biológicos de diversa índole. Se han descrito diversos tipos de factores implicados en la reorganización de la cromatina y que participan en la regulación de procesos de desarrollo en plantas (Goodrich y Tweedie, 2002). Entre ellos se incluyen: 1) chaperonas de histonas, asociadas frecuentemente a la maguinaria de replicación del DNA y que participan en el ensamblaje de histonas impidiendo su agregación y facilitando la interacción de nucleosomas con otros factores; 2) enzimas remodeladoras de cromatina dependientes de hidrólisis de ATP, que modifican la interacción del octámero de histonas con el DNA facilitando el desplazamiento de nucleosomas con respecto al DNA; 3) enzimas que modifican el DNA metilando residuos de citosina, fenómeno que se ha asociado al silenciamiento génico y a procesos de imprinting; 4) complejos proteicos que modifican covalentemente los extremos de las histonas, añadiendo o eliminando grupos acetilo, metilo o fosfato, o péptidos como ubiquitina o SUMO, y que conjuntamente establecen un código (el llamado código de histonas) que refleja el estado transcripcional en el que se encuentra un locus determinado o una región del genoma. Diferentes modificaciones de histonas pueden a su vez depender de otras, si bien estas interacciones permanecen aún poco conocidas (Liu et al., 2011).

La naturaleza y la posición de las modificaciones de las histonas son cruciales para determinar el estado transcripcional de los genes, y mientras que algunas de ellas están típicamente asociadas con conformaciones transcripcionalmente activas, otras en cambio están asociadas con la represión de la expresión génica (Schmitz y Amasino, 2007). Generalmente, la hiperacetilación de las colas de histonas H3 y H4 está relacionada con la activación de la expresión de genes, mientras que la hipoacetilación de las mismas está asociada con la represión y el silenciamiento (Courey y Jia, 2001; lizuka y Smith, 2003; He y Lehming, 2003). Sin embargo, la metilación de histonas puede estar asociada a ambos estados (Loidl, 2004; Tariq y Paszkowski, 2004): la trimetilación de H3 en los residuos de lisina 4 (K4), K36 y K79 está correlacionada con transcripción activa, mientras que la metilación de K9 y K27

de la histona H3, así como de K20 en H4 son marcas asociadas a cromatina silenciada (Fischle et al., 2003). La presencia de estas modificaciones en las histonas no es suficiente para provocar cambios en los niveles de expresión génica, sino que es necesaria la participación de proteínas efectoras que son capaces de reconocer específicamente dichas modificaciones y reclutar otros complejos para traducir el código de histonas de una región discreta de cromatina en patrones de expresión génica (Thorstensen et al., 2011). Desvelar el papel de estas proteínas efectoras será esencial para comprender cómo los mecanismos de modulación de la estructura de la cromatina controlan el desarrollo en plantas. Todos los mecanismos descritos anteriormente pueden interaccionar y actuar de forma orquestada para definir el estado de actividad transcripcional de la cromatina.

En Arabidopsis se han identificado un gran número de proteínas implicadas en distintas actividades relacionadas con procesos de reorganización de la cromatina, muchas de las cuales están relacionadas con la regulación de procesos de desarrollo (Farrona et al., 2008; Jarillo et al., 2009; Graeber et al., 2012). En esta sección se discuten aquellas que tienen un impacto sobre la regulación de la dormición de semillas.

Las semillas secas representan un estado en el que la transcripción activa es muy baja o está ausente, aunque se ha demostrado que varios genes específicos de la maduración permanecen transcripcionalmente competentes en semillas secas (Comai v Harada, 1990; Zanten et al., 2011). Se ha propuesto que el nivel de compactación de la cromatina en el núcleo celular podría contribuir a la regulación de la expresión génica al modificar la accesibilidad del DNA para la maquinaria de transcripción (Tessadori et al., 2004; Fransz y Jong, 2011). Además del aumento de la condensación de la cromatina, se ha comprobado que durante la maduración de la semilla en Arabidopsis se produce una reducción en el tamaño del núcleo de los cotiledones embrionarios (Zanten et al., 2011). Sin embargo, la inducción de la dormición es independiente de la compactación de la cromatina y de la reducción del tamaño del núcleo durante la maduración, y se ha propuesto que esta reducción podría formar parte del mecanismo que establece la tolerancia a la desecación en la semilla (Zanten et al., 2011). Estas características se revierten durante la germinación (Zanten et al., 2011), que puede ocurrir sin transcripción activa, aunque requiere traducción probablemente a partir de mRNAs almacenados en la semilla (Rajjou et al., 2004).

4.1 Efecto de modificaciones de la cromatina que facilitan la transcripción sobre la dormición de la semilla.

Diversos estudios genéticos y bioquímicos han revelado factores de remodelación de la cromatina que son necesarios para una correcta regulación de la dormición de la germinación. Un ejemplo es factor HISTONE ٧ el MONOUBIQUITINATION 1/REDUCED DORMANCY 4 (HUB1/RDO4), que fue identificado inicialmente por la reducción de la dormición que mostraron los mutantes hub1/rdo4 (Liu et al., 2007). HUB1 codifica una proteína nuclear necesaria para la monoubiquitinación de la histona H2B (H2Bub1), una marca de la cromatina asociada con transcripción activa (Sun y Allis, 2002; Kim et al., 2005; Zhu et al., 2005; Weake y Workman, 2008). En levaduras, RAD6, un enzima E2 ligasa de ubiquitina, y Bre1, un enzima tipo E3 ligasa de ubiguitina, son responsables de la monoubiguitinación de H2B. En Arabidopsis existen dos homólogos de Bre1: HUB1 y HUB2 (Liu et al., 2007), y tres homólogos de Rad6: UBC1, UBC2 y UBC3 (Kraft et al., 2005; Xu et al., 2009). La monoubiquitinación de H2B se produce en el residuo K146 de su extremo C terminal (Cao et al., 2008).

Para llevar a cabo la monoubiguitinación de la histona H2B, las proteínas HUB1 y HUB2 forman un heterotetrámero formado por dos moléculas de HUB1 y dos moléculas de HUB2. Este complejo recluta a las proteínas UBC1/UBC2, con funciones redundantes, hacia la cromatina de los genes diana para transferir la ubiquitina de UBC1/UBC2 a H2B (Zhu et al., 2005; Cao et al., 2008). La monoubiquitinación de H2B se ha descrito como un prerrequisito para que tenga lugar la metilación de la histona H3 en los residuos K4, K36 y K79 (Dover et al., 2002; Sun y Allis, 2002; Wood et al., 2003; Zhu et al., 2005; Liu et al., 2007; Cao et al., 2008). H2Bub1 es una marca necesaria para la iniciación y los primeros pasos de la transcripción, mientras que la deubiquitinación de H2B es importante para la elongación transcripcional (Liu et al., 2011). Se ha propuesto que podrían producirse muchas rondas de monoubiquitinación y deubiquitinación durante la elongación transcripcional (Cao et al., 2008). La deubiquitinación de H2B es llevada a cabo por UBP26/SUP32, una proteasa específica de ubiquitina (Sridhar et al., 2007). Se ha descrito que los mutantes ubp26 muestran un incremento considerable de la monoubiquitinación de H2B (Sridhar et al., 2007), así como un aumento en la dormición de semillas (Zheng et al., 2011). Al igual que el mutante hub1, el triple mutante ubc1 ubc2 ubc3 también muestra un fenotipo de dormición reducida (Liu et al., 2007). La pérdida de función de HUB1 causa una disminución de la expresión de genes relacionados con el metabolismo y la respuesta a ABA como NCED9, ABI4 y CYP707A2 en semillas, así como una disminución en los

niveles de ABA (Liu et al., 2007), lo cual podría explicar, al menos parcialmente, el fenotipo de reducción de dormición observado en estos mutantes (Wang et al., 2013). Además, los mutantes *hub1* también muestran una reducción en la expresión de otros genes relacionados con la dormición como *DOG1*, *ATS2* y *PER1* (Liu et al., 2007). Si bien HUB1 y HUB2 participan en los mismos procesos en la planta, no tienen funciones redundantes (Liu et al., 2007). En Arabidopsis, se ha descrito también un papel para las proteínas HUB en la regulación de la cromatina de *FLC* y en el control de la floración (Cao et al., 2008). Así, los mutantes *hub1* y *hub2* presentan floración temprana, al inhibir la expresión de *FLC*, que actúa como un represor del inicio de la floración (Cao et al., 2008).

Recientemente, la caracterización molecular de otro mutante con dormición reducida, rdo2, permitió la identificación de otro gen implicado en la regulación de la dormición en Arabidopsis. RDO2 codifica el factor de elongación de la transcripción S-II (TFIIS) (Liu et al., 2011). En levaduras, los homólogos tanto de HUB como de TFIIS interaccionan con el RNA POLYMERASE II-ASSOCIATED FACTOR 1 COMPLEX (PAF1-C), para estimular la elongación transcripcional (Pavri et al., 2006; Lee et al., 2007; Weake v Workman, 2008). En Arabidopsis también se ha descrito la interacción entre HUB1/HUB2 con miembros del complejo PAF1 en el control de la floración (Cao et al., 2008). De hecho, se ha observado que varios mutantes de subunidades de PAF1-C como vernalization independence 4 (vip4), vip5, early flowering 7 (elf7) y elf8 muestran también reducción de la dormición así como alteraciones en la expresión de genes como DOG1 y genes relacionados con el metabolismo de ABA, que podrían mediar el defecto en dormición observado en estos mutantes (Liu et al., 2011). Además, estudios recientes muestran que la reducción de la dormición de rdo2 está causada por la disminución de la expresión de DOG1 (Liu et al., 2011; Mortensen y Grasser, 2013). Estas observaciones sugieren que DOG1 es una diana de estos tres remodeladores de la cromatina, que podrían ser necesarios para el mantenimiento de la dormición por DOG1. El PAF1-C por sí mismo no posee capacidad de modificar histonas, pero es posible que actúe de plataforma para el acoplamiento de enzimas modificadoras de histonas durante la activación transcripcional y la elongación (He, 2012). En el caso de la monoubiquitinación de H2B, se ha propuesto que PAF1-C reclutaría a UBC1/2 y a HUB1/HUB2 (Berr et al., 2011; Thorstensen et al., 2011). La dormición reducida observada en los mutantes del complejo PAF1 y el aumento de la expresión de sus componentes que tiene lugar al final de la maduración de la semilla han llevado a proponer que podrían ser importantes en esta fase, posiblemente contrarrestando los efectos negativos de la desecación de la semilla sobre la

expresión de genes (Liu et al., 2011). Es posible que factores asociados con el PAF1-C representen un mecanismo general para mantener la expresión de genes en núcleos deshidratados, con tamaño reducido y cromatina altamente compactada (Zanten et al., 2011).

4.2 Papel de la Metilación/Demetilación de histonas en la dormición de semillas.

Los niveles de metilación de residuos de K específicos de la histona H3 mediada por histonas metiltransferasas (HMTs) también parecen tener un papel central en modular los niveles de dormición de la semilla en Arabidopsis. En concreto, se ha demostrado que mutantes del gen ARABIDOPSIS TRITHORAX-RELATED 7 (ATXR7)/SET DOMAIN GROUP 25 (SDG25) muestran una reducción de la dormición de sus semillas (Liu et al., 2011), además de otras alteraciones del desarrollo. ATXR7 forma parte del grupo de proteínas de la familia Trithorax (TrxG), que actúan antagonizando la función de proteínas del Grupo Polycomb (PcG). La familia Trx está constituida en Arabidopsis por doce miembros, siete de los cuales, ATX1/SDG27, ATXR3, ATXR7, SDG4/ASHR3, SDG8/ASHH2/EFS/CCR1 y ATX2/SDG30, SDG26/ASHH1, se han implicado en una o más funciones biológicas, metilando uno o más residuos de K de la histona H3, aunque solo algunas de ellas parecen tener un papel en el control de la dormición de semillas. La proteína ATXR7 media principalmente la mono-, di- y tri- metilación de H3K4 (Tamada et al., 2009). Se ha propuesto que ATXR7 podría ser un ortólogo de la HMT de levadura Set1 en Arabidopsis (Tamada et al., 2009).

ATX1/SDG27 también está implicado en la deposición de mono-, di- y trimetilación de H3K4 (Alvarez-Venegas et al., 2003; Tamada et al., 2009), y los mutantes *atx1* presentan alteraciones pleiotrópicas del fenotipo, entre las que se encuentra una reducción en el tiempo de floración (Alvarez-Venegas et al., 2003, Tamada et al., 2009). ATX2/SDG30 media la dimetilación de H3K4, pero sus mutantes no presentan defectos fenotípicos visibles (Saleh et al., 2008). Sin embargo el doble mutante *atx1 atx2* muestra mayor reducción en el tiempo de floración que *atx1*, indicando que sus actividades podrían ser redundantes, al menos en el control de la floración (Saleh et al., 2008; Pien et al, 2008).

El complejo PAF1 podría estar relacionado con la función de estas HMT ya que recluta a UBC1/2 y a HUB1/HUB2 para la deposición de H2Bub1, y posteriormente a ATX1 y a ATXR7 para la deposición de la H3K4me3 y el inicio de la transcripción de sus genes diana (Berr et al., 2011; Thorstensen et al., 2011).

SDG8/ASHH2/EFS/CCR1 (SET DOMAIN GROUP8/ASH1 HOMOLOG 2/ FLOWERING EARLY IN SHORT DAYS/CAROTENOID CHLOROPLAST REGULATORY 1) se ha propuesto como la principal metiltransferasa de H3K36, y es necesaria para la deposición de las marcas H3K36me2 y H3K36me3 en la cromatina (Kim et al., 2005; Zhao et al., 2005; Xu et al., 2008). El domino SET de SDG8 tiene una estructura similar a Set2, la HMT que metila H3K36 en levaduras (Baumbusch et al., 2001), por lo que podría ser su homólogo en Arabidopsis. Los mutantes sdg8 de Arabidopsis muestran una reducción en los niveles de H3K36me2 y H3K36me3 en sus genes diana. Igualmente se ha propuesto que SDG8 podría mediar la deposición de H3K4me1, H3K4me2 y H3K4me3 (Ko et al., 2010; Hoppmann et al., 2011). Se ha descrito que los mutantes sdg8 muestran un fenotipo de reducción en la dormición de las semillas, además de una aceleración de la floración (Zhao et al., 2005; Berr et al., 2010; Bassel et al., 2011). SDG8 se identificó como un regulador de transición del estado durmiente de la semilla a la germinación (Bassel et al., 2011). No se conocen las dianas de SDG8 en dormición, pero se ha especulado que un gen candidato podría ser FLC, ya que SDG8 regula la expresión de FLC, al menos en el control del tiempo de floración, y FLC participa en la regulación de la germinación (Kim et al., 2005; Chiang et al., 2009). Sin embargo, hasta el momento no se han encontrado defectos en los niveles de dormición en las semillas de mutantes flc (Liu et al, 2011, este trabajo).

KRYPTONITE/SU(VAR)3-9 HOMOLOG4 (KYP/SUVH4) es la principal HMT que lleva a cabo la dimetilación de H3K9 en Arabidopsis (Jackson et al., 2002) y también participa en el control de la dormición, regulando este proceso negativamente (Zheng et al., 2011). KYP/SUVH4 pertenece a la clase SU(VAR)3-9 de HMTs (Baumbusch et al., 2001). En general estas proteínas están implicadas en el silenciamiento de secuencias transponibles en la heterocromatina centromérica y pericentromérica. Sin embargo, la represión genética de transposones situados por ejemplo en promotores, puede indirectamente regular la actividad de genes importantes para el desarrollo (Thorstensen et al. 2011). KYP/SUVH4 se expresa en todos los tejidos, pero los niveles más altos se observan en semillas embebidas (Zheng et al., 2011). Los mutantes suvh4 muestran un aumento de la dormición de semillas, sensibilidad alterada a ABA, reducción en los niveles de metilación de H3K9 y un aumento de la expresión de varios genes que participan en el control de dormición como ABI3, ABI4 y DOG1 (Zheng et al., 2012). Por otro lado, la sobreexpresión de KYP/SUVH4 en plantas de Arabidopsis provoca una disminución de la dormición de semillas (Zheng et al., 2011). La expresión de KYP/SUVH4 está

reprimida por ABA e inducida por GA, por lo que podría mediar, al menos en parte, la señalización del balance ABA/GA en la dormición (Zheng et al., 2011; Graeber et al., 2012; Wang et al., 2013). Análisis genéticos han mostrado que *HUB1* es epistático sobre *KYP/SUVH4* (Zheng et al., 2011), lo que sugiere una posible relación funcional entre las marcas dependientes de estas proteínas.

Otro grupo de metiltransferas de historias son las proteínas Enhancer of Zeste (E(z)), que están implicadas en la trimetilación de H3K27 y forman parte de los complejos Polycomb Repressive Complex 2 (PRC2), que median el silenciamiento transcripcional de genes (Bouyer et al., 2011; Müller et al., 2012). Existen datos experimentales que apoyan la implicación de H3K27me3 en la inducción de la dormición. Así, los alelos mutantes de FERTILIZATION INDEPENDENT ENDOSPERM (FIE), que codifica un componente del complejo PRC2, muestran un aumento en la dormición de semillas y defectos en la germinación (Bouyer et al., 2011). La deposición de H3K27me3 es esencial para la transición de la dormición a la germinación (Müller et al., 2012). Estudios transcriptómicos globales han mostrado que los mutantes fie presentan sobreexpresión de genes de la fase final de la maduración de la semilla, entre los que aparecen reguladores de la maduración (ABI3, FUS3 y LEC2), moduladores más específicos (FLC) y factores de la señalización de ABA y GAs como ABI4, DOG1, CHO1, SOM, que están reprimidos por PRC2 (Bouyer et al., 2011; Graeber et al., 2012). El papel de PRC2 en las semillas en maduración parece contribuir a la acción antagónica de las dos hormonas ABA y GA sobre la germinación, inhibiendo reguladores positivos de ABA y negativos de la señalización de GA. En floración, PRC2 actúa en la represión estable del represor floral FLC tras la exposición prolongada al frío, por lo que se especula que un mecanismo parecido pudiera percibir este estímulo ambiental también en semillas (Bouver et al., 2011).

PICKLE (PKL) codifica un factor remodelador de la cromatina de tipo CHD3, necesario también para la represión de genes regulados por proteínas de PRC2 como *LEC1*, *LEC2*, *ABI3* y *FUS3* en la germinación. Los mutantes *pkl* muestran caracteres embrionarios en plántulas, por lo que se ha propuesto que este factor remodelador de la cromatina es necesario para la correcta represión de los caracteres embrionarios durante la germinación (Dean Rider et al., 2003).

Los niveles de metilación de residuos específicos de las histonas no dependen únicamente de la actividad de HMTs, ya que esta modificación covalente puede ser eliminada por la acción de enzimas demetilasas de histonas. Hasta el momento se conocen dos grupos de demetilasas: LSD1 (Lysine-Specific Demethylase 1) y

proteínas con dominio Jumonji (JMJ) (Pedersen y Helin, 2010). El genoma de Arabidopsis contiene genes que codifican proteínas pertenecientes a ambos tipos de enzimas. Entre las proteínas portadoras de un domino JMJ se encuentran algunas implicadas en la regulación de diversos procesos de desarrollo. Por ejemplo, EARLY FLOWERING 6 (ELF6/JMJ11) reprime la expresión de *FT*, y mutantes en *ELF6* muestran fenotipo de floración temprana y un aumento de la marca H3K4me3 en *FT* (Jeong et al., 2009). Otra demetilasa del residuo H3K4 mono- di- y tri- metilado es JMJ14/JMJ4. Mutaciones en *JMJ14/JMJ4* conllevan aumentos de los niveles de la expresión del integrador floral *FT*, así como de los niveles de H3K4me3 en la cromatina de este gen (Lu et al., 2010). Además, JMJ4 se une directamente a la región de inicio de la transcripción de *FT*, donde se observaron los mayores niveles de trimetilación de H3K4 (Jeong et al., 2009). Sin embargo, hasta el momento se desconoce el papel de estas proteínas con actividad demetilasa de H3K4me en los procesos de dormición y germinación.

Igualmente, se han identificado dos demetilasas de argininas (R), JMJ20 y JMJ22, que actúan como reguladores positivos de la germinación en la ruta PHYB-PIL5-SOM (Cho et al., 2012). Estas demetilasas reducen el nivel de H4R3me2, una marca asociada a la represión transcripcional, en la cromatina de *GA3OX1* y *GA3OX2* después de la activación de PHYB por la luz. En condiciones de oscuridad o con luz roja lejana, PHYB se localiza en el citosol en su forma inactiva (Pr), lo que permite la acumulación de la proteína PIL5. PIL5 actúa junto a ABI3 reprimiendo la expresión de *SOM*, el cual reprime directamente a *JMJ20/JMJ22*. Esto permite el mantenimiento de la marca represiva H4R3me2 en *GA3OX1* y *GA3OX2*, y contribuye a mantener la dormición de semillas de Arabidopsis. Como hemos dicho anteriormente, cuando se activa el PHYB por luz roja, la forma activa de este fitocromo (Pfr) se transloca al núcleo causando la degradación de PIL5. Así la transcripción de *SOM* no ocurriría y se desreprimiría la expresión de *JMJ20* y *JMJ22*, y las demetilasas codificadas por ambos genes pueden así demetilar H4R3, induciendo la expresión de *GA3OX1* y *GA3OX2* y la síntesis de GA, para promover la germinación de la semilla (Cho et al., 2012).

4.3 La acetilación de histonas en el control de la dormición de la semilla.

La acetilación de histonas, como la que se produce en los residuos H3K9, H3K14, H4K5 y H4K12, relaja la estructura de la cromatina y está asociada con la activación transcripcional (Kim et al., 2010; Jang et al., 2011). En cambio, niveles bajos de acetilación de histonas induce la compactación de la cromatina y por tanto, la

represión de genes (Marmorstein y Roth, 2001; Berger, 2007). La acetilación de histonas está catalizada por acetiltransferasas de histonas (HATs) y la deacetilación por deacetilasas de histonas (HDACs) (Tian et al., 2005; Hollender et al., 2008). La acetilación y deacetilación reversible de las colas de histonas es muy dinámica y puede sufrir ciclos rápidos de acetilación y deacetilación para facilitar la movilización y el restablecimiento de nucleosomas durante el tránsito de la polimerasa (Waterborg, 2002). También hay evidencias experimentales que implican a esta modificación de histonas en modular los niveles de dormición y la germinación de las semillas de Arabidopsis. Por ejemplo, HDA6 y HDA9 son deacetilasas de histonas que modulan la germinación de semillas, afectando la expresión de genes inducidos por ABA (Tanaka et al., 2008; Chen y Wu, 2010; Chen et al., 2010). Igualmente, HDA19 reprime genes específicos de la maduración durante la germinación (Tanaka et al., 2008; Zhou et al.; 2013).

SNL1 y SNL2 pertenecen a la familia de proteínas SWI-INDEPENDENT3 (SIN3)-LIKE y son miembros del complejo HDAC-SNL en Arabidopsis (Bowen et al., 2010). En levaduras y mamíferos, SIN3 recluta a proteínas de unión a histonas RbAp46/RbAp48 y a HDAC1/HDAC2, que deacetilan histonas, resultando en un estado transcripcionalmente reprimido de la cromatina (Grzenda et al., 2009). En Arabidopsis, SNL1 también posee capacidad de reprimir la transcripción de manera dependiente de la actividad de HDAC in vitro (Bowen et al., 2010). Mutantes de pérdida de función de SNL1 y SNL2 muestran un aumento en los niveles de acetilación de K9/18 de la H3 (H3K9/18) y H3K14 (Wang et al., 2013). Existen datos genéticos que sugieren la redundancia funcional entre SNL1 y SNL2 en la regulación de la dormición de semillas en Arabidopsis, ya que los mutantes sencillos así como el doble mutante snl1 snl2 muestran dormición reducida (Wang et al., 2013). SNL1 y SNL2 podrían actuar como componentes del complejo HDAC-SNL para modular la transcripción de genes implicados en las rutas del etileno y del ABA, modificando la abundancia de acetilación en sus histonas (Wang et al., 2013). Además, la expresión de los genes SNL1 y SNL2 puede ser inducida por ABA. El aumento de los niveles de SNL1 y SNL2 inhibe la hidrólisis de ABA y promueve la síntesis de ABA por la deacetilación de histonas de genes diana específicos (Wang et al., 2013). Por lo tanto, este mecanismo podría reforzar la señalización de ABA. Además, SNL1 y SNL2 reducen la acumulación de etileno, alterando la transcripción de genes de la síntesis de etileno o relacionados con su señalización (Wang et al., 2013). La dormición reducida de los mutantes snl1, snl2 y snl1 snl2 se corresponde con una disminución de la señal de ABA y un aumento de la señal de etileno (Wang et al., 2013). Por lo tanto,

SNL1 y SNL2 podrían representar un punto de convergencia antagónico entre el ABA y el etileno en la regulación de la dormición de semillas (Wang et al., 2013). Además, SNL1 puede interaccionar con HDA19 *in vivo* (Wang et al., 2013). HDA19 es una de las HDACs mejor estudiadas en Arabidopsis y está implicada en un amplio rango de procesos del desarrollo y respuestas ambientales (Tian y Chen, 2001; Tian et al., 2003; Zhou et al., 2005; Long et al., 2006; Chen y Wu, 2010). HDA19 media la deacetilación de H3K9/14, H3K9, H4K12, y de H4 (Tian et al., 2005; Chen y Wu, 2010; Jang et al., 2011), solapando con el papel de SNL1 y SNL2 en la deacetilación de H3K9/18 y H3K14. Además, los mutantes *hda19* también muestran disminución de la dormición de semillas (Wang et al., 2013). Sin embargo, la reducción de la expresión de *HDA19* resulta en varios defectos fenotípicos pleiotrópicos (Wu et al., 2000; Tian y Chen, 2001; Tian et al., 2003; Zhou et al., 2001; Tian et al., 2003; Zhou et al., 2001; Tian et al., 2013). Sin embargo, la reducción de la expresión de *HDA19* resulta en varios defectos fenotípicos pleiotrópicos (Wu et al., 2000; Tian y Chen, 2001; Tian et al., 2003; Zhou et al., 2005) que no se observan en los mutantes *snl.* Por ello, se ha propuesto que el complejo proteico SNL-HDA19 podría ser especialmente importante para deacetilar histonas de genes relacionados con la dormición de semillas durante la maduración.

Por último, el análisis de mutaciones en genes que codifican proteínas de la familia de deacetilasas de histonas HD2 revelan que estas HDACs también están implicadas en dormición y germinación (Wang et al., 2013). HD2B es una HD2 específica de plantas relacionada con la dormición, cuya expresión aumenta con frío y en semillas PM. El aumento de la expresión de HD2B se asocia con la reducción de la dormición de semillas y el aumento de la acumulación de GA en semillas durmientes Cvi (Yano et al., 2013).

En conclusión, todos estos datos indican un importante papel de las modificaciones de histonas en la regulación de la dormición y de la germinación (Tabla 1), probablemente actuando a nivel de la regulación de genes que participan en las rutas del metabolismo y de la respuesta a fitohormonas.

Gen	Función
HUB1, HUB2	Monoubiquitinación de H2B
RDO2	Elongación transcripcional
VIP4, VIP5, ELF7, ELF8	Transcripción
ATXR7	Metilación de H3K4 (me1, me2 y me3)
SDG8	Metilación de H3K36 (me2 y me3)
KYP/SUVH4, SUVH5	Metilación de H3K9 (me2)
<i>FIE</i> (PRC2)	Metilación de H3K27 (me3)
PICKLE	Necesario para represión por PRC2
JMJ20 y JMJ22	Demetilación de H4R3 (me2)
HDA6 y HDA9	Deacetilación de H3 y H4
HDA19	Deacetilación de H3K9/14, H3K9, H4K12 y H4
SNL1 y SNL2	Deacetilación H3K9/18 y H3K14
HD2B	Deacetilación de H3 y H4

Tabla 1. Proteínas remodeladoras de cromatina implicadas en el control de la dormición y de la germinación de semillas de Arabidopsis.

5. Antecedentes

Resultados previos obtenidos en nuestro laboratorio han demostrado que el locus EBS de Arabidopsis codifica una proteína nuclear que contiene un dominio BAH y un dominio dedo de Zn de tipo PHD (Piñeiro et al., 2003). Ambos tipos de motivos están presentes frecuentemente en proteínas implicadas en la regulación de la expresión génica a través de cambios en la organización de la cromatina. De hecho, en nuestro laboratorio hemos demostrado que EBS se une a través de su dominio PHD a la marca H3K4me2/3, y que es necesario para mantener niveles reducidos de acetilación de la histona H3 en la cromatina de FT, un regulador central del tiempo de floración en Arabidopsis que es diana directa de EBS (López-González, Tesis Doctoral 2010). Se han encontrado homólogos de EBS en todas las especies vegetales analizadas pero no en el resto de organismos eucarióticos, lo que sugiere que esta proteína podría ser parte de una familia de reguladores transcripcionales específicos de plantas. En Arabidopsis existe al menos un homólogo de EBS, SHORT LIFE (SHL) también implicado en la represión de la floración. SHL tiene funciones independientes de EBS en el control de la transición floral, y resultados obtenidos en nuestro laboratorio muestran que SHL es necesario para la represión de otro integrador floral, SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CO1 (SOC1). SHL regula directamente a SOC1, y al igual que EBS, es necesario para mantener bajos niveles de acetilación de la histona H3 en dicho locus (López-González, Tesis Doctoral 2010). Además del tiempo de floración, EBS está implicado en la regulación de otros aspectos del

desarrollo de plantas de Arabidopsis, puesto que los mutantes *ebs* muestran alteraciones pleiotrópicas del desarrollo, incluyendo defectos en la arquitectura de la inflorescencia, el desarrollo floral y también la dormición de la semilla (Gómez-Mena et al., 2001; Piñeiro et al., 2003). En concreto, los mutantes *ebs* presentan una reducción de la dormición de la semilla en comparación con plantas de tipo silvestre, lo que sugiere que *EBS* es necesario para reprimir la germinación de semillas de Arabidopsis durante el periodo de dormición (Gómez-Mena et al., 2001). Además, la germinación prematura de semillas frescas del mutante *ebs* requiere síntesis de GAs, ya que los dobles mutantes *ebs ga1-3* muestran la misma dependencia de la adición exógena de GAs para germinar que los mutantes *ga1-3* (Gómez-Mena et al., 2001). Sin embargo, el papel de *EBS* en los circuitos génicos que regulan este proceso de desarrollo en Arabidopsis permanecen desconocidos. Por ello, en esta tesis Doctoral decidimos analizar la contribución de este locus al control de la dormición de la semilla, y caracterizar en profundidad el papel de *EBS* en la regulación de este proceso.

OBJETIVOS



En el presente trabajo nos hemos planteado como objetivo general el estudio del papel de *EBS* y *SHL* en el control de la dormición de semillas de Arabidopsis. Ambos genes codifican proteínas que se han descrito previamente como reguladores de procesos de remodelación de cromatina relacionados con el control de la expresión génica, y que son necesarios para el control del tiempo de floración en Arabidopsis. Con el fin de profundizar en el papel de EBS y SHL en el control de la dormición de semillas, nos propusimos abordar los siguientes objetivos específicos:

- 1. Caracterización del papel del gen *EBS* en el control de la dormición de semillas en Arabidopsis.
- Estudio del posible papel del gen SHL, un homólogo de EBS, en el control de la dormición de semillas en Arabidopsis y de interacción con EBS en la regulación de dicho proceso.
- Análisis molecular de la función desempeñada por EBS en el control de la dormición de la semilla.
- 4. Análisis de la posible interacción de *EBS* con otros factores remodeladores de cromatina en la regulación de la dormición de la semilla.
- Identificación de otros reguladores transcripcionales que podrían participar en la regulación de la dormición.
MATERIALES Y MÉTODOS



1. Material vegetal.

En este trabajo se han utilizado las accesiones de *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh, Landsberg *erecta* (L*er*), Columbia (Col), C24 y Cape Verde Island (Cvi). Además, se han usado líneas mutantes obtenidas tanto en los bancos de semillas del Nottingham Arabidopsis Stock Center (NASC, UK) y del banco de semillas Cold Spring Harbor Genetrap Database, como líneas facilitadas por distintos grupos de investigación (Tabla 2).

Los mutantes *ebs, shl* y los dobles mutantes *ebs shl*, así como las líneas sobreexpresoras 35::*EBS* en fondo Col, 35S::*EBS* en fondo Cvi, *pEBS::GUS*, y *pSHL::GUS*, fueron generadas en el laboratorio antes del inicio de este trabajo. Asimismo, las líneas mutantes *esd1, swc6* o el doble mutante *ebs sdg8,* proceden de nuestro laboratorio.

AGI	Nombre del gen	Línea mutante	Fondo Genético
At1g77950	AGL67	SALK_55989 (<i>agl</i> 67-1) SALK_013790 (<i>agl</i> 67-2)	Col Col
At1g28290	AGP31	SAIL_1178_A10 (agp31)	Col
At4g26740	ATS1	SAIL_191_B12 (ats1)	Col
At2g31650	ATX1/SDG27	SALK_149002.50.05.X (<i>atx1-2</i>) SALK_119016.30.60.x (<i>atx1-3</i>)	Col Col
At1g05830	ATX2/SDG30	SALK_074806.34.05.x (atx2-1)	Col
At5g42400	ATXR7/SDG25	SALK_149692 (<i>atxr7-1</i>) SAIL_446_F12 (<i>atxr7-2</i>)	Col Col
At1g02070	At1g02070	SALK_091010 (<i>At1g02070-1</i>) GT_5_99000 (<i>At1g02070-2</i>)	Col Ler
At3g60520	At3g60520	SALK_139810.47.15.x (<i>At3g60520-1</i>) SALK_126470.19.10.x (<i>At3g60520-2</i>)	Col
At3g07650	COL9	SALK_137167 (c <i>ol9</i>)	Col
At2g44950	HUB1	SALK_122512.55.75.x (hub 1-4)	Col
At1g55250	HUB2	SALK_071289.51.25.x (hub 2-2)	Col
At5g59450	SCL11	GK-791H08 (scl11-2)	Col
At3g46600	SCL30	SALK_139541C (<i>scl30-1</i>)	Col
At4g36390	SPT	ET7451 <i>(spt-10)</i>	Ler
At2g47260	WRKY23	SALK_003943 (wrky23)	Col

Tabla 2. Líneas mutantes obtenidas del NASC.

AGI	Gen	Alelo	Fondo Genético	Laboratorio de procedencia	
At4g26080	ABI1	abi1-3	Ler	Medina, J.	
At5g04240	ELF6	elf6-4	Col	Noh, Y.	
At1g79730	ELF7	elf7-2	Col	Amasino, R.	
At2g06210	ELF8	elf8-1	Col	Amasino, R.	
At1g65480	FT	ft-1	Ler	Koornneef et al., 1980	
At5g10140	FLC	flc-3	Col	Michaels y Amasino, 2001	
At4g20440	JMJ4	jmj4.1	Col	Noh, Y.	
At1g18100	MFT	mft-2	Col	Hao Yu	
		mft-3			
At3g12810	PIE1	pie1-1	Col	Amasino, R.	
At3g03450	RGL2	rgl2-5	Ler	Lopez-Molina, L.	
At1g07530	SCL14	scl14-1	Col	Gatz, C.	
At1g77300	SDG8	sdg8-1	Col	Zhao et al., 2005	

Además, para la realización de esta Tesis, diferentes laboratorios cedieron las semillas mutantes indicadas en la Tabla 3.

Tabla 3. Líneas mutantes cedidas por otros grupos para la realización de este trabajo.

1.1 Generación de líneas dobles mutantes.

Los dobles mutantes analizados en este trabajo se obtuvieron mediante el cruzamiento de mutantes simples y posterior selección de los mismos en la generación F2, usando marcadores moleculares para cada mutación. Para confirmar que las plantas seleccionadas eran dobles mutantes, se comprobó que en la generación F3 no se producía segregación alguna de los parentales.

2. Condiciones de cultivo.

Las semillas de Arabidopsis se sembraron en sustrato universal con vermiculita (proporción 3:1), o en medio de cultivo MS o GM (medio MS suplementado con sacarosa al 2%) y plant-agar al 0,7% (Murashige y Skoog, 1962) para cultivo *in vitro*.

En el caso de semillas en sustrato universal, las semillas se esterilizaron previamente durante diez minutos en una solución acuosa con 70% de lejía comercial, 0,1% de Tritón X–100, y se aclararon hasta tres veces con agua estéril (Feinbaum et al., 1991; Shi et al., 2013). Alternativamente, las semillas se esterilizaron superficialmente mediante la exposición a una solución con 3% (v/v) de HCI en lejía

comercial, en un recipiente herméticamente cerrado durante 4 horas (Clough y Bent, 2000).

En el caso de cultivo *in vitro*, las semillas se esterilizaron previamente durante diez minutos en una solución lejía comercial al 70%, Tritón X–100 al 0.1%, y se aclararon hasta tres veces con agua estéril. A continuación, las semillas se sembraron en placas Petri con medio MS suplementado con sacarosa al 2% y plant–agar al 0,7% (medio GM).

Una vez sembradas, las semillas se estratificaron durante tres días a 4°C en oscuridad. Posteriormente, se transfirieron a cámaras de cultivo con las siguientes condiciones: 22°C de temperatura, 65% de humedad relativa e iluminación con luz fluorescente blanca fría de ~120 μ E m⁻² s⁻¹. En cuanto al fotoperiodo, se usaron tanto condiciones de día largo (DL, 16h luz/8h oscuridad) como de día corto (DC, 8h luz/16h oscuridad).

En el caso de la selección de líneas transgénicas, el procedimiento fue similar, pero las semillas de la generación T1, una vez esterilizadas, se sembraron a una densidad 50 semillas/cm², en medio GM sólido suplementado con el antibiótico correspondiente (higromicina a concentración de 40 µg/ml). Una vez obtenidas las semillas de las generaciones T2, se sembraron en las mismas condiciones 200 semillas de cada línea de forma independiente, y las líneas transgénicas portadoras de una sola inserción de T–DNA se seleccionaron atendiendo a la tasa de supervivencia en medio selectivo en una proporción 3:1 de supervivientes a sensibles.

3. Análisis fenotípicos.

3.1 Ensayos de dormición de semillas.

Para realizar los ensayos de dormición se utilizaron semillas frescas, recogiéndolas en el estadio 18 de la silicua (Smyth et al., 1990; Roeder et al., 2006), silicua a silicua, directamente de la planta, mediante unas pinzas. Las silicuas así recogidas, se limpiaron, se separaron las semillas y se sembraron inmediatamente en placas con 0,8% de Agar en agua. Las silicuas de cada línea procedían de un mínimo de 10 plantas diferentes. Las semillas no se esterilizaron con el fin de no alterar su estado de dormición.

Las placas conteniendo las semillas, sin estratificar y por triplicado, se cultivaron directamente en distintas condiciones experimentales de crecimiento. En los

MATIALES Y MÉTODOS

ensayos de crecimiento con luz blanca (LB), las placas de semillas se introdujeron en la cámara de cultivo in vitro en condiciones de fotoperiodo de 16h de luz/8 de oscuridad, 22°C de temperatura, 65% de humedad relativa e iluminación con luz fluorescente blanca fría de ~120 μ E m⁻² s⁻¹. En los ensayos de cultivo en condiciones de oscuridad (OSC), las plantas se envolvieron en papel de aluminio, se cerraron en una caja, y se metieron en la misma cámara de cultivo in vitro, para que tuvieran condiciones de crecimiento similares a las anteriores. Las placas del ensayo de crecimiento a 16°C de temperatura se cultivaron en una cámara en condiciones de fotoperiodo de 16h de luz/8h de oscuridad, 65% de humedad relativa e iluminación con luz fluorescente blanca fría de ~120 μ E m⁻² s⁻¹. Para los experimentos de luz roja se empleó una cámara de luces monocromáticas modelo E-30LEDL3 de la marca Percival Scientific Inc. (IA, USA), donde se expusieron las semillas durante 4 días a condiciones de luz continua monocromática (roja) (aproximadamente 10 μ M m⁻² s⁻¹).

El cálculo del nivel de dormición se realizó mediante la cuantificación del número de semillas germinadas. Se consideró que una semilla había germinado cuando se observaba la aparición de la radícula (Penfield et al., 2005). Para determinar el nivel de dormición de una línea concreta se contaron las semillas germinadas el día 5 después de la recogida y siembra, cuando el ensayo era en condiciones de luz blanca; el día 7, cuando el ensayo era en condiciones de luz blanca; el día 7, cuando el ensayo era en condiciones de oscuridad; y el día 15, cuando el ensayo era en condiciones de los experimentos se sembraron 3 repeticiones, con al menos 50 semillas de cada línea en cada repetición. Todos los experimentos de cuantificación de la dormición de semillas frescas se repitieron un mínimo de tres veces.

Con el fin de comprobar que las semillas que no germinaban en los ensayos de dormición se encontraban en un estado durmiente, pero eran viables, para cada ensayo se cuantificó la viabilidad de las semillas empleadas. Para ello, además de las placas de los diferentes ensayos, se sembró otra placa, que se estratificó durante 3 días a 4°C, antes de situarla en la cámara de cultivo durante 20 días. A continuación se determinó el porcentaje de semillas que germinaban, lo que permitió cuantificar la viabilidad de las semillas empleadas. Los datos de dormición obtenidos se expresan como porcentaje de germinación de semillas frescas relativo al porcentaje de semillas viables. En todos los experimentos llevados a cabo, las semillas empleadas presentaron al menos el 80% de viabilidad.

66

El contaje de las semillas germinadas se realizó de forma visual con ayuda de una lupa binocular (Leica S6E).

Las fotografías de la testa de las semillas se realizó con un microscopio Electrónico T-3000 (HITACHI).

3.2 Medida del tiempo de floración.

El tiempo de floración está directamente relacionado con el número de hojas predeterminadas en el momento de la aparición del primer botón floral (Koornneef et al., 1991). De acuerdo con esta premisa, se contabilizó el número total de hojas excepto los cotiledones, es decir, las hojas de la roseta y las hojas caulinares de la inflorescencia principal. Los datos se presentan como la media de los valores obtenidos ± la desviación estándar. El tamaño de la muestra fue de al menos 20 plantas en condiciones de DC y de entre 30 y 50 plantas en DL. Todos los experimentos de cuantificación del tiempo de floración se repitieron al menos tres veces.

3.3 Ensayos relacionados con la respuesta a hormonas.

3.3.1 Ensayos de respuesta de la expresión de EBS a hormonas.

Los ensayos del efecto de hormonas en la expresión de *EBS* se realizaron con semillas de Col. Para ello, se colocaron 3 círculos de papel Whatman en cada una de las placas Petri, humedeciéndolos previamente con soluciones de concentraciones de 0,5 µM para ABA y 100 µM para GAs, respectivamente. Las placas se introdujeron en la cámara de cultivo *in vitro* en condiciones de 16 horas de luz/8 de oscuridad y se mantuvieron durante 1 día o 2 días, dependiendo del tratamiento de la muestra. Pasado este tiempo, se recogieron en nitrógeno líquido, y se congelaron a –80°C, hasta su procesado. La extracción de RNA y síntesis de cDNA se realizó siguiendo protocolos descritos (ver sección 8.1 y 8.2). La determinación de la expresión de *EBS* se realizó por técnicas de qRT-PCR, utilizando oligonucleótidos específicos.

3.3.2 Ensayos de dormición en respuesta a hormonas y a PAC.

Los ensayos de curvas de dormición se realizaron con GA, ABA y PAC. Para los ensayos con GA preparamos una solución madre a una concentración de 10 mM en etanol. A partir de esta, se prepararon soluciones seriadas a una concentración final en las placas de 1 mM, 100 μ M, 10 μ M, 1 μ M, 0,1 μ M, 0,01 μ M, 0,001 μ M. MATIALES Y MÉTODOS

Además se preparó una placa sin giberelinas como control. En el caso del PAC, inhibidor de la síntesis de GAs, preparamos una solución madre a una concentración de 1 mM, en etanol. A partir de esta se prepararon soluciones seriadas a una concentración final de 100 μ M, 10 μ M, 1 μ M, 0,1 μ M, 0,01 μ M en el medio de cultivo. Igualmente, se preparó una placa sin PAC como control. En el caso del ABA, se preparó una solución madre a una concentración de 1 mM en metanol. A partir de esta solución se prepararon soluciones seriadas a una concentración final, en las placas de medio de cultivo, de 1 μ M, 0,5 μ M, 0,25 μ M. Igualmente, se preparó una placa sin ABA como control. Para estos ensayos de dormición, en cada una de las placas de agar al 0,8% conteniendo diferentes concentraciones de GA, PAC o ABA, se sembraron las semillas frescas, de la manera descrita anteriormente.

3.4 Ensayos fenotípicos y de expresión con líneas de sobreexpresión inducibles mediante tratamientos con β-estradiol.

Para la generación de las plantas transgénicas de Arabidopsis de sobreexpresión inducible empleamos vectores portadores del casete XVE, que codifica un factor de transcripción quimérico capaz de activar la expresión génica en respuesta a tratamientos con β -estradiol. Los componentes moleculares de este sistema de inducción se encuentran descritos en detalle en la sección 5.2. Hemos empleado dos tipos de vectores XVE, el vector pMDC7 (Curtis y Grossniklaus, 2003), para la sobreexpresión inducible de *EBS*, y el vector pER8GW, que se utilizó en la colección de plantas del proyecto TRANSPLANTA (Coego et al., 2014).

Para los ensayos de dormición, se utilizaron placas de agar al 0,8% con las concentraciones de β -estradiol descritas en los ensayos correspondientes y semillas frescas sembradas de la manera que se ha descrito anteriormente. Para los ensayos de expresión en plantas inducidas por β -estradiol, el material vegetal se congeló con nitrógeno líquido en el momento de la recolección y se utilizó para extraer RNA total según el procedimiento que se describe en la sección 8.1.

4. Métodos de manipulación y análisis de DNA genómico vegetal.

Para el genotipado de plantas de Arabidopsis se obtuvo DNA genómico de una hoja de material fresco, que fue procesada en tubos eppendorf conteniendo bolas de vidrio de 1 mm de diámetro, después de haber depositado el tejido y haber congelado su contenido en nitrógeno líquido. Para la homogenización del material vegetal el tejido congelado se agitó en un molino agitador SILAMAT durante 5s (Schaan, Principality of Liechtenstein). El DNA genómico se purificó siguiendo el protocolo descrito por Bernatzky y Tanksley (1986). Posteriormente se llevaron a cabo reacciones de PCR con las muestras de DNA genómico aislado, usando marcadores moleculares específicos de cada alelo mutante (Tabla 4).

La determinación de las concentraciones de las soluciones de DNA genómico, se realizó en geles de agarosa al 0,8% en tampón TBE (p/v), mediante la comparación con muestras de DNA de concentración conocida, o bien determinando la absorción a 260 nm en un espectrofotómetro (NanoDrop ND–1000, ThermoScientific, USA).

Alelo	Directo	Reverso	
agl67-1	TACAGTCCAGAAGCCACCAAC	AAGCCTCTAGCTAGTCAAACAGG	
agl67-2	TACAGTCCAGAAGCCACCAAC	ATTTCTCGTGGCAACGTTATG	
agp31	ATTGACCCGAAATGTAGAGGC	TTTTATGGGTTTGTGCAGGTG	
ats1	CACTTCTCCCCACTACCCTTC	TTAAAAATTTTGAGGGTCGGC	
atx1-2	CATCTCTTTTGTGGACTTGCTG	AACAATTTGTTCCTGCAATGTG	
atx1-3	ACCGGAGAACTTGTTAGACCG	TGCAGTTTTTGGTACCAAAGG	
atx2-1	TTCCTCACCATGAAATAACGC	TTCATGGTTTTGGGATCTTTG	
atxr7-1	TCTTGTGACAGGTGCAACTTG	AAACAAAGCTAGGCACAAGGC	
atxr7-2	CATCTCTTCAGGGTTCCTTCC	GGTTTCCTCAGATTCCTCAGC	
at1g02070-1	CTCTTTTTGATGCCCGTTATG	TGAGCAACGTTGCTAGACATG	
at1g02070 -2	ATATGTTTTTCCCCACCGTTC	GAGAGAGTGTGTTGCATGTGC	
at3g60520-1	TGCATCCCACAAGTTTCTCTC	AGCTTGTACCTACGAGTGGCC	
at3g60520-2	ATTGTGTCAAGATCATCGTGC	TCATGGTCATGAATTGATGATG	
col9	ATTGGATCTTTTGATTTGGGG	AGTGCCATGTCAACTTCATCC	
hub1-4	TGGGAAAACATGGTATTGAGG	AGCTCCGACAAGAACTCAGTG	
hub2-2	CATGGTACCACATCCAAGGTC	CCTCTTTAGGCCGATCAAAAC	
mft-2	TCTAACCGAAAGCACCATGTC	CCGATGAGCTTTACACTCTCG	
mft-3	TACCTCTTGAGGGATTTGTGC	TCTGTTGATCCTTTGGTGGTC	
rgl2-5	GTAACCAAATCACAACAAAGA	GCTGCTAGCTTCCTCGTCAAA	
sc/11-2	GCAAGCCAATATACATCCACC	TCTTGGTTCGTTTTGCATACC	
sc/14-1	GGTCTCACCACACAAAAATAATG	TTTCTCAGCAGCTTGAAGAGC	
sc/30-1	ACAAGGTTACCGTGGGGTAAG	AGCTTCCTCAGTCAGGTTTCC	
sdg8-1	CCTTCATCGCAATCGTAAATC	TTTTGCGCTAAACTAGTTGGG	
spt-10	TTTCATCCGTAGCAGATTTCC	AAAAATTGCGGATTTTAAGGG	
wrky23	CGGTGGGTTTATCAACAAATG	ATTCTTGATCACGATTCACGG	

Tabla 4. Marcadores moleculares de alelos mutantes empleados a lo largo de este trabajo.

Las electroforesis de DNA se realizaron en geles de agarosa de concentración variable entre 0,8 y 4 % en TBE (p/v), en función del tamaño esperado de los fragmentos a resolver. El patrón de bandas se visualizó con el sistema de documentación de geles *Gel–Doc-XR* (Biorad). Para comprobar que las bandas amplificadas correspondían al gen de interés, se cortó la banda correspondiente, se purificó el DNA contenido en la misma y se llevó a cabo su secuenciación. La purificación de los fragmentos de DNA de las bandas de agarosa se realizó en columnas de separación (QIAquick GEL Extraction kit QIAGEN, Alemania; Geneclean Q-BIOgene, MP Biomedicals USA), y fue secuenciado por el servicio de secuenciación de la "Unidad de Genómica del Parque Científico de Madrid" de la UCM o por el Servicio de secuenciación de Secugen, S.L. Las secuencias así obtenidas, se analizaron con los programas informáticos Chromas 1.45, GENE RUNNER 3.02, y con las aplicaciones de comparación de secuencias *Blast 2 sequences* de la página web del servidor del NCBI, (www.ncbi.nlm.nih.gov), y de la aplicación *Blast* de la página web <u>www.arabidopsis.org</u>.

5. Técnicas de clonación y manipulación de ácidos nucleicos.

5.1 Clonación por Tecnología Gateway (GW).

Para la realización de clonación de DNA, se utilizó la tecnología Gateway (GW) (Invitrogen). Este método permite la recombinación de fragmentos de DNA entre plásmidos compatibles con el sistema GW, usando las secuencias de recombinación att presentes en dichos vectores, y dos enzimas denominadas LR clonasa y BP clonasa. Para utilizar este sistema se requiere que inicialmente se inserte, mediante el enzima clonasa BP, el fragmento de DNA de interés, flangueado por dos secuencias de recombinación att B, en un plásmido pDONOR, con sitios de recombinación att P. Este enzima clonasa BP cataliza la recombinación e inserción del DNA de interés en el plásmido de entrada, obteniendo como resultado el clon pENTRY, con sitios de recombinación att L. A continuación se requiere otra reacción enzimática con la clonasa LR, en la que se produce la recombinación entre el plásmido pENTRY conteniendo el DNA de interés, con el vector de destino pDESTINY. Este vector contiene sitios de recombinación att R, así como los promotores, TAGS o motivos de interés. La introducción del gen empleado en el vector pDESTINY da lugar a un plásmido que contiene la construcción de interés fusionada al DNA introducido, flanqueado por sitios de recombinación attB.

5.2 Obtención de las construcciones plasmídicas utilizadas.

Para generar las construcciones necesarias para obtener líneas de sobreexpresión de EBS mediante inducción por β-estradiol, se utilizó el vector pMDC7 (Curtis y Grossniklaus, 2003), derivado del plásmido pER8, compatible con el sistema Gateway (Invitrogen), en el que se introdujo el cDNA de EBS (Piñeiro et al., 2003) procedente de un vector pDONOR201. El vector pMDC7 contiene un sistema inducible llamado XVE (Zuo et al., 2000), que codifica el factor de transcripción quimérico XVE bajo el control del promotor sintético constitutivo G10-90. XVE contiene el dominio de unión a DNA de LexA (residuos 1-87), el dominio de activación transcripcional de VP16 (residuos 403-479), y la región reguladora del receptor de estrógenos humano, ER, (residuos 282-595); además, esta construcción lleva el terminador E9 en el extremo 3'de XVE, el cual corresponde a las secuencias de poliadenilación del gen rbcS E9. Por su parte el gen de la higromicina fosfotransferasa está bajo el control del promotor y del terminador de la nopalina sintetasa (NOS). En presencia de β -estradiol, la hormona inductora, el factor XVE es activo y es capaz de inducir la expresión de EBS, clonado aguas debajo de un promotor que responde a XVE (lexA -46). En la Figura 1 se muestra el esquema gráfico del plásmido donde se ha insertado el cDNA de EBS.

N.						. N_		
P _{G 10-90}	LexA	VP16	ER	T _{E9}	Hygro ^R	O _{LexA} -46	EBS	T_{E9}
						· // -		

Figura 1. Esquema del vector inducible por β-estradiol pMDC7. Esquema de la estructura del vector de clonación inducible por estrógeno pMDC7, derivado del plásmido PER8, compatible con el sistema Gateway.

Para generar los plásmidos de sobreexpresión de *SCL11* y *SCL30*, los cDNAs completos correspondientes a ambos genes se clonaron mediante el sistema Gateway (Invitrogen) en el vector de expresión pEarleyGate201, que porta un epítopo HA, y en el vector de expresión pEarleyGate202, con un epítopo flag, respectivamente. Ambos vectores además contienen un promotor 35S. Para ello se partió de clones de *SCL11 y SCL30* en el vector pER8GW generados en el proyecto Transplanta. Mediante una reacción de recombinación, BP, con el enzima BP clonasa I (Invitrogen), se clonó el cDNA de *SCL11 y SCL30* en el vector pDONOR 207. Una vez comprobado que el clon estaba correcto, mediante una reacción de recombinación LR con el enzima clonasa LR I (Invitrogen), se movilizaron los cDNAs de *SCL11 y SCL30*, a los vectores de expresión pEarleyGate201 y pEarleyGate202, respectivamente.

5.3 Transformación genética de plásmidos de interés en cepas bacterianas.

A partir de las construcciones plasmídicas con nuestra secuencia de interés, se transformaron células de *Escherichia coli* y de *Agrobacterium thumefaciens*. Las cepas bacterianas empleadas se cultivaron en medio LB en presencia del correspondiente agente selectivo (Sambrook et al., 1989). Los cultivos de la cepa de *E. coli*, DH5α se mantuvieron en agitación a 37°C durante 14–16 horas, mientras que la cepa *A. thumefaciens* AGL0, se cultivó a 28°C durante 48 horas.

Para la preparación de células competentes de E. *coli* se utilizó el kit comercial *Z–Competent E.coli transformation buffer set* (ZymoResearch), y la transformación de las células se efectuó siguiendo las recomendaciones del fabricante.

Las células electrocompetentes de *A. thumefaciens* AGL0 se prepararon según el protocolo descrito por Mersereau et al., 1990, y las transformaciones se llevaron a cabo según el protocolo de Höfgen y Willmitzer (1998), mediante electroporación, utilizando el equipo Micro Pulser (Biorad). La obtención de DNA bacteriano se realizó siguiendo protocolos estándar (Sambrook et al., 1989).

5.4 Técnicas de manipulación de ácidos nucleicos.

Las digestiones de DNA con endonucleasas de restricción se llevaron a cabo mediante los métodos usuales (Sambrook et al., 1989), siguiendo en cada caso las recomendaciones específicas del fabricante.

6. Generación de plantas transgénicas de Arabidopsis thaliana.

La transformación genética de plantas de Arabidopsis se llevó a cabo mediante el método de infiltración descrito por Clough y Bent (1998). Para ello las plantas T0 se cultivaron tal y como se describió anteriormente, en condiciones de DL, hasta la aparición de la inflorescencia principal. Estas plantas T0 fueron sumergidas durante 5 minutos, en medio de infiltración, con una suspensión de células de la cepa de *Agrobacterium tumefaciens AGL0* portadoras de la construcción de interés. Posteriormente, las plantas infiltradas fueron llevadas de nuevo a la cámara de cultivo *in vitro*, con el fin de que se desarrollaran y se pudieran obtener las semillas T1. Estas semillas se esterilizaron y sembraron en condiciones de alta densidad en placas Petri con medio GM selectivo, para así obtener las plantas transgénicas resistentes, que posteriormente fueron trasplantadas a tierra. Para obtener líneas T3 homocigotas con una sola inserción, se seleccionaron sólo aquellas plantas T2 que presentaban una segregación 3:1 de plantas resistentes a sensibles al antibiótico, y se llevaron a la siguiente generación las plantas que eran resistentes. De acuerdo con los datos de la segregación en la generación T3, se obtuvieron plantas homocigotas para la inserción en aquellas placas en las que había líneas que no segregaban plantas sensibles.

7. Métodos histoquímicos.

7.1 Ensayos histoquímicos para la visualización de β-glucuronidasa.

La actividad del gen *GUS*, que codifica para la actividad β -glucuronidasa, se reveló mediante incubación a 37°C de tejidos o plántulas transgénicas en solución GUS (100mM de NaPO₄ (pH 7.2), 2,5 mM 5–bromo–4–chloro–3–indolil– β –D–glucoronidasa, 0,5 mM K₃Fe (CN)₆, 0,5mM K₄Fe(CN)₆ y 0,25% de Triton X-100) durante toda la noche. Transcurrido este tiempo, se eliminó la solución y se realizaron lavados sucesivos con etanol 70% (v/v). Para la observación de estas plantas se utilizó una lupa binocular (Leica S6E).

7.2 Tinción con rojo de rutenio.

El rojo de rutenio es un compuesto que tiñe el mucílago de las semillas. Para observar la tinción del mucílago, las semillas se sumergieron en una solución acuosa de rojo de rutenio al 0,03% (p/v), y posteriormente estas se observaron en una lupa binocular (Leica S6E).

8. Análisis de expresión.

El análisis de expresión de genes se realizó mediante experimentos de northern blot, de transcripción reversa seguida de PCR (RT-PCR semicuantitativa) e hibridación de los fragmentos amplificados con sondas radiactivas específicas, o de RT-PCR cuantitativa (qRT-PCR o qPCR).

8.1 Extracción de RNA.

8.1.1 Extracción de RNA de semillas de Arabidopsis.

Para los análisis transcripcionales mediante RT-PCR o qRT-PCR a partir de RNA preparado de semillas de Arabidopsis, se recogieron semillas frescas de la manera descrita anteriormente. Después de limpiarlas, se sembraron inmediatamente a una densidad de 25 semillas/cm², en placas Petri cubiertas de 3 capas papel Whatman humedecido con agua, y se mantuvieron en condiciones de cultivo *in vitro* con 16h de luz y 8 de oscuridad, durante 1 o 2 días, según el ensayo. Pasado este tiempo, se recogieron las semillas y se congelaron a –80°C, hasta su procesado. Para las muestras a 0 días (0d), las semillas fueron congeladas justo después de cosecharlas.

Para la extracción de RNA total de semillas se utilizó el kit de extracción de RNA con columnas *RNAqueous* junto con el reactivo *Plant RNA Isolation Aid* (Ambion, Applied Biosystems), siguiendo el protocolo del recomendado por el fabricante, a partir de material vegetal congelado y posteriormente pulverizado en un mortero con nitrógeno líquido. Además, se realizó un tratamiento en columna durante 15 minutos a 37ºC con DNAsa libre de RNAsa, para eliminar cualquier rastro de DNA genómico en cada una de las muestras.

8.1.2 Extracción de RNA de plántulas de Arabidopsis.

Para la extracción de RNA se utilizó el kit de extracción de RNA con columnas microspin Rneasy Mini Kit (QIAGEN, Alemania), siguiendo el protocolo recomendado por el fabricante tras homogeneizar el material como se ha descrito anteriormente. El tejido vegetal se obtuvo de plántulas cultivadas in vitro durante 10 días en condiciones de DL o 21 días en condiciones de DC.

8.2 Cuantificación y análisis de RNA.

La concentración de RNA total obtenido se cuantificó mediante técnicas de espectrofotometría (Sambrook et al., 1989), usando un NanoDrop ND–1000 (Termo Scientific, USA) o mediante electroforesis en gel donde se compararon las muestras de RNA a cuantificar con RNAs de concentración conocida.

Para la cuantificación por Northern blot del RNA mensajero de genes específicos, el RNA total se sometió a electroforesis en geles de agarosa al 1%, en presencia de formaldehído/formamida (Sambrook et al., 1989), lo que permitió comprobar la integridad de las muestras de RNA empleadas. El tampón empleado como electrolito fue MOPS 1X (Sambrook et al., 1989). Las muestras se desnaturalizaron 10 minutos a 65°C antes de cargarse en el gel de agarosa, diluidas en un tampón de carga compuesto por MOPS 10X, formaldehído, formamida y

bromuro de etidio (Sambrook et al., 1989). A continuación el RNA total se transfirió a membranas Hybond–N+ (Amersham-Pharmacia) siguiendo las recomendaciones del fabricante. Dichas membranas fueron hibridadas con sondas radiactivas que reconocían los mensajeros de interés, permitiendo su cuantificación.

8.2.1 Reacción de la transcriptasa reversa seguida de amplificación del cDNA mediante la reacción en cadena de la polimerasa (RT–PCR). 8.2.1.1 Cuantificación por RT-PCR e hibridación con sondas específicas.

Para la síntesis de cDNA total se utilizó el kit *Super-ScriptTMFirst-Strand synthesis for RT–PCR* (Invitrogen, California USA), usando entre 1 y 3 µg de RNA total. Para los ensayos de RT-PCR, el cDNA resultante se diluyó 1:10 y se tomaron 2 µL para cada reacción de PCR de **20**L de volumen final. Las condiciones de amplificación se ajustaron en cada caso con el fin de no saturar el resultado de la reacción. Para los genes analizados se realizaron reacciones de RT–PCRs con los cebadores que se describen en la Tabla 5. Se utilizó la expresión del gen *UBIQUITINA 10* (*UBQ10*), como control de carga de los experimentos.

Los fragmentos de DNA obtenidos tras la amplificación se separaron en electroforesis en geles de agarosa y se transfirieron a membranas Hybond–N+ (Amersham–Pharmacia), siguiendo las recomendaciones del fabricante. Dichas membranas fueron hibridadas con sondas radiactivas específicas, que reconocían los productos de amplificación para los genes de interés, permitiendo la cuantificación de los niveles de expresión.

Sonda	Directo	Reverso
UBQ10	GATCTTTGCCGGAAAACAATTGGAGG ATGGT	CGACTTGTCATTAGAAAGAAAGAGATAA CAGG
EBS	ATTGAAGAAGCAAAGAAGCTT	ACTGATTCTGCCAACATAG
CYP707A1	TCCATCGCTCAAGACTCTCTCC	ACCTCGTCTTTTCCGAAGATCG
CYP707A2	CAATTCCTTCTTCGCCACTCG	GCCTCTGGTCCAATCATACGC
NCED9	ATCGACCGGAGAGATTCGAAAG	TCACCTTCTCCTCGTCGTGAAC
ATS2	TTACTCGCGTCGCTTATCTTGG	TTAGAGTCGCTTCCGTGCTTTG

Tabla 5. Cebadores utilizados en los análisis de expresión de cada uno de los genes descritos.

8.2.1.2 Cuantificación por RT-PCR cuantitativa (qRT-PCR).

En los ensayos de qRT-PCR, el cDNA resultante de la reacción de RT se diluyó 1:10. Los ensayos de qRT-PCR se llevaron a cabo con el kit *FastStart Universal SYBR*

MATIALES Y MÉTODOS

Green Master (Rox), según el protocolo descrito por Roche, usando 1 o 2 ul de muestra de cDNA. Los cebadores utilizados para el análisis de expresión por qRT-PCR se describen en la Tabla 6. Los niveles de expresión relativa se normalizaron mediante la expresión de los genes constitutivos *UBQ10, ACTINA2* o *UBC21*. Dichos cebadores fueron diseñados mediante el programa primer3plus. Las secuencias diseñadas por este programa se comprobaron con el programa GENE RUNNER 3.02, con la aplicación Primer–BLAST de la página http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/, y con la aplicación BLAST de la página www.arabidopsis.org, para asegurar su especificidad. Posteriormente también se comprobó la especificidad de los cebadores experimentalmente usándolos con diferentes concentraciones de cDNA molde, en la reacción de qRT-PCR.

Gen	Directo	Reverso
UBQ10	GATCTTTGCCGGAAAACAATTGGAGGA TGGT	CGACTTGTCATTAGAAAGAAAGAGAGATAA CACG
ACT2	TGTCGCCATCCAAGCTGTTCTCT	GTGAGACACCATCACCAGAAAT
UBC21	CTGCGACTCAGGGAATCTTCTAA	TTGTGCCATTGAATTGAACCC
EBS	TGGTATCATCCTGCGTGTGT	CGCTTCGTTTCCACCTTAAC
ABI5	CAGTGGAATTGGAAGCTGAA	CTCGGGTTCCTCATCAATGT
AGL44	TTTTGGCAAAGAGAGGTTGC	TCCTTTTTGAGACGAACACCTT
AGL67-1	TGTCGTCCAGAGAAGGGAAC	ATGGGCCGAATTAGCTATCA
AGL67-2	TCGAGTTCGAACCAAAATCC	TTTATTGAGCAAGCAGAGTTTTT
AGP31	GACGAAGCCACCTGTTACAC	TTCACCGTAGCACCTTCGAT
ATS1	AGGAAGGTTTATGCCGGTGA	CTCTATTTTGCCTGCGATCC
ATS3	CAAGGTGTATGCACCGAAAC	GAGAGCAGATAGGGTCATTCAAA
At3g60520	CAAAGAGCAAGCTGATCCAA	CCGACCGGTACGATCTCTT
COL9	AGACGATGATGGTCCTACCG	TCCATACCAAGGTTCCCGTA
DREB19	TGGCCATGACAAGACTCAGA	CCTCCCTGGTGATAACTGGA
FLC	AGCCAAGAAGACCGAACTCA	TTTGTCCAGCAGGTGACATC
GASA2	CCACTTATGAGCTTCACGTCC	TACCAGGTGGCACACAGTTG
GASA4	CCTCTTGACCCTCATTGTCC	TGCAAGCCTTGTGGTACTGT
LEA	CAATGCTATGGATGGGGAAC	TGGAAATTTTGTCGGAAACC
MFT	ATCACTAACGGCTGCGAGAT	TCCAGTGGACCCATTCTCTC
RGL2	GAGGCGATTCACCAGGAG	CGCCGTGTAATCACGGTAA
RING1A	TGGAGACCAATCAGAGTTTATGG	GGCACAGAACTGTGGAGACA
SCL11	CCGGTGACCAAGATTTCTGT	TTGGTTCGTTTTGCATACCA
SCL14	TACATGTCGGTCTGCCCTTT	GAACTCCTTCCGCTGGTCTA
SCL30	TCGGGTGATCTAGAGGATGG	AGGGAGCAGGGAGCTTCGATTTCCTTC TTCGATTTCCTTC
SOM	AGCAATCAGCGTCTCCATCT	CCGTGAAATCGTTCATCTGT
TSO2	TGAAAACATCCACTCGGAGA	GAGAAGAAGATACCTTCGACGC
WRKY23	GACAGAGAGAGGCAAGAGTCG	CGTTACATGAAGCCGTTGTG

Tabla 6. Cebadores utilizados en los análisis de expresión por qRT-PCR de cada uno de los genes descritos.

8.3 Marcaje radiactivo de sondas e hibridación de ácidos nucleicos.

Tanto las membranas conteniendo RNA transferido tras la electroforesis en condiciones desnaturalizantes (Northern blots) como membranas portadoras de DNA procedente de aproximaciones de RT-PCR, se hibridaron con sondas marcadas radiactivamente. Los fragmentos de DNA utilizados como sonda para analizar la expresión del mensajero correspondiente se obtuvieron por amplificación mediante técnicas de PCR. Estos fragmentos de DNA fueron purificados mediante columnas de QIAquick (QIAGEN), siguiendo las instrucciones del fabricante. Todas las sondas de DNA se marcaron con 40 µCi de α-32P-dCTP (Amersham-Pharmacia) mediante el método de extensión a partir de cebadores aleatorios desarrollado por Feinberg y Vogelstein (1983). Para ello se utilizó el sistema Rediprime II DNA Ramdom Prime Labelling system (Amersham-Pharmacia). Después del marcaje, los nucleótidos no incorporados al DNA se eliminaron mediante el paso por columnas Microspin S200 HR (Amersham-Pharmacia). Las hibridaciones de ácidos nucleicos se llevaron a cabo en tubos de vidrio conteniendo de 10 a 15 ml de solución de hibridación (Sambrook et al., 1989). Las membranas se prehibridaron a 65°C durante 2 horas y posteriormente se les añadió la sonda desnaturalizada, incubándose en agitación suave durante toda la noche. Tras la hibridación, las membranas se lavaron en condiciones cada vez más astringentes, comenzando con SSC 2X y 0,1% SDS hasta llegar a 0,2X SSC y 0,1% SDS. Todas las incubaciones de lavado se realizaron a la misma temperatura a la que se realizó la hibridación, durante 20 minutos. Finalmente las membranas fueron expuestas a películas radiográficas Hyperfilm (Amersham) entre pantallas intensificadoras a -80° C, durante el tiempo necesario para la visualización de la señal.

8.4 Análisis transcriptómico global de semillas de mutantes ebs y spt-10.

Para evaluar a nivel global los genes cuya expresión se encuentra desregulada en los mutantes *ebs* y *spt-10*, se utilizaron cristales con microordenamientos de DNA del tipo ATH1 de Affymetrix. El RNA para estos ensayos se extrajo de semillas frescas embebidas durante 1 día, utilizando para ello el kit de extracción de RNA con columnas *RNAqueous*, junto con el reactivo *Plant RNA Isolation Aid* (Ambion, Applied Biosystems). El diseño experimental se basó en 3 repeticiones independientes de cada uno de los genotipos analizados. Todo el protocolo de síntesis de cDNA, del marcaje de las sondas y de las hibridaciones fue realizado por la Unidad de Genómica del Centro Nacional de Biotecnología (Madrid). La intensidad resultante de cada sonda

MATIALES Y MÉTODOS

(CEL) tras la hibridación se procesó mediante el software Affymetrix Gene ChIP. Tras la normalización de los datos obtenidos, la estimación de la intensidad de la señal se realizó por el método "robust multi-chip average" (Bolstad et al, 2003), que determina un modelo lineal de tratamiento de datos tipo ANOVA, de dos vías. Los valores medios p–value y la probabilidades (log odds), de expresión diferencial, se calcularon con el modelo LIMMA (modelo lineal para datos de microordenamientos), utilizando para ello la base de datos affyImGUI (Irizarry et al., 2003).

El análisis de la ontología de genes (GO) de los genes más expresados diferencialmente (regulados positiva o negativamente), se llevó a cabo en el Centro de Análisis NetAffx: https://www.affymetrix.com/analysis/netaffx/indx.affx.

Por su parte, los diagramas de Venn se elaboraron utilizando la aplicación http://bar.utoronto.ca/ntools/cgi-bin/ntools_venn_selector.cgi.

Para la clasificación funcional se utilizaron la base de datos MIPS con la aplicación http://mips.helmholtz-muenchen.de/proj/funcatDB/search_main_frame.html y la clasificación BAR con la herramienta http://bar.utoronto.ca/ntools/cgibin/ntools_classification_superviewer.cgi.

9. Ensayos de inmunoprecipitación de cromatina (ChIP).

Para los ensayos de ChIP, se utilizaron aproximadamente 300 mg de semillas de plantas transgénicas expresando el cDNA de EBS fusionado a un epítopo MYC. Estas semillas se embebieron durante 1 día, siguiendo el protocolo explicado anteriormente. El protocolo de ChIP se adaptó de otros descritos previamente (Johnson et al, 2002; Tai et al., 2005; Oh et al, 2007; Xi et al., 2010).

Las semillas se fijaron con una solución de formaldehido 1% durante 45 minutos en vacío. Seguidamente se añadió glicina hasta una concentración final de 100 mM, y el tejido en suspensión se incubó durante 5 minutos más, también aplicando vacío. Posteriormente las semillas se homogenizaron en nitrógeno líquido y se añadió a cada muestra solución de reacción (50 mM HEPES pH 7,5; 150 mM NaCl; 1 mM EDTA; 1% Tritón X-100 y 0,1% SDS), suplementada con pastillas de inhibidor de proteasas ("Protease Inhibitor Cocktail" de Sigma). La mezcla se sonicó para producir fragmentos de DNA de 200 pb a 1 kb. El 5% de las muestras de la cromatina solubilizada se guardó como control de input. El resto de las muestras se incubaron con bolas magnéticas acopladas a proteína G, (Dynabeads Protein G. Life

Technologies) durante toda la noche a 4°C. La mitad de estas bolas previamente habían sido incubadas con anticuerpo anti-MYC, que reconoce de forma específica dicho epítopo. Posteriormente, se lavaron las bolas 2 veces con solución de lavado con baja sal (150 mM NaCl; 0,1% SDS; 1% Tritón X-100; 2 mM EDTA, 20 mM Tris-HCl, pH8) , 2 veces con solución de lavado con alta sal (500 mM NaCl; 0,1% SDS; 1% Tritón X-100; 2 mM EDTA, 20 mM Tris-HCl, pH8), 1 vez con solución de lavado con LiCl (0,25 M LiCl; 1% NP-40; 1% deoxycholato sódico, 1 mM EDTA; 10 mM Tris-HCl, pH8), 1 vez con solución de lavado con baja sal y 2 veces con TE (10 mM Tris-HCl, pH8), 1 vez con solución de lavado con baja sal y 2 veces con TE (10 mM Tris-HCl, pH8), 1 vez con solución de lavado con baja sal y 2 veces con TE (10 mM Tris-HCl, pH8), 1 vez con solución de lavado con baja sal y 2 veces con TE (10 mM Tris-HCl, pH8), 1 vez con solución de lavado con baja sal y 2 veces con TE (10 mM Tris-HCl, pH8), 1 vez con solución de lavado con baja sal y 2 veces con TE (10 mM Tris-HCl, pH 8; 1mM EDTA). Eluimos posteriormente las muestras, y la muestra control de input, en resina Chelex 10%, e incubamos 10 minutos a 95°C. Incubamos con proteína K durante 30' a 45°C, calentamos durante 10' a 95°C y transferimos el sobrenadante con el DNA inmunoprecipitado a un nuevo tubo.

Por último, se diseñaron parejas de oligonucleótidos de diferentes zonas genómicas del locus *AGL67*, para utilizarlas como sondas identificativas de la unión de EBS a la cromatina de *AGL67* (Tabla 7). El enriquecimiento en DNA de cada fragmento precipitado se determinó por qRT-PCR.

Región genómica	Directo	Reverso	
AGL67 I	GCTTGTTTTGTTGGGTTACCA	GTGCGTATGCGTATGGATAAT	
AGL67 II	TAGGCAAGTGCCAAGAAACC	CAAATGGTGAGCGGATAGAA	
AGL67 III	TCCGCTCACCATTTGTAACTC	CCGATGGTCACTGCAAAATA	
AGL67 IV	TTTGCAGTGACCATCGGATA	AGAACATGAGGAGGGCAAGA	
AGL67 V	TCTTTTCCGGTCAAACAAGG	GTGGCTTCCACCAACAATTT	
AGL67 VI	GACGTTTTGGCGAGGTACA	GGAAAACTATGGCGCTGAAA	

Tabla 7. Cebadores utilizados en los análisis de la presencia de *AGL*67 en la región genómica de *EBS*.



1. Caracterización de la función del gen *EBS* en el control de la dormición de semillas en Arabidopsis.

1.1 Análisis de la expresión de EBS en semillas de Arabidopsis.

Estudios previos han demostrado que *EBS* muestra un patrón de expresión ubícuo en distintos tejidos y órganos de la planta de Arabidopsis tales como hojas, raíces, flores o tallo (Piñeiro et al., 2003). Puesto que *EBS* desempeña un papel en la represión de la germinación de la semilla durante el periodo de dormición, decidimos analizar si el mensajero de este gen se expresa también en la semilla. Para ello realizamos experimentos de qRT-PCR durante el proceso de germinación, empleando RNA extraído de semillas post-maduras, que son aquellas que han sido almacenadas durante el tiempo necesario para eliminar totalmente la dormición, o recién cosechadas, que mantienen altos niveles de dormición, En la Figura 10A se puede observar que la expresión de *EBS* es detectable en semillas post-maduras de Arabidopsis, y que los niveles del RNA mensajero de *EBS* son significativamente superiores en semillas sin embeber (0d) que en semillas embebidas en agua durante un día (1d). Estos resultados indican que *EBS* se expresa también en la semilla y que su expresión disminuye durante el proceso de germinación.

Las giberelinas (GA) son fitohormonas que juegan un papel central en la regulación de la germinación de la semilla (Yamauchi et al. 2004). Por ese motivo quisimos determinar si estas hormonas modulan la expresión de EBS durante dicho proceso. Para ello, cuantificamos los niveles de expresión de EBS en semillas postmaduras embebidas en presencia de 100 µM de GA, una concentración activa en la inducción de la germinación de semillas de Arabidopsis, durante diferentes periodos de tiempo (0, 1 y 2 días). Observamos que, al igual que en ausencia de GA, la expresión de EBS disminuye durante la germinación en presencia de esta hormona (Figura 10B). Con el fin de determinar si la aplicación de GA modula esta disminución de la expresión de EBS, comparamos los niveles de su mensajero en semillas embebidas durante un día en presencia y ausencia de GA. Los resultados obtenidos muestran que el tratamiento con esta hormona no altera los niveles de expresión de EBS ni en semillas post-maduras (Figura 10C) ni en semillas frescas (Figura 10D). Por tanto, se puede concluir que la expresión de EBS disminuye progresivamente durante la germinación, y que esto es independiente de la adición de GA exógena. Puesto que el ácido abscísico (ABA) también desempeña un papel esencial en la regulación de la germinación y la dormición de la semilla (Parcy et al., 1994; Piskurewicz et al., 2009;

Linkies y Leubner-Metzger, 2012; Arc et al., 2013), quisimos averiguar también si la expresión de *EBS* está modulada por esta hormona. En ensayos similares a los descritos anteriormente para las GAs, pudimos comprobar que el nivel de expresión de *EBS* tampoco cambia como consecuencia del tratamiento con una concentración de 0,5 µM de ABA, que es suficiente para inhibir la germinación (Figura 10E). Por tanto, la expresión de *EBS* también es independiente a la aplicación de ABA exógeno, lo que sugiere que estas hormonas no median la regulación transcripcional de este gen. En el gráfico 10F se muestra la media del porcentaje de germinación de las semillas utilizadas para estos ensayos. Estos datos nos permiten concluir que el comportamiento de dormición y germinación de las semillas utilizadas en estos ensayos se encuentra en valores normales, con un porcentaje de germinación de semillas post-maduras completan el proceso de germinación en su totalidad.



Figura 10. Expresión de *EBS* **en semillas de Arabidopsis y su respuesta a ABA y GAs.** A. Expresión de *EBS* en semillas post-maduras del tipo silvestre Col en el momento de la imbibición (0d representa tiempo 0 de imbibición), y embebidas durante 1 día (1d). B. Expresión de *EBS* en semillas post-maduras embebidas en presencia de GA 100 µM durante 0, 1 o 2 días. En C y D se muestra la expresión de *EBS* en semillas post-maduras (C) o frescas (D) embebidas durante 1 día en presencia (+GA) o ausencia (-GA) de GA 100 µM. E. Niveles de expresión determinados en semillas post-maduras embebidas durante 1 día en presencia de ABA a una concentración de 0,5 µM (+ABA) o en ausencia (-ABA) de la hormona. F. Dormición media, medida como germinación a los 5d de las semillas utilizadas en los ensayos: semillas frescas (F) y semillas post-maduras (A). En A-E los datos de qRT-PCR para la expresión de *EBS* se han relativizado con respecto a los del gen constitutivo *ACTINA 2 (ACT2)*. Significación: *** = p≤ 0,005, que establece un nivel de confianza del 99,5%.

EBS	1	MAKTRPGVASK-IKTGRKEL-DSY-TIKGTNK-VVR-AGD-CVLMRPSDAGKP
SHL	1	MPKQ-KAPRKQLK-SYK-LKHINKSI-QE-GDA-VLMRSSEPGKP
		* * * * ** ** * ** ** ** ***** * ***
EBS	48	-PYVARVE-KIE-ADAR-NNVKVHCRWYYRPEESLGGRRQFHGAKELFLSDHFD-VQS
SHL	40	S-YVARVEA-IET-DARGSHAKVRVRWYYRPEESIGGRRQFHGAKEVFLSDHFDF-QS
EBS	101	A-HTIEGKC-IVHTFKN-YTRLENVG-AEDYYCRFEY-KAAT-GAF-TPDRV-AVYCKCE
SHL	94	AD-TIEGKCK-VHSF-SSYTKLDSVGN-DDFFCRFEYN-S-TTGAFD-PDRVT-VFCKCE
EBS	153	MPYNPDDLMVQCE-GC-KDWYHPACVGMT-IEEAKK-LDHF-VCAE-CS-SDDDVKKSQN
SHL	146	MPYNPDDLMVQCEE-CS-EWFHPSCIG-TTIEEAKKP-DNFY-C-EECSPQQ-QN
		********** * * * * * * * * * * * * * * *
EBS	206	GFT SSPAD-DVKVE-TK-R-RKR
SHL	194	LHNSNSTSNNRDAKVNGKRSLEVTKSKNKHTKR
		** * * * * **

Figura 11. Homología existente entre las proteínas EBS y SHL de Arabidopsis. Alineamiento de secuencia entre la proteína EBS y su homólogo SHL. Las estrellas indican aminoácidos idénticos en las dos proteinas.

Con el fin de determinar los tejidos de la semilla donde se expresa EBS, realizamos tinciones para la actividad GUS en semillas de líneas transgénicas portadoras de un gen reportador GUS que se expresa bajo el control del promotor de EBS (pEBS) (pEBS::GUS). Además, analizamos también mediante tinciones de GUS la expresión de SHL en plantas pSHL::GUS. SHL es un homólogo de EBS que desempeña funciones parcialmente redundantes con este último en el control de la transición floral en Arabidopsis (López-González, Tesis Doctoral 2010). La proteína SHL pertenece a la misma familia de reguladores transcripcionales de Arabidopsis que EBS, y contiene los mismos dominios funcionales que ésta (Müssig et al., 2000). Ambas proteínas presentan un alto nivel de homología, siendo idénticas en el 58% de sus residuos (Figura 11). Estas fusiones transcripcionales del gen reportador GUS a los promotores de ambos genes homólogos nos permitieron analizar la expresión de EBS y SHL en distintos estadios del desarrollo de la semilla y durante su germinación. Las muestras se tomaron tras diferentes días después de la polinización (DDP), y después de la imbibición (DDI) de semillas frescas. La Figura 12A muestra el patrón de expresión obtenido con las líneas pEBS::GUS y pSHL::GUS, en diferentes momentos del desarrollo de la semilla y de la fase inicial de la germinación. Como se observa, al analizar las líneas pEBS:: GUS se detecta la expresión del gen reportador en los distintos estadios de desarrollo del embrión analizados durante la formación de la semilla, a los 4, 12, 16 y 20 días DDP, así como a 0 y 1d DDI. Al igual que en el caso de EBS, se observa la expresión del gen reportador GUS bajo el control del promotor de SHL en los distintos estadios analizados, si bien los niveles detectados de expresión del reportador GUS en semillas pSHL::GUS son ligeramente inferiores.



Figura 12. Los genes *EBS* y *SHL* se expresan a lo largo del desarrollo de la semilla y en los estadios iniciales de la germinación. A. Expresión del gen *GUS* bajo el control de los promotores de los genes *EBS* y *SHL* en distintos estadios del desarrollo de la semilla y la germinación. Muestras de semillas en desarrollo recogidas tras diferentes días después de la polinización (DDP) (4, 12, 16 y 20 días) y de semillas frescas después de imbibición (DDI) (0 y 1 día). B. Gráficos representativos de la expresión de *EBS* (At4g22140) y *SHL* (At4g39100) en diferentes estadios del desarrollo de Arabidopsis, obtenidos de la base de datos GENEVESTIGATOR.

Además utilizamos información disponible en bancos de datos públicos que contienen atlas de expresión de genes de Arabidopsis y otros organismos. Tal como se observa en la Figura 12B, según GENEVESTIGATOR (<u>www.genevestigator.com</u>), *EBS y SHL* se expresan en todos los tejidos analizados de Arabidopsis, aunque a diferentes niveles. En semillas, *EBS* tiene unos altos niveles de expresión mientras que *SHL* se expresa a niveles mucho más bajos. Todas estas observaciones confirman que tanto *EBS* como *SHL* se expresan en la semilla, lo que es consistente con un posible papel de estos genes en la regulación de los procesos de dormición y/o germinación.

1.2 Interacción entre *EBS* y factores ambientales en el control de la dormición de la semilla.

La dormición de la semilla es un proceso de desarrollo modulado por condiciones ambientales (Graeber et al., 2012). Las semillas durmientes de Arabidopsis y de otras muchas especies, requieren tanto luz como frío (estratificación) para germinar. Las longitudes de onda más activas para romper la dormición son las

correspondientes al espectro del rojo, captadas por los fitocromos. La luz y las bajas temperaturas promueven la biosíntesis de GA, hormona que promueve la germinación de la semilla (Yamauchi et al. 2004). Con el fin de comprender el papel de *EBS* en la regulación de la dormición, hemos analizado la influencia que tienen sobre este aspecto del fenotipo del mutante *ebs* factores ambientales como la luz y la temperatura. Para ello, hemos determinado la capacidad de germinación de semillas frescas del mutante *ebs* en condiciones de luz y de oscuridad, y en combinación con tratamientos de estratificación o en ausencia de dichos tratamientos. En todos los casos, los niveles de germinación se han relativizado al número de semillas viables en los lotes de semillas empleados en estos ensayos que se estableció cuantificando el número de semillas que germinan tras un tratamiento saturante de estratificación.

La dormición de la semilla se rompe después de un almacenamiento prolongado (semanas o meses), tras el cual las semillas han salido de dormición (semillas post-maduras), y pueden germinar de forma eficiente en todas las condiciones ensayadas. Sin embargo, al contrario que las semillas post-maduras, las semillas frescas del tipo silvestre Ler requieren tanto luz como estratificación para germinar (Figura 13). Por el contrario, las semillas del mutante ebs muestran una reducción considerable de la dormición en ausencia de estratificación y en condiciones de luz blanca, ya que una proporción elevada de dichas semillas es capaz de germinar en estas condiciones. Estas observaciones son consistentes con datos previos que sugerían la implicación de EBS en el control del proceso de dormición de la semilla de Arabidopsis (Gómez-Mena et al., 2001). En condiciones de oscuridad, las semillas frescas del mutante ebs muestran niveles bajos de germinación, aunque superiores a las semillas del tipo silvestre. Además, si las semillas frescas del mutante ebs se someten a un tratamiento de estratificación de 3 días de duración, se elimina la dormición de la semilla en oscuridad (Figura 13B). Este tratamiento, sin embargo, no es suficiente para eliminar totalmente la dormición de las semillas de tipo silvestre (Figura 13B). Por lo tanto, y de acuerdo con nuestras observaciones previas (Gómez-Mena et al., 2001), EBS participa en el mantenimiento de la dormición, y además media la respuesta a la luz y la temperatura en la germinación de las semillas durante el periodo de dormición.

87



Figura 13. Fenotipo de dormición de semillas del mutante *ebs* en distintas condiciones ambientales que modulan la germinación. A. Dormición de semillas de L*er* post-maduras y de semillas frescas de L*er* y *ebs*, 5 días después de la imbibición (DDI), en condiciones de luz blanca (LB) y oscuridad (OSC). B. Dormición de semillas de L*er* post-maduras, y de L*er* y *ebs* frescas en condiciones de luz blanca (LB) y en oscuridad (OSC), tras un período de estratificación (E). La dormición se cuantificó como porcentaje de germinación de semillas relativizado al número total de semillas viables en cada lote empleado. La viabilidad de cada lote se determinó midiendo la proporción de semillas que son capaces de germinar tras un tratamiento saturante de estratificación. En general, la viabilidad de los lotes empleados fue siempre superior al 80 %. Significación: *** = $p \le 0,005$, que establece un nivel de confianza del 99,5%.

La respuesta de germinación de la semilla está mediada fundamentalmente por la luz roja (Hennig et al., 2002; Oh et al., 2004; Franklin et al., 2010). Puesto que *EBS* es necesario para la represión de la germinación de la semilla durmiente en luz blanca, nos propusimos determinar si esta represión era dependiente también de luz roja. Para ello, comparamos la germinación de semillas frescas de L*er* y *ebs*, y semillas de L*er* post-maduras en condiciones de luz blanca y de luz monocromática roja. Como se observa en la Figura 14, la germinación de las semillas del mutante *ebs* se comporta de forma muy similar en ambas condiciones de luz, lo que sugiere que *EBS* también participa en la represión de germinación bajo condiciones de luz roja.



Figura 14. Fenotipo de dormición de semillas del mutante *ebs* **en distintas condiciones lumínicas.** A. Dormición cuantificada como germinación de semillas de L*er* post-maduras y de semillas frescas de L*er* y *ebs* a los 5 DDI, en condiciones de luz blanca (LB) y luz roja (LR). B. Dormición cuantificada como germinación de semillas de L*er* post-maduras, y de L*er* y *ebs* frescas en condiciones de luz blanca (LB) y luz roja (LR), tras un período de estratificación (E). Significación: ***=p≤0,005, **=p≤0,01, que establecen un nivel de confianza del 99,5% y del 99%, respectivamente.

1.3 Efecto de la sobreexpresión de *EBS* sobre la dormición de la semilla.

1.3.1 Sobreexpresión constitutiva de EBS.

Resultados previos obtenidos en nuestro laboratorio mostraron que la sobreexpresión de EBS en líneas transgénicas de Arabidopsis produce una aceleración del tiempo de floración, un fenotipo similar al que originan las mutaciones de pérdida de función (Piñeiro et al., 2003). Igual que con EBS, este efecto se ha observado al sobreexpresar otros represores de floración que participan en procesos de remodelación de cromatina (Berr et al., 2011), y es probablemente debido a que estas proteínas forman parte de complejos proteicos que modulan la conformación de la cromatina para controlar la expresión de sus genes diana. Es posible que la sobreacumulación de uno de los miembros del complejo pueda alterar la estequiometría entre las diferentes subunidades del mismo, afectando a su composición, estabilidad o funcionamiento. Para comprobar si la sobreexpresión de EBS produce el mismo efecto sobre la dormición de las semillas que su pérdida de función, analizamos el comportamiento de dormición de semillas de la línea Tn13.3, que expresa EBS bajo el control del promotor constitutivo CaMV35S (35S::EBS) y provoca un aumento significativo en los niveles de RNA mensajero de EBS (Piñeiro et al., 2003; López-González, Tesis Doctoral 2010). En la Figura 15A observamos que en semillas frescas que sobreexpresan EBS, se produce una reducción significativa de la dormición, similar a la que se produce en el mutante ebs, tanto en condiciones de luz como de oscuridad. En la figura 15B se muestra el porcentaje de germinación de estas mismas semillas tras una exposición a frío durante 3 días, donde las semillas analizadas germinan totalmente. Los resultados obtenidos indican que al igual que en el caso de la floración, la sobreexpresión de EBS produce una desregulación de la dormición de la semilla, similar a la observada en semillas del mutante ebs de pérdida de función (Figura 15).



Figura 15. Fenotipo de dormición de líneas transgénicas de Arabidopsis que sobreexpresan *EBS* bajo el control del promotor constitutivo CaMV35S en fondo genético Ler. A. Dormición cuantificada como germinación de semillas frescas de Ler, ebs y 35S::*EBS* en condiciones de LB y OSC. B. Dormición

cuantificada como germinación de semillas frescas de L*er*, *ebs* y 35S::*EBS* en condiciones de LB y OSC, después de 3 días de estratificación (E). Significación: $*=p \le 0,05$, que establece un nivel de confianza del 95%.

Se han descrito diferencias en los niveles de dormición de la semilla entre distintas accesiones de Arabidopsis, y de hecho este proceso ha sido estudiado desde el punto de vista de variación natural (Alonso-Blanco et al., 2003; Bentsink et al., 2010; Barua et al., 2011; Nguyen et al., 2012). Con el fin de determinar si el fondo genético establecía diferencias en la respuesta de dormición mediada por *EBS*, analizamos el efecto de su sobreexpresión constitutiva y/o de su pérdida de función en diferentes accesiones de Arabidopsis. En primer lugar, determinamos si el fenotipo de dormición observado en semillas de mutantes *ebs* y líneas 35S::*EBS* en fondo L*er*, también está presente en semillas en fondo Col. Como se observa en la Figura 16, en condiciones de luz, de oscuridad y después de estratificar, las semillas frescas del mutante *ebs* y de las líneas de sobreexpresión 35S::*EBS* en fondo Col, presentan una reducción significativa de la dormición en comparación con el tipo silvestre Col. Este comportamiento es similar al observado previamente en semillas de tipo silvestre L*er*, por lo que se puede concluir que el control de la dormición mediado por *EBS* es independiente del fondo genético.



Figura 16. Fenotipo de dormición de líneas transgénicas de Arabidopsis que sobreexpresan *EBS* bajo el control del promotor constitutivo CaMV35S en fondo genético Col. Dormición cuantificada como germinación de semillas frescas Col, *ebs* y 35S::*EBS* en condiciones de LB, OSC y después de estratificación (E+LB). Significación: ***=p≤0,005, *= p≤0,05, que establece un nivel de confianza del 99,5% y del 95%, respectivamente.

Tanto Col como L*er* son ecotipos frecuentemente usados en el laboratorio, pero muestran niveles bajos de dormición de la semilla (Penfield et al., 2005; Liu et al., 2007; Bassel et al., 2011; Liu et al., 2011; Zheng et al., 2011; Nakabayashi et al., 2012; Vaistij et al., 2013). Por ello, quisimos analizar el efecto de *EBS* sobre el fenotipo de dormición de accesiones de Arabidopsis con niveles altos de dormición de la semilla, como es el caso de Cvi (Alonso-Blanco et al., 2003), y determinar si *EBS* podría

desempeñar un papel en el control de la dormición también en ecotipos muy durmientes. Puesto que no disponemos de líneas mutantes para *EBS* en fondo Cvi y la sobreexpresión de *EBS* causa efectos similares a la pérdida de función en las accesiones L*er* y Col, decidimos ensayar el efecto de la sobreexpresión constitutiva de *EBS* en fondo Cvi. Para ello, generamos líneas transgénicas 35S::*EBS* en plantas de Arabidopsis de este ecotipo. En la Figura 17 se observa que el nivel de expresión de *EBS* en la línea de sobreexpresión en fondo Cvi es mayor que en el correspondiente tipo silvestre. Además, puesto que la construcción empleada es portadora de un gen reportador *GUS* bajo el control del promotor CaMV35S, las plantas empleadas en estos ensayos muestran expresión constitutiva de este marcador (Figura 17C).



Figura 17. Expresión de *EBS* **en** líneas de sobreexpresión 35S::*EBS* generadas en fondo genético **Cvi**. A. Expresión de *EBS* en semillas frescas embebidas de Cvi y 35S::*EBS* en fondo Cvi después de someterlas a un tratamiento de 7 días en oscuridad a 4°C y 1 día en LB, medida mediante técnicas de qRT-PRC. Los valores de expresión se han relativizado con los de *UBIQUITIN-CONJUGATING ENZYME 21 (UBC)*. B. Expresión de *EBS* en plantas de Cvi, 35S::*EBS* (Cvi) y L*er*, por RT-PCR semicuantitativa. 1, 2 y 3 corresponden a preparaciones de cDNA de plantas independientes. C. Tinción de actividad GUS en hojas de plantas Cvi y 35S::*EBS* (Cvi).

Con el fin de comprobar el efecto de la sobreexpresión de *EBS* sobre la dormición del ecotipo durmiente Cvi, recogimos simultáneamente semillas de plantas 35S::*EBS* (Cvi) y del tipo silvestre Cvi. Además, recolectamos semillas de otras accesiones con distintos niveles de dormición tales como L*er*, Col y C24. En todos los casos, las plantas de las que se recogieron estas semillas se cultivaron al mismo tiempo y en idénticas condiciones. Posteriormente, las semillas recolectadas se almacenaron durante diversos periodos de tiempo entre 0 y 12 semanas, para determinar cómo disminuye el nivel de dormición de las semillas durante el proceso de maduración. Como se observa en la Figura 18, las semillas de L*er* y Col muestran

niveles bajos de dormición de la semilla, ya que después de dos semanas de almacenamiento, el 100% de las semillas germinan, a pesar de que son incapaces de germinar inmediatamente después de la recogida. En cambio, de acuerdo con resultados previos (Alonso-Blanco et al., 2003; Bethke et al., 2004), las accesiones C24 y Cvi muestran niveles de dormición muy superiores, ya que las semillas de C24 alcanzan el 50% de germinación tras 8 semanas de post-maduración y las de Cvi tras 10 semanas. Sin embargo, semillas de la línea sobreexpresora 35S::*EBS* (Cvi) necesitan 6 semanas de almacenamiento para llegar al 50% de germinación, indicando nuevamente que la sobreexpresión de *EBS* produce una disminución del periodo de dormición, incluso en accesiones con semillas muy durmientes. Estas observaciones confirman que EBS desempeña un papel esencial en la represión de la germinación durante el periodo de la dormición de la semilla.



Figura 18. La sobreexpresión de *EBS* reduce el periodo de dormición de la semilla en accesiones durmientes de Arabidopsis. Fenotipo de dormición de semillas frescas de Col, L*er*, C24, Cvi y 35S::*EBS* (Cvi) tras diferentes periodos de post-maduración (0, 2, 4, 8 y 12 semanas). El nivel de germinación de cuantificó a los 5 DDI.

Puesto que el proceso de estratificación contribuye a la rotura de la dormición, decidimos explorar la posible influencia de la sobreexpresión de *EBS* en esta respuesta. Para ello, determinamos el nivel de dormición de semillas de Cvi y de las líneas sobreexpresoras de *EBS* (Cvi), después de estratificarlas durante 7 días a 4°C. Como se observa en la Figura 19, este tratamiento de estratificación no provoca ningún efecto sobre la germinación de las semillas de Cvi, indicando que este tratamiento no es suficiente para romper la dormición de estas semillas. En cambio, la línea sobreexpresora 35S::*EBS* (Cvi) presenta una reducción considerable de la dormición, con un porcentaje de germinación superior al 80%. Estos resultados sugieren que la sobreexpresión de *EBS* aumenta la sensibilidad del ecotipo Cvi a

tratamientos de frío que liberan a la semilla de la dormición, y son consistentes con que EBS desempeñe un papel central en la regulación de este proceso.



Figura 19. La sobreexpresión de *EBS* confiere un aumento de la sensibilidad a la estratificación de semillas de accesiones durmientes de Arabidopsis. A) Fenotipo y B) cuantificación de la dormición de semillas frescas de Cvi y 35S::*EBS* (Cvi) después de 7 días de estratificación a 4°C. Los niveles de germinación se cuantificaron tras 5 DDI en condiciones de LB.

1.3.2 Sobreexpresión inducible de EBS.

Con el fin de determinar si la sobreexpresión de *EBS* inducida en determinados estadios del desarrollo, también provoca efectos similares a la sobreexpresión constitutiva sobre la dormición de la semilla, nos propusimos generar líneas transgénicas de Arabidopsis que sobreexpresen *EBS* de manera inducible. Para ello, generamos líneas sobreexpresoras de *EBS* inducibles por β -estradiol, clonando la región codificante del cDNA de *EBS* en el vector de expresión pMDC7 (Curtis y Grossniklaus, 2003), que contiene un sistema inducible llamado XVE. En presencia de β -estradiol, la hormona inductora, el factor XVE se activa e induce la expresión de *EBS*.

Para realizar dicha construcción, se utilizó el cDNA de longitud completa de *EBS* (Piñeiro et al., 2003), con un tamaño de 675 pares de bases. El plásmido XVE::*EBS* se transformó en plantas de Arabidopsis y tras la siembra en medios con los antibióticos apropiados, se seleccionaron 26 líneas transgénicas independientes que presentaban una segregación de la resistencia a higromicina de 3:1 de resistentes:sensibles, y que por tanto, con mayor probabilidad serían portadoras de una única inserción del T-DNA. Puesto que la sobreexpresión de *EBS* produce una aceleración de la floración (Piñeiro et al., 2003), decidimos centrar nuestra búsqueda en aquellas líneas transgénicas que mostraron un fenotipo de floración temprana en

presencia de β -estradiol, en comparación con las mismas líneas no tratadas con β estradiol y con las líneas de tipo silvestre. A continuación, analizamos la expresión de *EBS* en estas líneas cultivadas en presencia y ausencia del agente inductor, β estradiol, con el fin de determinar cuáles de ellas respondían a la inducción hormonal de forma adecuada, mostrando niveles elevados de expresión de *EBS* en respuesta a β -estradiol, pero no en su ausencia.



Figura 20. Inducción de la expresión de *EBS* en líneas XVE::*EBS* seleccionadas. Expresión de EBS en las líneas XVE::*EBS* seleccionadas. Para la hibridación de RNA se utilizaron 10 µg de RNA total extraído de plántulas tratadas (+estradiol) o sin tratar (-estradiol) con β -estradiol a una concentración de 10 µM. Como sonda se utilizó un fragmento del cDNA de *EBS*, amplificado con cebadores específicos del gen. Como control de carga se muestra el gel teñido con Bromuro de Etidio, antes de la transferencia del RNA a la membrana. Las líneas transgénicas analizadas se han nombrado EBS 1, 2 y 6.

Como se muestra en la Figura 20, la línea EBS 6 muestra una clara sobreexpresión de *EBS* al cultivarla en presencia de 10 μ M de β -estradiol, pero no en ausencia de éste, por lo que fue seleccionada como línea de trabajo para los análisis siguientes.

Para optimizar el tratamiento inductor quisimos averiguar las concentraciones de β -estradiol bajo las que se producía una sobreexpresión de *EBS*, empleando para ello un rango de tratamientos similares a los descritos previamente (Zuo et al., 2000; Brand et al., 2006; Liu et al., 2008). Pudimos comprobar que en todas las concentraciones estudiadas (entre 2 μ M y 100 μ M), se observa una clara inducción de la expresión de *EBS* (Figura 21A). Además, un tratamiento con 10 μ M d φ -estradiol no produce ninguna inducción observable en plantas de tipo silvestre Col, por lo que se puede concluir que la sobreexpresión inducible de *EBS* observada en la línea EBS 6, es dependiente del activador transcripcional sintético XVE y de la presencia d φ -estradiol (Figura 21A). Resultados similares se obtuvieron en experimentos de qRT-

PCR, en los que se obtuvo una inducción de la expresión de *EBS* superior a 7 veces con un tratamiento de β -estradiol 10 μ M (Figura 21B).



Figura 21. Efecto de la concentración de β-estradiol sobre la inducción de la expresión de *EBS* en plantas XVE::*EBS*. A. Northern blot mostrando la inducción de la expresión de *EBS* en respuesta a diferentes concentraciones de β-estradiol (0, 2, 10, 50, 100 µM) de la línea transgénica EBS 6 portadora de la construcción XVE::*EBS*. Como control de carga se muestra el gel teñido con Bromuro de Etidio, antes de la transferencia del RNA a la membrana. B. qRT-PCR mostrando la inducción de la expresión de *EBS* en respuesta a tratamientos con 10 µM de β-estradiol (+estradiol) y en ausencia (-estradiol) de plantas de la línea EBS 6 inducible. Los valores de expresión se han relativizado a los de *UBC*.

Tal como se ha mencionado anteriormente, la sobreexpresión de *EBS* provoca una aceleración de la floración en plantas de Arabidopsis (Piñeiro et al., 2003). Por ello, decidimos analizar el tiempo de floración de la línea EBS 6 en respuesta a tratamientos con β -estradiol. Como se observa en la Figura 22, esta línea muestra un fenotipo de floración temprana en condiciones de día largo tras la aplicación β de estradiol, con diferencias significativas respecto a las líneas silvestres, y respecto a la línea transgénica sin tratar con β -estradiol.



Figura 22. La sobreexpresión inducida de *EBS* provoca una aceleración de la floración. A. Fenotipo de floración temprana de la línea EBS 6 tras el tratamiento con 50 μ M β -estradiol (+); (-) indica plantas no expuestas a β -estradiol. A la derecha del panel A se muestra el fenotipo de floración desarrollado por una planta que sobreexpresa constitutivamente *EBS* (35S::*EBS*). B. Cuantificación del tiempo de floración en líneas de Col y de la línea inducible por β -estradiol (EBS 6), inducidas (+) y sin inducir (-) y de líneas

sobreexpresoras 35S::*EBS*. Significación: ***=p≤ 0,005, *= p≤ 0,05, que establece un nivel de confianza del 99,5% y del 95%, respectivamente.

Estos resultados corroboran que la línea EBS 6 muestra el comportamiento esperado, ya que la expresión de EBS se induce con tratamientos de β-estradiol, y esta acumulación excesiva del tránscrito de EBS produce una aceleración de la floración, tal como ocurre en las líneas 35S::EBS. Además, esta floración prematura es dependiente de β-estradiol. Así pues, decidimos ensayar si la disminución de la dormición que se observa en las líneas de sobreexpresión 35S:: EBS, también se produce en una línea portadora de una construcción de EBS inducible por β-estradiol. Para ello, cultivamos semillas frescas obtenidas de las plantas transgénicas portadoras de la construcción de inducción de EBS por β-estradiol, en placas con diferentes concentraciones de dicha hormona. Pudimos comprobar que la dormición de estas semillas de la línea transgénica, medida como germinación a los 5 DDI, disminuía al aumentar la concentración de β-estradiol, tanto en condiciones de luz como de oscuridad. Por el contrario, la dormición de las semillas recién recolectadas de Col no se ve afectada por el tratamiento con β -estradiol (Figura 23). Estos resultados indican que la sobreexpresión inducible de EBS provoca también una disminución de la dormición de las semillas, y nos permite concluir que la acumulación de EBS una vez se ha completado el desarrollo de la semilla es suficiente para desregular este proceso. Estos resultados sugieren que el efecto de EBS sobre la dormición no se produce, al menos exclusivamente, durante el desarrollo de la semilla, y que EBS desempeñaría una función de represión de la germinación que es necesaria tras la imbibición de la semilla.



Figura 23. La sobreexpresión inducible de *EBS* durante la imbibición provoca una reducción en la dormición de semillas. A. Germinación a los 5 DDI, de semillas frescas del ecotipo silvestre Col y de plantas transgénicas inducibles por β -estradiol (EBS 6), expuestas a diferentes concentraciones de la hormona esteroide (0, 1, 10, 25 µM), en condiciones de luz (A) y de oscuridad (B). Significación: ***=p≤ 0,005, *= p≤ 0,05, que establece un nivel de confianza del 99,5% y del 95%, respectivamente.
2. Papel del gen *SHL*, un homólogo de *EBS*, en el control de la dormición en Arabidopsis.

En Arabidopsis existen dos proteínas con alta homología a nivel de secuencia con EBS, SHORT LIFE (SHL) (Müssig et al., 2000) y otra proteína predicha, que nosotros hemos denominado EBS-LIKE2 (EBL2). Tal como hemos comentado en secciones anteriores, SHL desempeña funciones que son parcialmente redundantes con EBS en el control de la transición floral y otros procesos de desarrollo, como el desarrollo de flores y frutos. Puesto que el gen SHL también muestra un patrón de expresión ubicuo como EBS y se expresa en la semilla, es posible que también esté implicado en la regulación del proceso de germinación durante el periodo de dormición. Con el fin de analizar el posible papel de SHL en el control de este proceso, y su posible dependencia respecto al fondo genético de las semillas, hemos analizado el comportamiento de dormición de semillas frescas procedentes de los mutantes shl-1 y shl-2, mutaciones presentes en fondo genético Col y Ler, respectivamente. Además analizamos también el comportamiento de los correspondientes dobles mutantes con ebs (ebs shl-1 y ebs shl-2). Como se muestra en la Figura 24, las semillas frescas de los mutantes shl-1 y shl-2 tienen un comportamiento similar al de su correspondiente tipo silvestre (Col y Ler, respectivamente), y son incapaces de germinar en LB. Sin embargo, las semillas de los dos dobles mutantes ebs shl-1 y ebs shl-2 muestran una moderada pero reproducible disminución de la dormición en comparación con ebs en ambos fondos genéticos.

Cuando realizamos estos experimentos en condiciones de oscuridad, llegamos a una conclusión similar. En condiciones de oscuridad, las semillas frescas de los mutantes *shl-1* y *shl-2* se comportan de manera similar a las de los tipos silvestres L*er* y Col, y son incapaces de germinar. Por el contrario, las semillas de los dobles mutantes *ebs shl-1* y *ebs shl-2* muestran una reducción de la dormición en ausencia de estratificación y en condiciones de oscuridad mayor que la del mutante sencillo *ebs* (Figura 25). Por tanto, en condiciones de oscuridad, *SHL* parece tener cierta redundancia funcional con *EBS* en el control de la dormición. Estos datos sugieren que *SHL* podría jugar un papel redundante con *EBS* en la represión de la germinación de las semillas durmientes, función que se desvela únicamente en presencia de mutaciones que eliminan la actividad de *EBS*. Además, este papel seria independiente del fondo genético, ya que se observa tanto en Col como en L*er*.



Figura 24. Análisis de la función que desempeña *SHL* en el control de la dormición en Arabidopsis en condiciones de luz. Dormición estimada como el porcentaje de germinación a los 5 DDI, de semillas de los ecotipos silvestres Col y Ler y de mutantes en estos fondos genéticos de *ebs*, *shl* y *ebs shl*, cultivadas en LB y fotoperiodo de 16 horas de luz y 8 de oscuridad. En A se muestran los resultados obtenidos con el alelo *shl-1* y en B con *shl-2*. Significación de los resultados de *ebs* y *shl* respecto al tipo silvestre, y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos: *** =\$0,005, que establece un nivel de confianza del 99,5%.



Figura 25. Análisis del papel que desempeña *SHL* en el control de la dormición en Arabidopsis en condiciones de oscuridad. Cuantificación de la germinación de semillas frescas a 7 DDI, cultivadas en condiciones de oscuridad, de los ecotipos silvestres Col y L*er*, y de mutantes en estos fondos de *ebs*, *shl* y *ebs shl*. En A se muestran los resultados obtenidos con el alelo *shl-1* y en B con *shl-2*. Significación de los resultados de *ebs* y *shl* respecto al tipo silvestre, y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos: *** = $p \le 0,005$, que establece un nivel de confianza del 99,5%.

3. Interacción de *EBS* y *SHL* con hormonas implicadas en la regulación del proceso de la dormición de la semilla.

Como hemos discutido anteriormente, las fitohormonas GA y ABA desempeñan papeles centrales en la regulación de la germinación y la dormición de la semilla de Arabidopsis. Por ello, decidimos estudiar la respuesta de dormición a estas hormonas en semillas frescas de los mutantes ebs y shl-2, así como del doble ebs shl-2. En primer lugar estudiamos el efecto de las GAs (Figura 26A) y de un inhibidor de la síntesis de éstas, el paclobutrazol (PAC) (Figura 26B), en la germinación de semillas frescas de estos mutantes de Arabidopsis. De acuerdo con el papel de las GAs, en semillas de tipo silvestre Ler, la adición de concentraciones crecientes de esta hormona provoca que aumente la tasa de germinación de semillas frescas. Además, en presencia de cualquier concentración de PAC, las semillas de Ler son incapaces de germinar. El comportamiento del mutante shl-2 es similar al de Ler, mientras que las semillas del mutante ebs presentan una reducción de la dormición aún en ausencia de GAs exógenas. Además, la germinación de semillas frescas de ebs aumenta progresivamente al incrementar la concentración de GA en el medio de germinación. Por otra parte, las semillas frescas del doble mutante ebs shl-2 muestran una pérdida casi total de la dormición, incluso en ausencia de GAs exógenas, ya que prácticamente todas las semillas germinan. Asimismo, las semillas del doble mutante ebs shl-2, tienen mayor resistencia a PAC que las de ebs, siendo necesaria una concentración diez veces superior de PAC para poder inhibir la germinación de las semillas frescas del doble mutante (Figura 26B).



Figura 26. Efecto de giberelinas (GA) y paclobutrazol (PAC) sobre la dormición de semillas de mutantes ebs, shl-2 y ebs shl-2. Germinación de semillas frescas del ecotipo silvestre Ler, y de mutantes en este fondo genético de ebs, shl-2 y ebs shl-2, en respuesta a concentraciones crecientes de GA (A) y PAC (B). La germinación se cuantificó a los 5 DDI.



Figura 27. Efecto de ABA sobre la dormición de semillas de mutantes *ebs, shl-2* **y** *ebs shl-2.* Germinación de semillas frescas a los 5 DDI del ecotipo silvestre Ler, y de mutantes *ebs, shl-2, ebs shl-2* y del mutante insensible a ABA, *abi1,* en respuesta a diferentes concentraciones de ABA.

De igual manera, quisimos analizar la respuesta de las semillas frescas de estos mutantes a concentraciones crecientes de ABA. Como se muestra en la Figura 27, la adición de ABA ($0,25\mu$ M-1mM) al medio de germinación impide que incluso el pequeño porcentaje de las semillas frescas de tipo silvestre L*er* que germinan en ausencia de ABA, lo hagan en presencia de esta hormona inductora de la dormición de la semilla. Resultados muy similares se obtienen con las semillas del mutante *shl-2*. Sin embargo, las semillas del mutante *ebs* germinan en presencia de concentraciones bajas de ABA, mostrando mayor resistencia a esta hormona que las del tipo silvestre. Además, las semillas del doble mutante *ebs shl-2*, muestran menor sensibilidad a ABA que las semillas de *ebs* en cualquiera de las concentraciones estudiadas. En la Figura 27 se muestra también los resultados obtenidos con el mutante insensible a ABA *abi1-*3. Estos resultados son consistentes nuevamente con la hipótesis de que *SHL* tiene funciones redundantes con *EBS* en el control de la dormición de la semilla, y sugiere que los reguladores transcripcionales codificados por ambos genes podrían estar implicados en la regulación de este proceso de desarrollo mediado por hormonas.

4. Función de *EBS* y *SHL* en la regulación del desarrollo de la cubierta de la semilla.

La testa es la cubierta externa de la semilla que se deriva de los tejidos maternos, y que cubre al embrión y a la capa de endospermo que lo rodea (Holdsworth et al., 2008). La testa está constituida por una capa de células muertas, y se ha comprobado que es necesaria para la dormición de la semilla, ya que mutantes alterados en la pigmentación o en la estructura de la testa muestran defectos en la dormición (Debeaujon y Koornneef, 2000; Debeaujon et al., 2000; Holdsworth et al.,

2008). Esta capa epidérmica se desarrolla a partir del integumento exterior del óvulo tras la fecundación. Durante el desarrollo de la semilla, la epidermis sintetiza y segrega de forma polarizada gran cantidad de mucílago en el apoplasto, y acaba dando lugar a una estructura en forma de volcán llamada columela en las células epidérmicas (Haughn y Chaudhury, 2005). Durante los estadios finales de la maduración de la semilla, estas células sufren apoptosis y la capa de mucílago se seca. Cuando la semilla se hidrata tras la siembra, esta capa hidrófila de mucílago se expande y acaba atravesando la pared celular para rodear totalmente la semilla (Zwieniecki et al., 2001; Haughn y Chaudhury, 2005). Debido al papel que desempeña la cubierta de la semilla en el proceso de dormición y germinación, decidimos analizar la estructura superficial de las semillas de los mutantes ebs y shl-2, así como del doble mutante ebs shl-2, utilizando para ello técnicas de microscopia electrónica. Como se observa en la Figura 28 las semillas de shl-2 presentan una estructura epidérmica similar a las de Ler, con células hexagonales en las que es visible la columela con forma de volcán. Sin embargo, en las semillas de ebs y ebs shl-2, se observan alteraciones en la morfología celular, con células cuadradas o pentagonales, y defectos en la columela.



Figura 28. Mutaciones en el locus *EBS* provocan alteraciones en la morfología de la cubierta de la semilla. Imágenes de la superficie de semillas de L*er*, *ebs*, *shl-2* y *ebs shl-2* tomadas al microscopio electrónico con 400 y 1200 aumentos.

Por otro lado, decidimos analizar si la capa viscosa de mucílago que recubre la semilla está también alterada en los mutantes *ebs*, *shl-1* y *shl-2*. Se ha propuesto que el mucílago puede tener un papel en la germinación, actuando como una barrera para el oxígeno y también para la dispersión de la semilla (Gutterman y Shem-Tov, 1996). Igualmente podría ser necesario para absorber agua, con el fin de aumentar y estabilizar el potencial hídrico que rodea la semilla, y asegurar así la germinación y el establecimiento de las plántulas (Penfield et al., 2001). Asimismo, se ha propuesto que tendría un papel en la protección de las heridas en la semilla (Wester, 2012). Con el fin de visualizar posibles alteraciones en la formación de la capa de mucílago en los

mutantes *ebs* y *shl* así como los dobles mutantes correspondientes en fondos genéticos L*er* y Col, realizamos tinciones con rojo de rutenio. Como se observa en la Figura 29, este reactivo provoca la formación de una cápsula de color rosa alrededor de la semilla, señalando el mucílago. Como se muestra en la Figura 29, se observa una capa de mucílago clara en las semillas de los ecotipos silvestres L*er* y Col y también en los dos mutantes *ebs, shl-1* y *shl-2*. Sin embargo, en las semillas de los dobles mutantes *ebs shl-1* y *ebs shl-2* no se aprecia la formación de la capa de mucílago tras su hidratación, lo que indica que las proteínas EBS y SHL serían necesarias para la formación de esta estructura, y que ambos genes tendrían funciones redundantes en la regulación de este proceso. Investigaciones adicionales serán necesarias para poder establecer una conexión entre el papel desempeñado por *EBS* y *SHL* en el desarrollo de la cubierta de la semilla, con la función que llevan a cabo estos genes en el proceso de dormición.



Figura 29. *EBS* y *SHL* tienen papeles redundantes en el desarrollo del mucílago de semillas frescas. Imágenes de la tinción con rojo de rutenio (0,03 p/v), de semillas frescas de las líneas silvestres Ler y Col, y de las líneas mutantes *ebs* y *shl* en fondo genético *Ler* y Col, y de los dobles mutantes *ebs* s*hl*-1 y *ebs shl*-2.

5. Análisis molecular de la función desempeñada por *EBS e*n el control de la dormición de la semilla.

5.1 Identificación mediante análisis transcriptómicos globales de genes controlados por los reguladores transcripcionales *EBS* y *SPT* durante la dormición de la semilla.

Los dominios funcionales presentes en EBS sugieren que se trata de una proteína reguladora de la transcripción, implicada en procesos de remodelación de la cromatina. Consistente con esta hipótesis, resultados recientes de nuestro grupo muestran que EBS puede unirse a través de su dominio PHD a histonas modificadas

(en concreto a H3K4me2/3), y que es necesaria para mantener una conformación transcripcionalmente inactiva de la cromatina en sus genes diana durante estadios previos a la transición floral. De hecho, la expresión de FT, un regulador central de la floración, se encuentra desreprimida en los mutantes ebs, y además hemos demostrado que EBS puede unirse a regiones discretas de la cromatina del locus FT. Todas estas observaciones indican que EBS actuaría como un represor transcripcional de FT, participando en la modulación de la estructura de la cromatina de este locus. Además, análisis transcriptómicos realizados en nuestro laboratorio con plántulas del mutante ebs muestran que la expresión de un número considerable de genes está desregulada, lo que de nuevo es consistente con un papel de la proteína EBS en la regulación de la expresión génica. Por todo ello, nuestra hipótesis de trabajo es que las alteraciones de la dormición observadas en los mutantes ebs podrían deberse a que EBS es necesaria para regular la expresión de genes implicados en el mantenimiento de la represión de la germinación durante el periodo de dormición. Con el fin de identificar genes que se encuentren desregulados en el mutante ebs durante dicho proceso de desarrollo, hemos realizado un análisis transcriptómico de semillas frescas de este mutante embebidas durante 1 día.

Si bien el foco principal de este trabajo de Tesis Doctoral es profundizar en el conocimiento del papel que desempeña EBS en el control de la dormición de la semilla, en este análisis se incluyó también el mutante spt-10, que igualmente presenta alteraciones a nivel de este proceso. Como hemos mencionado anteriormente, SPT codifica un factor de transcripción de tipo bHLH implicado en la regulación de la dormición y que media la respuesta de germinación a la luz y la temperatura (Penfield et al., 2005). Es previsible que este factor de transcripción regule la dormición de la semilla modulando la transcripción de genes implicados en el control de este proceso. Al igual que ebs, el mutante spt-10 se encuentra en fondo genético Ler, y se describió como un alelo de pérdida de función de SPT que provoca una fuerte reducción de la dormición de la semilla, eliminando el requerimiento de estratificación de semillas frescas en condiciones de luz (Penfield et al., 2005). Por el contrario, otros alelos de SPT como spt-2, en el mismo fondo genético, habían sido descritos como alelos de ganancia de función (Penfield et al., 2005). Además, los genes GA3ox1 y 2 implicados en la biosíntesis de GAs se encuentran sobreexpresados en el mutante spt-10 (Penfield et al., 2005). Todas estas observaciones llevaron a proponer que SPT sería necesario para la represión de la germinación en semillas frescas actuando como un inhibidor de la expresión de genes GA3OX (Penfield et al., 2005). Sin embargo, resultados posteriores han mostrado que

103

SPT desempeña papeles opuestos en el control de la dormición de diferentes accesiones de Arabidopsis y que la inserción de T-DNA presente en el alelo *spt-10* resulta en un aumento de expresión de *SPT* (Vaistij et al., 2013; este trabajo).

La comparación de los patrones de expresión globales durante la dormición en los mutantes *ebs* y *spt-10*, contribuirá a esclarecer como dos mecanismos implicados en la regulación de la expresión génica – remodelación de la cromatina y reconocimiento específico de secuencias de DNA reguladoras - participan en el control de la dormición de la semilla. Además, este análisis nos permitirá establecer hipótesis acerca de la participación de estos genes en rutas genéticas comunes o independientes en las redes génicas que controlan la dormición de la semilla. Por ello, realizamos un análisis transcriptómico con RNA extraído de semillas frescas de L*er*, *ebs* y *spt-10*, ya que ambos alelos mutantes están en dicho fondo genético. Como se muestra en la Figura 30, las semillas de los mutantes *ebs* y *spt-10* utilizadas para el análisis de perfiles transcriptómicos, mostraron valores esperados de reducción de la dormición a los 5 DDI. Por tanto, concluimos que este es un material idóneo para el estudio de los perfiles transcriptómicos de estos mutantes.



Figura 30. Germinación de las semillas frescas de los mutantes *ebs* y *spt-10* utilizadas para el análisis de perfiles transcriptómicos. Germinación de las semillas frescas de L*er* y de los mutantes *ebs* y *spt-10*, empleadas para realizar los análisis de microarrays, cuantificada a 5 DDI, en condiciones de LB.

Los RNAs extraídos de estas semillas se utilizaron para preparar cDNAs que se hibridaron con micromatrices de DNA del "ATH1 Genome Array" de Arabidopsis producidas por Affymetrix, que contienen alrededor de 22500 sondas que representan unos 24000 genes de Arabidopsis. Este análisis se realizó en el Servicio de Genómica del Centro Nacional de Biotecnología (CNB) de Madrid.

Entre los genes que mostraban una expresión diferencial entre uno de los mutantes y el tipo silvestre L*er*, y un valor de p-value (p-val) \leq 0,05, que establece un nivel de confianza del 95%, inicialmente seleccionamos aquellos cuyo valor de

expresión era al menos dos veces mayor (Fold Change, FC \geq 2) o menor (FC \leq -2) entre los genotipos comparados. A lo largo de esta memoria, los valores de aumento de expresión de genes se expresan como FC positivo y la disminución de la expresión como FC negativo. Por tanto, un valor de FC positivo representa el número de veces que aumenta la expresión de un gen en un mutante respecto al valor de la expresión en el tipo silvestre, mientras que un valor de FC es negativo indica las veces que disminuye la expresión en el mutante. Así, este análisis nos permitió identificar 334 genes con expresión diferencial en el mutante ebs con respecto a Ler. De ellos, 234 genes estaban sobreexpresados, y los 100 restantes estaban reprimidos. Utilizando idénticos criterios de selección, en el caso del mutante spt-10, los genes sobreexpresados fueron 787, mientras que los genes reprimidos fueron 291. De los genes reprimidos con respecto a Ler, 68 son compartidos en los perfiles transcriptómicos de los dos mutantes analizados. De los genes sobreexpresados, 197 son comunes para ebs y spt (Figura 31). Estos datos sugieren que EBS y SPT actuarían sobre la regulación de la dormición modulando específicamente la expresión de varios genes, si bien compartirían un número significativo de genes diana (directos e indirectos), cuya expresión se encuentra desregulada en ambos mutantes. En particular, la mutación spt-10 causa la desregulación transcripcional de un mayor número de genes que ebs, lo que sugiere que SPT tendría un efecto más amplio sobre la expresión de genes durante el proceso de la dormición de la semilla, mientras que EBS actuaría sobre un grupo más específico de genes, a pesar de tratarse de un factor implicado en procesos de remodelación de cromatina.



Figura 31. Diagramas de Venn representando el número de genes con expresión diferencial específicamente en uno de los mutantes analizados (*ebs* o *spt-10*) o en ambos. El diagrama muestra el número de genes con expresión alterada en los perfiles transcriptómicos de las semillas de los mutantes *ebs* y *spt-10* respecto a las de tipo silvestres L*er*, para un valor pval \leq 0,05 y de FC \geq 2 para los sobreexpresados y de FC \leq -2 para los reprimidos.

Además, nos propusimos determinar qué categorías funcionales en las que se encuentran los genes expresados diferencialmente en los mutantes *ebs* y *spt-10* están

sobrerrepresentadas (Figura 32). Para ello utilizamos las herramientas informáticas disponibles en la aplicación Bio-Analyzer Resource (BAR) de la Universidad de Toronto (Canadá), que permiten normalizar el número de genes con una expresión alterada en cada categoría con respecto al número total de genes en cada una de las categorías definidas. Las categorías con un mayor nivel de sobrerrepresentación en cada una de las clasificaciones funcionales empleadas en BAR, corresponden en ambos mutantes, a respuesta a estímulos abióticos y bióticos, y a respuesta a estrés, en el caso de Procesos Biológicos, a actividades enzimáticas tipo hidrolasas en ebs y transferasas en spt-10, en el caso de Funciones Moleculares, y a genes relacionados con la pared celular en ambos mutantes, cuando se considera la clasificación de Componente Celular. Estas observaciones son consistentes con cambios en la actividad metabólica en semillas que inician la germinación, como ocurre en semillas frescas de ebs y spt-10 embebidas, en las que aumentan las actividades enzimáticas relacionadas con la movilización de sustancias de reservas. Además, la sobrerepresentación de componentes que participan en procesos de modificación de la estructura de la pared celular se puede relacionar con el aumento de la elongación celular que se produce durante la germinación, y que conlleva la remodelación de componentes de la pared.





Figura 32. Clasificación funcional normalizada de genes expresados diferencialmente en los perfiles transcriptómicos de los mutantes ebs y spt-10. Clasificación funcional de todos los genes que muestran expresión alterada con valores de FC≥ 2 o FC≤ -2 y pval≤ 0,05 en el mutante ebs respecto a Ler, y del mutante spt-10 respecto a Ler, utilizando la aplicación informática BAR

(http://bar.utoronto.ca/welcome.htm) (Provart y Zhu, 2003) que proporciona valores de representación relativos a los genes presentes en cada categoría en Arabidopsis.

En la Figura 33 se muestran los 50 genes que mostraron mayores niveles de alteración de expresión en el mutante ebs (un listado completo de genes reprimidos con un FC≤ -2 o sobreexpresados con un FC≥ 2 se incluye en el Anexo I). Entre ellos aparecen genes que codifican proteínas con actividad de hidrolasas como PYK10. BGLU21, EXGT-A4, XTR3, At5g45670 y At1g78060, así como genes que codifican expansinas, como EXP2 y EXP3. Ambas categorías están relacionadas con cambios en la organización de la pared celular (Ahn et al., 2010; Akamatsu et al., 1999, Lee et al., 2001; Janiak et al., 2012). También encontramos genes que codifican las histonas H3 y H2B (Liu et al., 2007; Müller et al., 2012; Vethantham et al., 2012), genes relacionados con la respuesta a GAs durante el desarrollo de la semilla (Roxrud et al., 2007), como GA-STIMULATED ARABIDOPSIS 6 (GASA6) y GAST1 PROTEIN HOMOLOG 2 (GASA2) (Ohgishi et al., 2004; Shpak et al., 2004; Roxrud et al., 2007), así como proteínas de choque térmico, como el factor de transcripción específico de semillas HSFA9 (Le et al., 2010), y HSP101, Hsp70b ,HSP26.5-P, At1g59860, At1g54050, At2g29500 (Sun et al., 2001; Sung et al., 2001; Nishizawa et al., 2006; Kotak et al., 2007; Gao et al., 2008). La expresión de estos genes de choque térmico parece estar regulada por ABA, y se han relacionado con el desarrollo de los últimos estadios de la maduración de la semilla, con la tolerancia a la desecación, y se ha demostrado que su expresión disminuye en la germinación (Wehmeyer et al., 1996; Wehmever v Vierling, 2000). Los cambios de muchas de estas actividades son consistentes con las alteraciones que se producen a nivel de pared celular durante el proceso de germinación, y podrían ser responsables de las alteraciones observadas durante la germinación de las semillas del mutante ebs.

-6	0	12		
_	FC		At5a07190	
			At4g12190	Putative protein, fragment other predicted proteins, Arabidopsis thaliana; fragment
			At1g03890	Arabidopsis 12S seed storage protein
			At4g22753	SMO1-3 (STEROL 4-ALPHA METHYL OXIDASE 1-3)
			At5g39720	AIG2L (AVIRULENCE INDUCED GENE 2 LIKE PROTEIN)
			At2a46240	ST2A (SOLFOT RANSFERASE 2A), hydroxyjastrionale suilou ansierase/ suirou ansierase BAG6 (BCL-2-ASSOCIATED ATHANOGENE 6); calmodulin hinding / protein hinding
			At5q39520	Expressed protein predicted protein
			At1g54050	17.4 kDa class III heat shock protein (HSP17.4-CIII)
			At4g36360	BGAL3 (beta-galactosidase 3); beta-galactosidase/ catalytic/ cation binding/ sugar binding
			At1g52560	HSp26.5-P 26.5 KDa class I small heat shock protein-like (HSP26.5-P)
			At1g59860	17.8 kDa class I heat shock protein (HSP17.8-CI)
			At1g74310	ATHSP101 (ARABIDOPSIS THALIANA HEAT SHOCK PROTEIN 101); ATP
			At1g26400	FAD-binding domain-containing protein
			At1g08170	Histone H2B family protein
			At4g09610 At5a54070	GASAZ (GASTTPROTEIN HOMOLOG Z) AT-HSEA9: DNA hinding / transcription factor
			At2g29500	17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6B-CI)
			At5g45630	Putative protein similar to unknown protein At4g18980
			At4g17840	Similar to unknown protein At2g35260
			At2g29340	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein
			At3g61040	CYP76C7: electron carrier/heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding
			At1g07500	Hypothetical protein
			At5g13870	EXGT-A4 (ENDOXYLOGLUCAN TRANSFERASE A4); hydrolase, acting on glycosyl bonds / hydrolase
			At2g04100	MAIE efflux family protein
			At3a28740	CYP81D1: electron carrier/heme hinding / iron ion hinding / monooxygenase/ oxygen hinding
			At2g37640	EXP3
			At1g78060	Glycosyl hydrolase family 3 p rotein
			At5g65020	ANNAT2 (Annexin Arabidopsis 2); calcium ion binding
			At1g09200	HISTORE H3 TSO2 (TSO maaning ugly in Chinasa): a vidaraductasa/ribanuclaasida, dinbasabata raductasa
			At1a64970	G-TMT (GAMMA-TOCOPHEROL METHYLTRANSFERASE): to copherol O-methyltransferase
			At1g11580	PMEPCRA (METHYLESTERASE PCR A); en zyme in hibitor/pectinesterase
			At5g05290	ATEXPA2 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A2)
			At4g12910	Scp120 (serine carboxypeptidase-like 20)
			At1g70410 At1g23410	Ubiquitin extension protein putative similar to ubiquitin extension protein (UBO5)
			At5g45670	GDSL-motif lipase/hydrolase-like protein; supported by full-length cDNA: Ceres:18389.
			At3g20370	Meprin and TRAF homology domain-containing protein
			At1g76790	O-methyltransferase family 2 protein
			At1g28290	AGP31 (arabinogalactan-protein 31)
			At3a16430	JAL31 (JACALIN-RELATED LECTIN 31): copperion binding
			At1g66280	BGLU21; catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
			At3g60520	Zincion binding
			At3g09260	PYK10; beta-glucosidase/ copperion binding / fucosidase/ hydrolase
			At1g43780	Scp144 (serine carboxypeptidase-like 44); serine-type carboxypeptidase

Figura 33. Listado de genes que mostraron mayor desregulación de su expresión en el análisis transcriptómico llevado a cabo con el mutante *ebs*. Se muestran los 25 genes que mostraron mayor nivel de represión (en verde) y de sobreexpresión (en rojo) en el mutante *ebs* respecto a L*er* (pval \leq 0,05).

Por otra parte, entre los 50 genes que presentaron mayores niveles de desregulación en el mutante *spt-10* (Figura 34), encontramos genes relacionados con la respuesta a GAs como GASA6, GASA4 (Aubert et al. 1998; Ohgishi et al., 2004; Shpak et al., 2004; Roxrud et al., 2007), histonas H1-3, H2B, y H3, varias proteínas de choque térmico como At2g29500, HSP22, At1g52560, At1g54050, HSP101, HSP17,6II, HSP23,6-MITO, Hsp70b, At1g59860, At2g20560, At1g53540, así como diversas expansinas y extensinas, como EXP1, EXP2 , EXP3, EXP9, EXPL1 y ELP. Asimismo, encontramos genes que codifican hidrolasas, como At5g45670, PYK10, XTH19, EXGT-A4, BGLU21, entre otras. Un listado completo de genes reprimidos con

un FC≤ -2 o sobreexpresados con un FC≥ 2 se incluye en el Anexo II. Al igual que en el mutante *ebs*, los cambios de expresión observados podrían modificar los niveles de actividad de estas proteínas que son consistentes con las alteraciones que se producen a nivel de pared celular durante el proceso de germinación, y podrían explicar el diferente comportamiento de las semillas del mutante *spt-10* durante dicho proceso. Asimismo, entre los genes cuya expresión aumenta en el mutante *spt-10* se encuentra el propio *SPT* (con un FC de 3,18), una observación consistente con resultados recientes que muestran la sobreexpresión de este gen en el alelo mutante *spt-10* (Vaistij et al., 2013).

-7,5 0	36	
FC		
	At2g18050	HIS1-3 (HISTONE H1-3)
	At2g29500	putative small heat shock protein
	At4g10250	ATHSP22.0
	At1g08170	histone H2B
	At4g36670	sugar transporter like protein
	At1g52560	chloroplast-localized small heat shock protein
	At1g54050	heat-shock protein
	At2g46240	BAG6 (BCL-2-ASSOCIATED ATHANOGENE 6)
	At1g74310	ATHSP101 (ARABIDOPSIS THALIANA HEAT SHOCK PROTEIN 101)
	At1g59500	GH3.4; Indole-3-acetic acid amido synthetase
	At3g45970	ATEXLAT (ARABIDOPSIST HALIANA EXPANSIN-LIKE AT)
	At1g47540	
	Alby 12020	nor 17.01 (17.0 KDA CLASS II HEAT SHOCK PROTEIN)
	At1q52540	pulative protein
	At1g53540	host host shock protein (AA 1-150)
	At1g59600	hypothetical protein
	At4g15020	hypothetical protein
	At5a18130	ny politeira proteini
	At2a20560	putative heat shock protein
	At1a14940	maior latex protein type3
	At3q48580	endo xylodu can transferase-like protein FXGT1 (endoxylodu can transferase)
	At2g05580	unknown protein
	At4a25200	ATHSP23 6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6)
	At1g16030	Hsp70b Hsp70b (heat shock protein 70B): ATP binding
	At4g12910	scp/20 (serine carbox voeptidase-like 20): serine-type carbox voeptidase
	At2a30870	GSTF10 (THALIANA GLUTATHIONE S-TRANSFERASE PHI 10)
	At3q14310	ATPME3: pectinesterase
	At1q78060	xylosidase
	At1g76790	putative catechol O-methyltransferase
	At1g64970	G-TMT (GAMMA-TOCOPHEROL METHYLTRANSFERASE); to copherol O-methyltransferase
	At1g09200	Expressed protein
	At3g16430	JAL31 (JACALIN-RELATED LECTIN 31); copperion binding
	At1g11580	PMEPCRA (METHYLESTERASE PCR A); enzyme in hibitor/pectinesterase
	At2g37640	EXP3
	At1g12090	ELP (EXTENSIN-LIKE PROTEIN); lipid binding
	At1g58025	hypothetical protein
	At4g30290	XTH19 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLUCOSYLASE/HYDROLASE 19); hydrolase
	At5g13870	EXGT-A4 (ENDOXYLOGLUCAN TRANSFERASE A4); hydrolase
	At1g66280	BGLU21; catalytic/ cation bin ding / h y drolase, h ydrolyzing O-glycosyl compounds
	At1g43780	scp144 (serine carboxypeptidase-like 44)
	At5g02260	EXP9
	At1g69530	EXP1
	At3g09260	PYK10; beta-glucosidase/ copper ion binding / fucosidase/ hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
	At4g36880	CP1 (CYSTEINE PROTEINASE1)
	At5g15230	
	At5g65020	ANINA I 2 (An nexin Arabidopsis 2); calcium ion binding
	AI5g45670	GUSE-moun hpase/hydrolase-like protein ;supported by full-length CUNA: Ceres:18389.
	At1g74670	
	Aug/46/0	GAGAU

Figura 34. Listado de genes que mostraron mayor desregulación de su expresión en el análisis transcriptómico llevado a cabo con el mutante *spt-10*. Se muestran los 25 genes que presentaron mayores niveles de represión (en verde) y sobreexpresión (en rojo) en el mutante *spt-10* respecto a Ler (pval ≤ 0.05).

Estos datos muestran que más de la mitad de los genes entre los 25 que presentan mayor desregulación en su expresión en ambos mutantes son comunes para los dos, lo que sugiere que EBS y SPT podrían compartir circuitos reguladores comunes en el control de la dormición de la semilla de Arabidopsis. Ambos mutantes tienen desregulada la expresión de genes relacionados con la hidrólisis de componentes de la pared y con la expansión celular, que podrían estar relacionados con la reactivación del crecimiento durante el inicio de la germinación. Asimismo, ambos mutantes presentan alterada la expresión de genes relacionados con la respuesta a GAs, consistente con el papel de esta hormona como promotor de la germinación. Además se observa la desregulación de proteínas de choque térmico, reguladas por ABA, relacionadas con el desarrollo de los últimos estadios de la maduración de la semilla, y con la tolerancia a la desecación (Wehmeyer et al., 1996; Wehmeyer y Vierling, 2000).

5.1.1 EBS actúa sobre circuitos reguladores diferentes durante la imbibición de la semilla y el desarrollo vegetativo.

En nuestro laboratorio disponemos de datos transcriptómicos de análisis de expresión en el mutante ebs, obtenidos en otros estadios del desarrollo de Arabidopsis, en concreto en plántulas durante el crecimiento vegetativo, inmediatamente antes de la transición floral (López-González, Tesis Doctoral 2010). Esto nos ha permitido analizar el grado de solapamiento existente entre los genes regulados por EBS durante el inicio de la germinación de la semilla fresca y en la fase vegetativa de desarrollo. Para ello comparamos los perfiles transcriptómicos del mutante ebs en los dos estadios de desarrollo, centrándonos en los genes que presentaron valores de FC≥ 2 o FC≤ -2 y pval≤ 0,05. Como se muestra en la Figura 35, los genes alterados en los perfiles globales de genes expresados diferencialmente en el mutante ebs obtenidos en plántula y en semilla, muestran un solapamiento muy reducido, ya que menos del 8% de los genes son comunes en ambos casos. Estas observaciones indican que EBS regula patrones de expresión génica diferentes en ambos estadios del desarrollo, ya que comparando los genes con expresión desregulada en el mutante ebs antes de la transición floral y en semillas frescas embebidas, se observa poca similitud entre ellos. Se ha demostrado que genes implicados en el control de la transición floral, en muchos casos, también desempeñan un papel en la regulación de la dormición (Liu et al., 2007; Chiang et al., 2009; Liu et al., 2011). Este es el caso del propio EBS; sin embargo, nuestros resultados demuestran que los genes que median el efecto de este regulador transcripcional en ambos procesos son en su mayoría independientes.



Gen	Función		
AT2G07140	F-box family protein		
AT2G20620	Similar to un known protein		
AT5G26260	MATH domain-containing protein		
AT5G20250	DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase,		
AT2G34600	JAZ7/TIFY5B (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7)		
AT1G69530	ATEXPA1 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A1)		
AT1G23410	Ribosomal protein S27A (RPS27aA)		
AT5G51550	Phosphate-responsive 1 family protein		
AT1G77120	ADH1 (ALCOHOL DEHYDROGENASE 1)		
AT3G47340	ASN1 (DARK INDUCIBLE 6)		
AT3G28500	60S acidic ribosomal protein P2 (RPP2C)		
AT5G56910	Cysteine protease in hibitor		
AT3G45970	ATEXLA1 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN-LIKE A1)		
AT4G00390	Transcription regulator		

Figura 35. *EBS* regula genes distintos durante el periodo de dormición de la semilla y el crecimiento vegetativo que precede a la transición floral. En A se muestra un Diagrama de Venn con el número de genes comunes entre los expresados diferencialmente en el mutante *ebs* en ambos procesos de desarrollo. En B se muestra la lista de los genes cuya expresión se encuentra alterada en *ebs* en los dos estadios del desarrollo analizados. Para el análisis comparativo, se utilizaron los genes alterados con valores de FC≥ 2 y pval≤ 0,05 para los sobreexpresados y de FC≤ -2 y pval≤ 0,05 para los reprimidos.

5.1.2 Diversos genes implicados en la regulación de la dormición y la germinación de semillas se encuentran desregulados en los mutantes *ebs* y *spt.*

Con el fin de analizar de manera exhaustiva el comportamiento de genes implicados en control de la dormición o la germinación, y que estuvieran expresados diferencialmente en los mutantes *ebs* o *spt-10*, llevamos a cabo una selección similar a la descrita en el análisis comparativo anterior, pero estableciendo valores de FC \geq 1,3 o FC \leq -1,3 y de pval \leq 0,05, y dirigida a genes potencialmente relacionados con estos procesos de desarrollo (Figura 36).

Α		В	
-3 0 3 FC		-3 0 3 FC	
-3 0 3 FC Att90 Att95 Att94 At294 At197 At191 At190 At196 At491 At197 At197 At197 At197 At197 At197 At190 At395 At392 At390 At	9610 GASA2 4070 HSFA9 6600 LEA 4280 RING1A 8340 DREB19 5210 Putative auxin-regulated protein 7950 AGL67 8100 MFT 3770 RING1B 1340 LEA 6600 SCL11-LIKE 04200 SCL3 2490 LEA 7530 SCL14 2920 BRG3 4720 AMP1 4100 ASG1 7700 GA200X3 5120 GID1A 2500 ECP31 (LEA) 2100 LEA 3790 SOM 3040 LEA 4240 XERICO 6730 APR9 6270 ABI5 5255 HUB2 1850 DAG1 8500 SGL3 3450 RGL3 3450 RGL3 3450 RGL3 3450 RGL3 3450 <	-3 0 3 FC At4g36600 At2g42500 At2g42500 At3g53040 At3g50400 At3g50400 At3g50400 At3g50400 At3g50400 At3g50400 At3g10140 At3g10140 At3g10140 At3g10140 At3g10140 At3g10140 At3g10140 At3g10140 At3g10140 At3g10140 At3g1040 At3g1040 At3g1040 At3g1040 At3g22500 At3g1040 At3g22500 At3g10240 At3g224100 At3g05120 At2g4280 At3g05120 At2g4280 At3g05120 At2g42800 At3g05120 At2g42800 At3g05120 At3g17520 At2g04200 At3g17520 At3g0730 At3g17540 At3g0730 At3g0730 At3g17540 At3g0730 At3g17540 At3g0730 At3g17540 At3g0740 At3g0730 At3g17540 At3g0730 At3g17540 At3g07	LEA HSFA9 LEA Putative auxin-regulated protein PIL2 LEA GA200X3 AGL67 TT4 EM1 (LEA) FLC MFT M10 (LEA) SAG21 (LEA) GEA6 (LEA) HONSU SCL11 TT7 ASG2 ECP31 (LEA) GEA6 (LEA) HONSU SCL21 LEA TT5 M17 (LEA) PHYE ECP63 (LEA) GID1A ZEP/ABA1 ENY/IDD1 LEA ASG1 ARF10 ABI5 GASA3 XERICO SOM SPY LEA ELF6 SCL30 HUB2 BRG3 ARF7 EXP13 RGL2 GL2 ARF3 MUM1 EXP4 RGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 MUM4 SUVH4 HY5 RHM3 EGL3 MS11 LEA CA200X1 CH3 CA30X2 Snrk2.1 CA30X2 Snrk2.1 CA30X1 LEA CA30 SPT EXP8 CASA14
		Art1g15550 Art4g02380 Art5g65310 Art4g38210 Art4g36930 Art2g40610 Art5g14920 Art2g1590 Art2g1590 Art2g1590 Art2g03090 Art2g26770 Art2g37640 Art2g37640 Art2g37640 Art2g37640 Art2g69530 Art4g69530 Art4g69530	GASOX1 LEA ATHB5 EXP20 SPT EXP8 GASA14 ACO1 LEA EXP15 EXP15 EXP10 EXP3 EXP9 EXP1 CP1 CASA4
		At5g15230 At5g65020 At5g05290 At1g74670	ANNAT2 EXP2 GASA6

Figura 36. Genes potencialmente relacionados con el control de los procesos de dormición y germinación que se encuentran desregulados en los mutantes *ebs* o *spt-10* respecto a Ler. Genes con valores de F \cong 1,3 y de pval \leq 0,05 para los genes sobreexpresados, en color rojo, y de FC \leq -1,3 y pval \leq 0,05 para los reprimidos, en color verde, en el mutante *ebs* (A) y *spt-10* (B).

Diversos genes relacionados con el metabolismo y la señalización dependiente de las hormonas ABA y GAs aparecen desregulados en los perfiles transcriptómicos de los mutantes analizados (Figura 36). Entre los genes diferencialmente expresados en los mutantes ebs y spt-10 identificamos ABI5, cuya expresión es menor en ambos mutantes. La expresión de ALTERED SEED GERMINATION1 (ASG1) también disminuye en ambos mutantes (Bassel et al, 2011), así como la de ASG2 en el caso de spt-10. En base a modelos de redes transcripcionales globales en la semilla se ha propuesto que ASG1 actuaría como un promotor de la dormición mientras que ASG2 funcionaría como un regulador positivo de la germinación, y ambos genes muestran respuestas alteradas a PAC y ABA (Bassel et al, 2011). Además, en el mutante spt-10 también encontramos alterada la expresión de otros genes de señalización de ABA, como ABI1, ABI4, y ABA1/ZEP (Finkelstein y Somerville, 1990; Giraudat et al., 1992; Nambara et al., 1992; Parcy et al., 1994; Nambara et al., 2010; Reeves et al., 2011; Shu et al., 2013). El mutante ebs presenta además, una reducción en la expresión de AMP1, un gen que como hemos mencionado está implicado en la adquisición y/o mantenimiento de la dormición de semillas, regulando el contenido en ABA (Griffiths et al., 2011; Shi et al., 2013).

En los perfiles transcriptómicos de los mutantes ebs y spt-10 encontramos niveles altos de expresión para varios genes que codifican proteínas DELLA (Lee et al., 2002; Tyler et al., 2004; Cao et al.; 2005; Park et al., 2013). Entre estos genes moderadamente sobreexpresados están RGA, RGL2 y RGL3, de los que RGA y RGL2 están implicados directamente en la señalización de GA en la semilla (Lee et al., 2010; Cao et al., 2005; Oh et al., 2007; Stamm et al., 2012). SPINDLY (SPY), otro regulador negativo de la respuesta a GA, está reprimido en el mutante spt-10 (Swain et al., 2001). Además la expresión de SCARECROW-LIKE (SCL3), otro gen de la familia GRAS (Zhang et al., 2011), se encuentra reducida en ebs. SCL3 interacciona directamente con las proteínas DELLA y es un regulador positivo de la biosíntesis o de la señalización de GA, de manera antagónica a como actúan las proteínas DELLA para modular la germinación de la semilla, por lo que SCL3 podría ser un atenuador del efecto de las proteínas DELLA (Zhang et al., 2011). EBS y SPT activan la expresión de INDETERMINATE DOMAIN1/ENHYDROUS (IDD1/ENY), que promueve la germinación mediando la señalización de la luz y la señalización de GA, antagonizando la acción de las proteínas DELLA (Feurtado et al., 2011). La expresión del gen que codifica el receptor de GA GID1A (Willige et al., 2007; Ariizumi et al., 2013) también es menor en ambos mutantes.

Genes que participan en el metabolismo de GA también muestran alteraciones de expresión en los dos mutantes analizados. En el mutante spt-10 aumenta la expresión de los genes de biosíntesis de GA GA3ox1, GA3ox2 y GA20ox1. Sin embargo, la expresión de GA200x3 aparece reducida, tanto en ebs como en spt. Estos datos son consistentes con resultados previos que muestran que estos genes GA3ox están sobreexpresados en el mutante *spt-10*, lo que es consistente con el fenotipo de dormición reducida de este mutante (Penfield et al., 2005). Asimismo, EBS y SPT regulan también a genes de la familia GASA, que responden a GA. Tanto en ebs como en spt encontramos altos niveles de expresión de GASA4, GASA6 y GASA14. Sin embargo, en ebs disminuye la expresión de GASA2 y en spt la de GASA3. Aunque no se ha demostrado el papel de proteínas GASA en el control de la dormición, la expresión de varios de estos genes se encuentra alterada en semillas de mutantes como amp1 y el triple mutante snrk2.2/2.3/2.6, que muestran también defectos en dormición (Griffiths et al., 2011; Nakashima et al., 2009). Como se muestra en la Figura 36, la expresión de MFT, un regulador positivo de la dormición en Arabidopsis (Vaistij et al., 2013), está reducida en los mutantes ebs y spt-10 respecto a la de Ler. Nuestros resultados son consistentes con datos recientes que muestran que la expresión de MFT aumenta en alelos de pérdida de función de SPT (Vaistij et al., 2013) y con el fenotipo de dormición reducida observado en los mutantes ebs y spt-10, ya que los mutantes *mft* muestran menores niveles de dormición (Vaistij et al., 2013). De manera similar, XERICO aparece reprimido en ambos mutantes. Este gen codifica una proteína portadora de un dominio RING-H2 zing finger, y su tránscrito está inducido por las proteínas DELLA y reprimido por GA (Piskurewicz et al., 2008). Además, XERICO se ha implicado en el metabolismo de ABA (Ko et al, 2006; Zentella et al, 2007).

En los perfiles globales de expresión de ambos mutantes, hemos identificado también varios genes relacionados con la modulación de la estructura de la pared y el crecimiento celular. Entre ellos se encuentran *CYSTEINE PROTEINASE1 (CP1)* (Ogawa et al., 2003), cuya expresión aumenta de manera significativa en ambos mutantes, así como la de diversas expansinas, como *EXP1, EXP2, EXP3, EXP4, EXP8, EXP9, EXP10, EXP15, EXP20* (Sampedro y Cosgrove, 2005). EBS y SPT, por tanto, podrían actuar directa o indirectamente modulando la estructura de la pared celular.

Asimismo, *EBS* y *SPT* parecen tener funciones en el control de genes implicados en el desarrollo de la cubierta de la semilla, que a su vez está implicada en

114

modular sus niveles de dormición (Léon-Kloosterziel et al., 1994; Western et al., 2001; Arsovski et al., 2010). La expresión de *TRANSPARENT TESTA 5 (TT5)* (Focks et al., 1999), que participa en la síntesis de flavonoides en la testa de las semillas, está incrementada en el mutante *ebs*, pero disminuye en *spt*. En cambio, la expresión de otros genes de desarrollo de la cubierta como *TT4* y *TT7*, está reducida únicamente en el mutante *spt* (Buer y Djordjevic; 2009). Por otra parte, en los dos mutantes analizados, aumenta la expresión de *MUCILAGE-MODIFIED 1 (MUM1)* y *ENHANCER OF GLABRA 3 (EGL3). MUM1* está relacionado con la deposición del mucílago de la semilla (Western et al., 2001), mientras que *EGL3* participa en la regulación de síntesis de mucílago y de la diferenciación celular epidérmica (Arsovski et al., 2009; González et al., 2009; Li et al., 2009; North et al., 2010). En *spt* también aumenta la expresión de *MUM4*, la de su homólogo *RHAMNOSE BIOSYNTHESIS 3 (RMH3)* y *GLABRA2* (*GL2*). *MUM4* y *GL2*, junto con *TRANSPARENT TESTA GLABRA1 (TTG1*), son necesarios para la síntesis completa de mucílago (Western et al., 2004).

Los datos obtenidos en el análisis transcriptómico de estos mutantes ha desvelado también una posible relación de los genes EBS y SPT con mecanismos de regulación de la dormición mediados por factores ambientales, como la luz. Estas observaciones son consistentes con datos previos que apoyan la participación de estos genes en dicho proceso. Así, la expresión de PHYE está reducida en ambos mutantes. Aunque PHYB y PHYA son los principales receptores de luz que controlan la germinación, PHYE también desempeña un papel activo similar al de PHYB en el control de este proceso, ya que funciona en las respuestas a baja intensidad de luz LFR (low fluence response) (Hennig et al., 2002). Además, en los mutantes ebs aumenta la expresión de DAG1, un gen que como hemos mencionado promueve la dormición (Gualberti et al., 2002) y está regulado por PIL5 (Finkelstein et al., 2008). PIL5 también activa a BOTRYTIS SUSCEPTIBLE1 INTERACTOR-RELATED GENE3 (BRG3), quien se une a las proteínas DELLA para reprimir la germinación (Park et al., 2013). BRG3 está reprimido en los mutantes spt-10 y ebs, por lo que podría estar favoreciendo una reducción de la dormición en dichos mutantes. Además la proteína PIL5 también se une a HON, que codifica una fosfatasa que inhibe la señalización de ABA, y cuya expresión está reducida en spt-10 (Kim et al., 2013).

El perfil de los genes expresados diferencialmente en *ebs* y *spt* ha revelado también una serie de genes que codifican factores de transcripción implicados en el control de la germinación de la semilla durante la dormición, y que podrían mediar la regulación de *EBS* y *SPT* sobre este proceso. Así *SOMNUS* (*SOM*), que codifica una

proteína de tipo Zn finger que actúa como un regulador negativo de la germinación, muestra niveles reducidos de expresión en los dos mutantes estudiados. Por su parte, la expresión de *PIL2*, un factor de transcripción de tipo bHLH que responde a la luz, disminuye en el mutante *spt*. Este factor está implicado en la respuesta de germinación a la luz roja/luz roja lejana, e interacciona físicamente con RGL2 (Stamm et al, 2012). Genes que codifican factores de transcripción de tipo MADS box, tales como *FLC* y *AGL67*, también aparecen desregulados en los mutantes *ebs* y *spt-10*. FLC es un represor central del tiempo de floración en Arabidopsis (Michaels y Amasino, 1999), pero también regula la germinación de manera dependiente de la temperatura (Chiang et al, 2009). La expresión de *FLC* es mayor en las semillas del mutante *ebs* y está reprimida en el mutante *spt-10*. En ambos mutantes, la expresión de *AGL67* aparece reducida, lo que podría explicar al menos parcialmente el fenotipo de reducción de la dormición que presentan, ya que se ha propuesto que AGL67 es un represor central de la germinación y los mutantes *agl67* muestran menores niveles de dormición de la semilla (Bassel et al., 2011).

También encontramos que EBS y SPT podrían regular a genes que participan en el control transcripcional de la expresión génica a través de procesos de remodelación de la cromatina. En ambos mutantes disminuye la expresión de HUB2, relacionada con complejos de remodelación de la cromatina necesarios para la regulación de la dormición de la semilla (Liu et al., 2007). Además, disminuye la expresión de ELF6, que codifica una demetilasa de histonas (Jeong et al., 2009), y de RING1A, que codifica una subunidad del complejo PRC1 que participa en la represión transcripcional estable (de Napoles et al., 2004; Wang et al. 2004). Por otra parte, en el mutante ebs se observa alterada la expresión de otros dos componentes del complejo PRC1, disminuida la de RING1B, y aumentada la de EMF1 (Bratzel et al., 2010; Kim et al., 2012). Igualmente en spt encontramos aumentos de la expresión de SUVH4, que codifica una metiltransferasa que introduce H3K9me2, marca epigenética represora, que actúa en el control de la dormición primaria en Arabidopsis (Liu et al., 2011), y también de MSI1, que codifica un componente de PRC2 (Derkacheva et al., 2013). Todos estos cambios en la expresión de genes que codifican componentes de diversos complejos de remodelación de la cromatina, y que se observan en los mutantes analizados, podrían estar relacionados con la reprogramación de la expresión génica global que se produce durante la transición de la semilla durmiente a una que inicia el proceso de germinación.

Todas las observaciones descritas anteriormente son consistentes con que tanto *EBS* como *SPT* estén implicados en la regulación de los circuitos génicos necesarios para la regulación de la germinación durante el periodo de dormición, y que ambos genes participarían en distintos aspectos del control de este proceso en los que estarían implicados factores hormonales, ambientales y metabólicos. Ambos loci parecen actuar sobre la expresión de otros reguladores transcripcionales, entre los que se incluyen tanto factores de transcripción como componentes de complejos que reorganizan la cromatina, y que podrían contribuir a un control fino de la dormición a distintos niveles.

5.1.3 Confirmación mediante q-PCR de las alteraciones transcripcionales observadas en los perfiles globales de expresión en semillas de los mutantes *ebs y spt.*

Para corroborar los datos obtenidos en el análisis transcriptómico anteriormente descrito, extrajimos RNA de semillas frescas de L*er*, *ebs* y *spt* embebidas durante 1 d, y realizamos experimentos de qRT-PCR, utilizando cebadores específicos para cada uno de los genes que comprobamos. Como se observa en la Figura 37, los niveles de expresión obtenidos para genes como *GASA4*, *WRKY23*, *FLC*, *AGL44*, *SOM*, *MFT*, *AGL67*, *RING1A*, *DREB19* y *LEA* se corresponden con los valores obtenidos en el análisis de perfiles transcriptómicos, tanto en el mutante *ebs* como en *spt*. Estos datos corroboran los resultados de los perfiles transcriptómicos e indican que los datos de expresión globales obtenidos son representativos del estado transcripcional de las semillas frescas de dichos mutantes embebidas durante un día.



Figura 37. Análisis de expresión por qPCR en semillas frescas de genes diferencialmente expresados en los mutantes ebs y spt-10. Expresión de los genes GASA4, WRK23, FLC, AGL44, SOM, MFT, AGL67, RING1A, DREB19 y LEA (At4g36600) en semillas frescas de Ler, ebs y spt-10, embebidas durante 1 día, por qRT-PCR. Los valores de expresión de los genes analizados se han

relativizado con los de *ACT2*. Significación: ***= $p \le 0,005$, **= $p \le 0,01$, que establecen un nivel de confianza del 99,5% y 99%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes respecto a L*er*.

Estos datos nos permiten confirmar que la regulación de EBS y SPT sobre estos genes en algunos casos es similar, pero en otros ocurre en sentido opuesto, de manera que dichas mutaciones tienen efectos contrarios sobre la expresión de genes diferencialmente expresados en los perfiles transcriptómicos de los dos mutantes analizados. Estas observaciones sugieren que estos genes desregulados no serían responsables de los defectos en dormición presentes en los mutantes *ebs* y *spt*, aunque no podemos descartar que la complejidad de los circuitos reguladores que controlan la dormición de la semilla permitan que cambios opuestos en la expresión de determinados genes resulten en alteraciones similares en el fenotipo de dormición de las semillas. Serán necesarios análisis adicionales para determinar el posible papel de estos genes desregulados en el control de la dormición.

5.2 Análisis de los cambios de expresión en genes desregulados en el mutante *ebs* durante el proceso de germinación.

La expresión de determinados genes implicados en la regulación de la dormición/germinación está sometida a reprogramación, de manera que en la ventana temporal que va desde la imbibición de la semilla hasta la protrusión de la radícula de la semilla, momento en que se considera completo el proceso de germinación, los niveles de tránscrito de dichos genes pueden variar significativamente. Por ello, además de corroborar mediante qPCR los cambios de expresión de genes expresados diferencialmente que identificamos en el análisis transcriptómico en el mismo momento en que se realizó dicho análisis (1 día tras la imbibición), decidimos comprobar si algunos de estos genes mostraban cambios de expresión durante el proceso de germinación (0 a 2 días de imbibición). Muchos de los genes expresados diferencialmente en los análisis transcriptómicos estaban igualmente desregulados en los mutantes ebs y spt-10. Por otro lado, la observación de que el alelo spt-10 muestra mayores niveles de expresión de SPT puede dificultar la interpretación de los resultados obtenidos con dicho mutante. Por ello, y puesto que el objetivo central de este trabajo es esclarecer el papel de EBS en la regulación de la dormición, decidimos determinar si la pérdida de función de EBS provocaba alteraciones en el patrón de expresión de algunos de esos genes durante ese periodo. Realizamos estos ensayos tanto para genes desreprimidos, como para algunos cuya expresión disminuía en los perfiles globales de expresión génica. Como se observa en la Figura 38, tanto

At3g60520, que codifica una proteína con un dominio Zn finger, de función desconocida, como TSO2, que codifica una ribonucleosido reductasa, muestran picos de expresión muy notorios un día después de la imbibición, a pesar de que en semillas del tipo silvestre, sus niveles de expresión se mantienen bastante estables durante el periodo analizado. Por su parte, el gen ARABINOGALACTAN PROTEIN 31 (AGP31) también muestra un aumento de expresión en ese día, donde aparece un pico de expresión en el tipo silvestre. Sin embargo, a diferencia de los genes anteriores, los niveles de expresión de AGP31 también están elevados en las otras muestras analizadas, a tiempo 0 y 2 días tras la imbibición. Por su parte, los niveles de expresión del factor de transcripción AGL44 siguen un patrón similar en el mutante ebs y en el tipo silvestre, con una ligera disminución durante el periodo de germinación, pero siempre con valores por encima de los niveles detectados en el tipo silvestre. También el factor de transcripción WRKY23 presenta un patrón de expresión similar en el mutante ebs, aunque con niveles algo superiores a los observados en el tipo silvestre. Entre los genes que se encuentran reprimidos en el mutante ebs encontramos ARABIDOPSIS THALIANA SEED GENE 1 (ATS1), ATS3 y GASA2, los cuales muestran un comportamiento similar, con una disminución de los niveles de expresión de sus mensajeros, que es más patente entre 0 y 1 día tras la imbibición. DREB19, sin embargo, muestra un comportamiento más complejo, ya que se encuentra reprimido en el mutante ebs tras un día de imbibición y fuertemente sobreexpresado en la muestra del día 2. La expresión de AGL67, por su parte, es mayor en el mutante ebs en semillas recién recogidas, mientras que en imbibición, la expresión de AGL67 es menor en ebs. Estos datos reflejan la complejidad de la regulación mediada por EBS durante la germinación/dormición de semillas de Arabidopsis.



Figura 38. Expresión temporal de genes diferencialmente expresados en el mutante *ebs*, en semillas a 0d, 1d y 2d de imbibición. Expresión de los genes *At3g60520*, *AGP31*, *TSO2*, *WRKY23*, *AGL44*, *AGL67*, *DREB19*, *ATS1*, *GASA2* y *ATS3* en semillas frescas de Ler y *ebs*, recién cosechadas (0d), embebidas durante 1 día (1d) y durante 2 días (2d), mediante qPCR. Los valores de expresión se han relativizado con los de *ACT2*. Significación: ***=p≤ 0,005, **=p≤ 0,01, *=p≤ 0,05, que establecen un nivel de confianza del 99,5%, 99% y 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia entre Ler y *ebs* en un mismo día.

5.3 Efecto de mutaciones en *SHL* sobre la expresión de genes expresados diferencialmente en el mutante *ebs*.

El análisis fenotípico de la dormición que hemos realizado con los dobles mutantes *ebs shl* ha demostrado que *SHL* desempeña funciones redundantes con *EBS* en el control de este proceso en Arabidopsis, ya que la pérdida de función de ambos genes provoca un fenotipo de dormición más extremo que el de mutantes *ebs*, mientras que los mutantes *shl* no presentan defectos visibles en este proceso (Figura 24). Por tanto, es posible que algunos de los genes que se encuentren desregulados en los mutantes *ebs* durante la dormición de la semilla, muestren mayores niveles de desregulación de su expresión en los dobles mutantes *ebs shl*. Así, aquellos genes que se vean afectados en su expresión por ambas mutaciones, podrían ser al menos parcialmente responsables de los defectos en dormición presentes en mutantes *ebs* y en los dobles mutantes *ebs shl*. Por ello, decidimos analizar en el doble mutante *ebs*



shl los cambios de expresión que muestran algunos de los genes identificados mediante los análisis transcriptómicos globales del mutante *ebs*.

Figura 39. Niveles de expresión en el doble mutante *ebs shl* de genes expresados diferencialmente en el mutante *ebs*. Expresión medida por qPCR de los genes *At3g60520, AGP31, TSO2, ABI5, MFT, AGL67* y *GASA2* en semillas frescas de L*er* y de *ebs, shl* y *ebs shl-2*, embebidas durante 1 día. Los valores de expresión se han relativizado con los de *ACT2*. Significación: ***=p≤ 0,005, *=p≤ 0,05, que establecen un nivel de confianza del 99,5% 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a L*er* y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

Como se muestra en la Figura 39, los cambios de expresión en el mutante *ebs* son consistentes con los observados previamente en nuestros experimentos de transcriptómica y de qRT-PCR, confirmando estas observaciones. Además, pudimos comprobar que en el mutante *shl*-2, los niveles de expresión de los genes ensayados son idénticos o muy similares a los encontrados en semillas del tipo silvestre. Estos resultados están de acuerdo con la ausencia de alteraciones en la dormición de este mutante (Figura 24). Cuando cuantificamos los niveles de expresión de estos mismos genes en el doble mutante *ebs shl*-2, pudimos comprobar que en la mayor parte de los casos (*At3g60520, AGP31, TSO2, ABI5 y MFT*) la presencia de ambas mutaciones no potenciaba significativamente la desregulación observada en el mutante sencillo *ebs*. Sin embargo, la mutación *shl*-2 potencia la desrepresión de la expresión de los genes *AGL67 y GASA2* observada en *ebs,* y que es consistente con la mayor reducción de dormición que muestra el doble mutante *ebs shl*-2 en comparación con *ebs*.

5.4 Estudio de la posible implicación de los genes expresados diferencialmente en el mutante ebs en la regulación de la dormición mediada por *EBS*.

Algunos de los genes expresados diferencialmente en los mutantes *ebs y spt-10,* podrían estar mediando el efecto de *EBS* y *SPT* sobre el control de la germinación

de la semilla durante el periodo de dormición. Por ello, sería previsible que la pérdida de función de aquellos genes implicados en la regulación de este proceso conllevase defectos en el proceso de dormición. De hecho, para algunos de los genes identificados en este análisis, como *RGL2*, *SOM*, *MFT* y *AGL67*, se ha descrito un papel en la regulación de la dormición en Arabidopsis (Piskurewicz et al., 2008; Kim et al., 2008; Park et al., 2011; Bassel et al., 2011, Vaistij et al., 2013). Para otros, en cambio, no se conoce su función, o se han descrito funciones en otros aspectos del desarrollo o de la biología de Arabidopsis, pero no en la dormición de la semilla.

Los datos transcriptómicos obtenidos en este trabajo y los publicados recientemente muestran una sobreexpresión de SPT en el alelo spt-10 (Vaistij et al., 2013), a pesar de que fue descrito inicialmente como un alelo de pérdida de función (Penfield et al., 2005). Estas observaciones podrían complicar la interpretación de los datos transcriptómicos obtenidos con dicho mutante. Además, como hemos mencionado anteriormente, muchos de los genes expresados diferencialmente en el mutante ebs muestran una desregulación similar en el mutante spt-10. Por ello, dado el interés primordial de nuestro laboratorio por profundizar en el estudio de la proteína EBS y sus homólogos en Arabidopsis, decidimos centrar nuestro estudio en la regulación de la dormición mediada por EBS. Por ello, decidimos iniciar el análisis de la posible implicación de diversos genes expresados diferencialmente en el mutante ebs en la regulación de la dormición, e investigar posibles interacciones genéticas de EBS con aquellos loci que también estuviesen implicados en la modulación de la dormición de la semilla. Para ello, obtuvimos mutantes portadores de inserciones de T-DNA en algunos de los genes identificados, y analizamos los niveles de dormición de sus semillas. De esta forma pudimos comprobar que los mutantes del gen At3g60520, sobreexpresado en los dos mutantes analizados, no presentaron alteraciones en su fenotipo de dormición; asimismo, los mutantes en su homólogo At1q02070 y los dobles mutantes combinando ambas mutaciones también muestran un fenotipo de dormición similar al del tipo silvestre (no mostrado). Los mutantes en los loci ATS1, expresado diferencialmente únicamente en el mutante ebs, así como WRKY23, que muestra cambios opuestos de expresión en los mutantes ebs y spt-10, tampoco tuvieron alteraciones en el nivel de dormición de la semilla (no mostrado). En nuestras condiciones de estudio tampoco observamos cambios en la dormición de la semilla en los mutantes mft a pesar de que se ha descrito recientemente una disminución de la dormición en el alelo *mft-2* (Vaistij et al., 2013). En cambio, de acuerdo con resultados anteriores, sí mostraron alteraciones de la dormición los mutantes rgl2, scl14 y agl67. Además, encontramos que los mutantes agp31 también presentaban defectos en la

dormición no descritos previamente. *RGL2*, *AGL67*, *AGP31* así como *MFT* se encuentran desregulados de forma similar tanto en el mutante *ebs* como en *spt-10*, mientras que *SCL14* se encuentra reprimido exclusivamente en el mutante *ebs*. En las secciones siguientes se describen los resultados obtenidos en el análisis de estos mutantes, cuya pérdida de función conlleva a alteraciones en la dormición, y que por tanto serían buenos candidatos a mediar el efecto de *EBS* y, en algunos casos, posiblemente el de *SPT* en este proceso.

5.4.1 Caracterización del fenotipo de dormición en semillas frescas de mutantes *agp31.*

AGP31 codifica una proteína de la pared celular, con una organización multidominio única en Arabidopsis (Liu y Mehdy, 2007; Albenne et al., 2012), y que podría estar implicada en respuestas de defensa y en desarrollo. Se ha demostrado que la expresión de AGP31 está reprimida por metiljasmonato, por heridas y por ABA en hojas (Liu y Mehdy, 2007), pero hasta el momento no se ha descrito implicación alguna en el control de la dormición de semillas. Sin embargo, cuando analizamos semillas frescas del mutante *agp31*, pudimos observar una reducción moderada pero significativa en los niveles de dormición (Figura 40), en comparación con los mostrados por semillas del tipo silvestre. Estas alteraciones observadas en el mutante *agp31* son consistentes con la implicación de *AGP31* en el control de la dormición.



Figura 40. Los mutantes *agp31* muestran una reducción del nivel de dormición de la semilla. A. Diagrama de la inserción de T-DNA en el mutante *agp31*. B. Fenotipo y cuantificación de la germinación de semillas frescas del mutante *agp31* respecto a la línea silvestre Col. Los ensayos se realizaron a los 5 días después de la imbibición. Significación *= $p \le 0,05$, que establece un nivel de confianza del 95%.

Con el fin de determinar si *EBS* y *AGP31* interaccionan genéticamente en el control de la dormición, generamos plantas dobles mutantes *ebs agp31*. Como se observa en la Figura 41, en las semillas de este doble mutante la dormición es aún más reducida que en las de sus parentales. Estos resultados sugieren que ambos genes actúan de forma aditiva sobre el control de la dormición, y que a pesar de que *EBS* es necesario para reprimir directa o indirectamente la expresión de *AGP31*, éste tendría funciones independientes de *EBS* en los circuitos genéticos que modulan la dormición.



Figura 41. Los genes *EBS* y *AGP31* no interaccionan genéticamente en el control de la dormición de la semilla de Arabidopsis. Fenotipo de dormición y cuantificación de la germinación de semillas frescas del mutante *ebs, agp31* y del doble mutante *ebs agp31,* respecto al tipo silvestre Col. Los ensayos se realizaron a los 5 días después de imbibición. Significación: ***=p≤ 0,005, *=p≤ 0,05, que establecen un nivel de confianza del 99,5% y del 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

5.4.2 Caracterización del fenotipo de dormición observado en semillas frescas de mutantes *scl14.*

SCL14 se expresa débilmente en todos los tejidos de la planta de Arabidopsis, pero muestra niveles de expresión 10 veces más altos en semillas secas (Fode et al., 2008). Además, actúa inhibiendo la represión de la germinación dependiente de ABA: mediante análisis informáticos de genes implicados en dormición, se ha observado que SCL14 está conectado con factores que median la respuesta a ABA, como ABI3 y ABI5 (Bassel et al., 2011). Estas observaciones, unidas a la desregulación de la expresión de *SCL14* que hemos observado en el mutante *ebs*, sugieren que *SCL14* podría participar también en la regulación de la dormición. De hecho, tal como se observa en la Figura 42, los mutantes *scl14-1* (Fode et al., 2008) muestran una reducción de la dormición de la semilla, en comparación con lo observado en las semillas de plantas Col.



Figura 42. Los mutantes *scl14-1* muestran una reducción de la dormición de la semilla. A. Esquema de la inserción de T-DNA en el mutante *scl14-1* (Fode et al., 2008: Bassel et al., 2011). B. Fenotipo de dormición y cuantificación de la germinación de semillas frescas del tipo silvestre Col y del mutante *scl14-1* a los 5 días después de la imbibición. Significación **=p≤ 0,01, que establece un nivel de confianza del 99%.

Asimismo, para determinar una posible interacción genética entre *EBS* y *SCL14* generamos el doble mutante *ebs scl14-1* y analizamos el fenotipo de dormición del doble mutante. Tal como se observa en la Figura 43, encontramos una reducción significativa de los valores de germinación observados en el doble mutante en comparación con los parentales, siendo la dormición similar a la que presentan las semillas del tipo silvestre. Estos resultados han desvelado una compleja interacción genética entre EBS y SCL14 en el control de la dormición. Serán necesarios experimentos adicionales para comprender la naturaleza de la interacción observada entre *EBS* y *SCL14*.



Figura 43. Fenotipo de dormición del doble mutante ebs scl14-1. Fenotipo de dormición y cuantificación de la germinación de semillas frescas del tipo silvestre Col, de los mutantes ebs, scl14-1 y del doble mutante ebs scl14 a los 5 días después de imbibición. Significación ***=p \leq 0,005, que establece

un nivel de confianza del 99,5%. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

5.4.3 Análisis de la interacción genética entre *EBS* y *RGL2* en el control de la dormición de semillas.

RGL2 modula la interacción entre GA y ABA durante la germinación de la semilla (Lee et al, 2002; Tyler et al., 2004, Ko et al., 2006; Zentella et al., 2007; Piskurewicz et al., 2008; Lee et al, 2010; Stamm y Kumar et al., 2010; Yu et al., 2010). Además, las semillas del mutante *rgl2* muestran una clara reducción de la dormición (Lee et al, 2002; Stamm et al, 2012). Puesto que *RGL2* se encuentra desregulado en el mutante *ebs*, y ambos mutantes muestran defectos en la regulación de la dormición de la semilla, es posible que estos dos genes participen en una ruta común de control de la dormición. Como se observa en la Figura 44 y de acuerdo con datos previos, las semillas de los mutantes *rgl2* tienen un nivel de dormición menor que el tipo silvestre (Lee et al, 2002; Stamm et al, 2012). Además, el doble mutante *ebs rgl2-5* presenta una alteración similar del fenotipo de dormición que los parentales mutantes sencillos, lo que sugiere una posible interacción genética entre ambos loci en la represión de la germinación durante el periodo de dormición.



Figura 44. Fenotipo de dormición del doble mutante *ebs rgl2-5.* Fenotipo de dormición y cuantificación de la germinación de semillas frescas del tipo silvestre L*er*, de los mutantes *ebs, rgl2-5* y del doble mutante *ebs rgl2-5* a los 5 días después de imbibición. Significación: ***= $p \le 0,005$, *= $p \le 0,05$, que establecen un nivel de confianza del 99,5% y 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

5.4.4 Caracterización del fenotipo de dormición en semillas frescas de los mutantes *flc* y *ft.*

Debido a que la expresión de *FLC* y de *FT*, reguladores claves del proceso de la floración, está alterada en mutantes de complejos remodeladores de la cromatina que además regulan la dormición, nos propusimos estudiar el fenotipo de dormición

que presentaban los mutantes *flc* y *ft*. Además del tiempo de floración, *FLC* también regula la germinación de manera dependiente de la temperatura (Chiang et al., 2009). Se ha demostrado que para que tenga lugar la germinación, son necesarios niveles altos de expresión de *FLC* y bajas temperaturas. Se ha propuesto que FLC podría regular la germinación a través de la ruta de la degradación de ABA y de síntesis de GA en semillas embebidas (Chiang et al., 2009), ya que se ha observado que en semillas de líneas que sobreexpresan *FLC* embebidas a temperaturas bajas, se produce un aumento del nivel de expresión de *CYP707A2*, uno de los principales genes implicados en las rutas que degradan ABA, y de *GA200x1*, un gen que regula la conversión de GA inactivo a GA bioactivo, promoviendo así la germinación (Chiang et al., 2009). Además, *FLC* se encuentra desregulado en el mutante *ebs* de acuerdo con nuestros datos transcriptómicos (Figura 36).

Por otro lado, previamente se ha descrito el papel de EBS en la represión de *FT* durante el control de la floración en Arabidopsis (Piñeiro et al., 2003). Puesto que se han identificado numerosos reguladores de la floración implicados también en el control de la dormición, nos propusimos analizar también si *FT* desempeña un papel durante la dormición de la semilla. Para ello, realizamos ensayos de dormición utilizando semillas del mutante *ft*, con los resultados que se describen a continuación.



Figura 45. Los mutantes *flc* y *ft* no muestran alteraciones detectables en la dormición de la semilla. Cuantificación de la germinación de semillas frescas de Col y L*er*, y de los mutantes *flc-3* (A) y *ft-1* (B) a los 5 DDI.

En nuestras condiciones de estudio, los mutantes *flc-*3 (Figura 45A) y *ft-*1 (Figura 45B) no presentan diferencias significativas en los niveles de dormición respecto al tipo silvestre. Los resultados de otros grupos de investigación, que han obtenido datos similares al analizar el fenotipo de dormición del mutante *flc* sin encontrar alteraciones significativas (Liu et al., 2011), confirman nuestras observaciones experimentales. Aunque no es posible descartar que puedan ocurrir

fenómenos de redundancia funcional con otros miembros de la familia de factores de transcripción de tipo MADS box, estos datos indican que *FLC* no sería estrictamente necesario para el control de la dormición de la semilla. Los datos mostrados en la Figura 45 sugieren que el gen *FT* tampoco sería esencial para la regulación del proceso de dormición, aunque de nuevo no sería posible descartar totalmente que fenómenos de redundancia funcional con otros miembros de la familia *FT*-like enmascaren la función de *FT* en este proceso.

5.4.5 Análisis de la posible interacción genética entre *EBS* y *AGL*67 en el control de la dormición.

AGL67 codifica un factor de transcripción de la familia MADS box, específico de semillas (Le et al., 2010) que como hemos dicho, se ha propuesto como un represor central de la germinación de semillas (Bassel et al., 2011). Con el fin de desvelar posibles interacciones funcionales entre AGL67 y EBS en la regulación de la dormición, nos propusimos analizar las alteraciones de la germinación presentes en semillas frescas de dobles mutantes ebs ag/67. Para ello, realizamos cruzamientos de ebs con alelos de agl67 descritos previamente (Bassel et al., 2011). Como se observa en la Figura 46, los dos alelos de inserción empleados, agl67-1 y agl67-2, son portadores de inserciones de T-DNA en el extremo 3´ del locus AGL67 que afectan de forma significativa a su expresión. La expresión del gen en el alelo agl67-1 es detectable en experimentos de qRT-PCR con niveles similares a los del tipo silvestre, utilizando cebadores aguas arriba de la inserción, pero no se detecta el mensajero empleando cebadores situados por debajo del sitio de inserción del T-DNA. En cambio, la expresión en el alelo agl67-2 es casi indetectable con ambas parejas de cebadores (Figura 46B). Estas observaciones sugieren que la inserción de T-DNA en agl67-1 podría generar una proteína truncada, mientras que agl67-2 podría representar un alelo de pérdida de función. Por ello, centramos nuestro análisis genético en el doble mutante ebs agl67-2. Como se puede observar en la Figura 46C, el análisis de expresión por gRT-PCR confirmó que la expresión de AGL67 no se detecta en este doble mutante, y que además, de acuerdo con el análisis de perfiles transcriptómicos, su nivel de expresión es inferior en el mutante ebs que en las semillas de tipo silvestre.



Figura 46. Esquema de las inserciones de T-DNA y expresión de *AGL67* en semillas de las líneas mutantes *agl67-1* y *agl67-2* y del doble mutante *ebs agl67-2*. A. Esquema de la estructura del gen *AGL67* donde se sitúan los sitios de inserción del T-DNA en las líneas mutantes *agl67-1* y *agl67-2*. Los exones se representan en verde, y los intrones y UTRs con una línea horizontal. Además se representa la situación de los cebadores utilizados para llevar a cabo las reacciones de qRT-PCRs: 1F-1R, entre el séptimo exón y el octavo exón, y 2F-2R, entre el último exón y la región 3' UTR. B. Determinación por qRT-PCR de los niveles de expresión de *AGL67* en semillas frescas de Col y de los mutantes *agl67-1* y *agl67-2*, con dos parejas de cebadores usados anteriormente, en semillas frescas y embebidas durante 1d, del tipo silvestre Col y en los mutantes *ebs, agl67-2* y del doble mutantes *ebs agl67-2*. Los valores de expresión de *AGL67* se han relativizado con respecto a los de *UBC*. Significación ***=p≤ 0,005, que establece un nivel de confianza del 99,5%. La significación en B se refiere a la diferencia de expresión entre Col y el mutante sencillo. La significación en C se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

Como se observa en la Figura 47 y de acuerdo con resultados previos, tanto el mutante *ebs* como *agl67* presentan una disminución significativa de la dormición de la semilla, aunque ésta es mayor en el mutante *ebs*. Cuando analizamos el fenotipo de

dormición de semillas del doble mutante *ebs agl67-2,* pudimos observar que el porcentaje de germinación de semillas frescas fue siempre superior al del tipo silvestre, y muy similar al del mutante *agl67,* y por tanto inferior al determinado para semillas de *ebs.* Resultados similares se obtuvieron cuando analizamos la germinación de semillas frescas del doble mutante en oscuridad. En estas condiciones, las semillas frescas del doble mutante *ebs agl67* muestran nuevamente niveles de germinación idénticos a los del mutante sencillo *agl67,* que son sensiblemente inferiores a los de *ebs* (Figura 48).



Figura 47. Fenotipo de dormición del doble mutante *ebs agl67-2* a los 5 y a los 15 DDI en condiciones de iluminación con LB. Fenotipo y cuantificación de la dormición de semillas frescas de Col, *ebs, agl67-2* y del doble mutante *ebs agl67-2*, a los 5 y a los 15 DDI. En los dos análisis el doble mutante es significativamente diferente a *ebs*, pero similar a *agl67-2*. Significación: ***=p≤ 0,005, *=p≤ 0,05, que establecen un nivel de confianza del 99,5% y del 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos, dentro de un mismo día.



Figura 48. Fenotipo de dormición de *ebs agl***67-2 en condiciones de oscuridad.** Cuantificación de la dormición de semillas frescas de Col, y de los mutantes *ebs, agl***67-2 y el doble mutante** *ebs agl***67-2 a los** 7 DDI y cultivadas en condiciones de oscuridad. Significación: ***=p≤ 0,005, que establece un nivel de confianza del 99,5%. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

El mutante *agl67-1* muestra niveles detectables de la región 5´del tránscrito del gen (Figura 46B), lo que sugiere que este alelo mutado podría no ser un alelo de

pérdida total de la función de este gen. A pesar de ello, este alelo de *AGL67* también muestra una alteración significativa de los niveles de dormición de la semilla (Figura 49). Para confirmar las observaciones obtenidas con el alelo *agl67-2*, cuantificamos la dormición de semillas frescas del tipo silvestre Col, de los mutantes *ebs, agl67-1* y del los doble mutante *ebs agl67-1* a los 5 DDI. Así observamos que el doble mutante *ebs agl67-1* presenta diferencias significativas respecto al parental *ebs* y no presenta diferencias respecto a *agl67-1*, resultados similares a los obtenidos con el doble mutante *ebs agl67-2*.



Figura 49. Fenotipo de dormición de *ebs agl67-1* en condiciones de LB. Cuantificación de la dormición de semillas frescas del tipo silvestre Col, de los mutantes *ebs, agl67-1 y* del doble mutante *ebs agl67-1,* a los 5 días después de imbibición, y cultivadas en condiciones de LB. Significación: ***=p \leq 0,005, *=p \leq 0,05, que establece un nivel de confianza del 99,5% y del 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

Todos estos datos indican que en ausencia de un gen *AGL67* funcional, las mutaciones en *EBS* no provocan una disminución adicional de la dormición, y que por tanto *AGL67* es necesario para que se manifieste el fenotipo de dormición reducida de mutantes *ebs*. Puesto que la expresión de *AGL67* disminuye en semillas de este mutante, estas observaciones son consistentes con que *EBS* actúe en la misma ruta de control de la dormición que este regulador central de la dormición. Por tanto, *EBS* es necesario para regular la expresión de *AGL67* durante el periodo de dormición de la semilla, y esta proteína MADS-box a su vez, podría mediar el efecto de *EBS* sobre otros genes implicados en la regulación de la dormición de la semilla. Puesto que *AGL67* es un factor de transcripción con un papel regulador central en este proceso, decidimos analizar el efecto de la pérdida de función de *AGL67* sobre la expresión de algunos de los genes que se encuentran desregulados en el mutante *ebs*, con el fin de poder establecer así hipótesis acerca de cuáles de los genes regulados por *EBS* durante el periodo de dormición de la semilla, estarían también bajo el control de *AGL67*.



Figura 50. Análisis de la expresión de los genes expresados diferencialmente en los mutantes *ebs*, *agl67-2 y ebs agl67-2*. Expresión de los genes *At2g60520, AGP31, RGL2, ABI5, SOM, SCL14, MFT y ATS3*, en semillas frescas y embebidas durante 1d del tipo silvestre Col y de los mutantes *ebs, agl67-2* y el doble mutante *ebs agl67-2*, cuantificada por qRT-PCR. Los valores de expresión se han relativizado con los de *UBC*. Significación: ***=p≤ 0,005, **=p≤ 0,01, *=p≤ 0,05, que establece un nivel de confianza del 99,5%, 99% y 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

Como se observa en la Figura 50, algunos de los genes diferencialmente expresados en el mutante ebs, no se ven afectados por la pérdida de función de AGL67. Este es el caso de RGL2, AGP31 y At3g60520, que además muestran un nivel de expresión similar en el mutante ebs y en el doble mutante ebs agl67. Estos resultados sugieren que la expresión de estos tres genes estaría regulada por EBS de manera independiente de AGL67. En el resto de los genes analizados en este experimento (ATS3, MFT, SCL14, SOM y ABI5) los niveles de expresión están también alterados en el mutante agl67, lo que indica que este MADs box es necesario para su correcta regulación. Serán necesarios experimentos adicionales para determinar cuáles de esos genes desregulados en los mutantes ebs y agl67 median el papel de estos dos reguladores transcripcionales sobre la dormición, así como para comprender la relación funcional existente entre EBS y AGL67 en la regulación de este proceso. Estas observaciones sugieren que AGL67 podría mediar la regulación de EBS sobre determinados genes, pero no sobre todos los que se encuentran desregulados en el mutante ebs. Por tanto, EBS regularía la expresión de muchos de estos genes independientemente de AGL67, aunque desconocemos todavía la relevancia de dichos loci en la regulación de la dormición mediada por EBS.
El análisis genético que hemos realizado ha desvelado una interacción genética entre EBS y AGL67, lo que sugiere que ambos loci podrían actuar en una ruta genética común implicada en la regulación de la dormición de la semilla en Arabidopsis. Puesto que la expresión de AGL67 está anormalmente reprimida en el mutante ebs, AGL67 actuaría por debajo de EBS en este circuito regulador de la dormición. Trabajos previos de nuestro laboratorio han permitido demostrar que EBS es capaz de unirse a zonas reguladoras de la cromatina del locus FT para reprimir su expresión, y esta unión es esencial para mantener la cromatina de este regulador central del tiempo de floración en Arabidopsis en una conformación inactiva que impide una iniciación prematura de la floración (López-González, Tesis Doctoral 2010). Con el fin de determinar si la regulación de EBS sobre AGL67 es directa como en el caso de FT, realizamos experimentos de inmunoprecipitación de cromatina (ChIP), utilizando líneas transgénicas de Arabidopsis en las que el cDNA de EBS se expresa bajo el control de su propio promotor y fusionado con un epítopo MYC. La caracterización previa de estas líneas llevada a cabo en nuestro laboratorio ha demostrado que la proteína EBS es funcional, ya que es capaz de complementar los defectos fenotípicos presentes en plantas mutantes ebs (López-González, Tesis Doctoral 2010). Como se observa en la Figura 51, en el DNA inmunoprecipitado con el anticuerpo anti-MYC en las líneas pEBS:: MYC-EBS, no pudimos amplificar ninguna de las regiones analizadas del gen AGL67 a un nivel significativamente superior que en los controles realizados con la misma línea sin anticuerpo. Si bien no podemos descartar la unión de EBS a zonas genómicas no analizadas del locus AGL67, estos resultados son consistentes con que la regulación de EBS sobre AGL67 no sea directa.

EBS tiene una función represora sobre la expresión de *FT*, y este gen maestro de la floración se encuentra sobreexpresado en mutantes *ebs* (Piñeiro et al., 2003). Por el contrario, la expresión de *AGL67* se encuentra reprimida en semillas de mutantes *ebs*, lo que indica que *EBS* es necesario para la activación de *AGL67* durante el periodo de dormición de la semilla. Aunque no podemos descartar que EBS pueda tener una función activadora de la expresión génica en determinados contextos, estas observaciones en conjunto sugieren que la regulación de EBS sobre *AGL67* podría estar mediada por otro(s) regulador(es) hasta el momento desconocidos.

133



Figura 51. Análisis de la posible unión de EBS a regiones genómicas del locus *AGL67*. A. Esquema de la estructura genómica de *AGL67* indicando las regiones analizadas. B. Media de 3 análisis por qPCR para las regiones I-VI de la cromatina de *AGL67* utilizando como molde DNA inmunoprecipitado de semillas de líneas p*EBS::MYC-EBS* con el anticuerpo anti-MYC (EBS:MYC+), y en ausencia de dicho anticuerpo (EBS:MYC-).

6. Análisis de la posible interacción de *EBS* con otros factores remodeladores de cromatina en la regulación de la dormición.

Además de EBS, diferentes factores remodeladores de la cromatina se han implicado en la regulación de la dormición de la semilla en Arabidopsis (Liu et al, 2007; Liu et al., 2011), y algunos de ellos desempeñan funciones relacionadas con la modulación de los niveles de dicha marca de la cromatina, que tiene un papel central en la regulación de la expresión génica en eucariotas. Por ese motivo, decidimos analizar la existencia de posibles interacciones genéticas de *EBS* con genes que codifican remodeladores de la cromatina previamente implicados en la regulación de la semilla, con especial énfasis en aquellos factores que median cambios en los niveles de H3K4me2/3.

6.1 Relación funcional de *EBS* con los genes *HUB1* y *HUB2*, implicados en la monoubiquitinación de la histona H2B.

6.1.1 Interacción de EBS con los genes HUB1/2 en la regulación de la dormición.

Las proteínas de Arabidopsis HUB1 y HUB2 median la monoubiquitinación de la histona H2B (Zhu et al., 2005), que está funcionalmente relacionada con H3K4me3, una marca característica de genes transcripcionalmente activos (Alvarez-Venegas et al., 2003; Alvarez-Venegas y Avramova, 2005; Berr et al., 2009; Tamada et al., 2009; Alvarez-Venegas et al., 2010; Thorstensen et al., 2011). En Arabidopsis estas modificaciones resultan en cambios en la expresión de genes que influencian procesos claves del desarrollo, como el control de la dormición de semillas y la transición floral (Liu et al, 2007; Cao et al, 2008), también regulados por EBS (Gómez-Mena et al., 2001; Piñeiro et al., 2003). Por todo ello, decidimos analizar si los genes HUB estaban relacionados funcionalmente con EBS en el control de la dormición. Para ello, realizamos un análisis genético en el que combinamos las mutaciones ebs, hub1-4 y hub2-2 en plantas dobles y triples mutantes, de cuyas semillas analizamos los niveles de dormición. De acuerdo con resultados previos, las semillas frescas de los mutantes ebs, hub1 y hub2 germinan prematuramente (Gómez-Mena et al., 2001; Liu et al., 2007) (Figura 52). De hecho, los dobles mutantes hub1 hub2 muestran el mismo fenotipo de dormición que los mutantes sencillos, consistente con la participación de ambas proteínas en el mismo complejo proteico (Liu et al., 2007). Asimismo, los dobles mutantes ebs hub muestran en todos los casos una reducción de la dormición mayor que la observada en cada uno de los mutantes sencillos. Además, el triple mutante ebs hub1 hub2 muestra una reducción adicional de la dormición, en comparación con los dobles mutantes mencionados anteriormente, y a los 2 DDI ya se observan el 100% de las semillas germinadas. Este fenotipo aditivo de los dobles y triples mutantes indica una ausencia de interacción genética entre EBS y los genes HUB en el control de la dormición, por lo que participarían en rutas genéticas al menos parcialmente independientes del control de la dormición.



Figura 52. *EBS* actúa en una ruta genética independiente de los genes *HUB* en el control de la dormición. A. Dormición estimada como germinación a los 2 y 5 DDI de semillas frescas del tipo silvestre Col y de los mutantes *ebs, hub 1-4, hub 2-2,* de los dobles mutantes *ebs hub1-4* y *ebs hub 2-2* y del triple mutante *ebs hub1-4 hub 2-2.* Cuantificación del porcentaje de germinación del experimento mostrado en (A), a los 2 (B) y a los 5 (C) DDI. Significación: ***=p≤ 0,005, *=p≤ 0,05, que establecen un nivel de confianza del 99,5% y 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col, de los dobles mutantes respecto a los mutantes.

Además, analizamos en el mutante *ebs* la expresión de varios genes que están regulados por *HUB1*, y que podrían mediar el efecto de este gen sobre la dormición de la semilla. De acuerdo con resultados previos (Liu et al., 2007), la expresión de los genes *NCED9*, *ATS2*, *CYP707A1 y CYP707A2* disminuye de forma drástica en los mutantes *hub1*. Sin embargo, tal y como se observa en la Figura 53, la expresión de estos genes no está alterada de forma significativa en semillas del mutante *ebs*. Por lo tanto, nuestras observaciones son nuevamente consistentes con la idea que *EBS* tiene funciones independientes de *HUB1* en la regulación de genes que controlan la dormición de la semilla.



Figura 53. Expresión de genes regulados por HUB1 en el mutante *ebs***.** Expresión medida por RT-PCR de *NCED9, ATS2, CYP707A1 y CYP707A2*, genes que se encuentran desregulados en el mutante *hub1*, en semillas frescas del mutante *ebs* y de L*er* embebidas durante 0, 1 y 2 días (0d, 1d y 2d). Como control interno se utilizó la expresión de *UBQ10*.

Por otro lado, analizamos el efecto de las mutaciones en los genes *HUB* sobre los niveles de mensajeros de genes que se encuentran expresados diferencialmente en el mutante *ebs*, y que identificamos en el análisis transcriptómico llevado a cabo. Para ello, cuantificamos mediante qRT-PCR el nivel de expresión de dichos genes en semillas de los mutantes *hub1-4, hub2-2*, de los dobles mutantes *ebs hub1-4 y ebs hub2-2* y del triple mutante *ebs hub1-4 hub2-2*, así como en las semillas del tipo silvestre (Figura 54).

Como observamos en la Figura 54 las expresiones de los genes analizados muestran un comportamiento similar en *ebs* y en los mutantes *hub*, respecto al silvestre. En el caso de los genes *At3g60520*, *AGP31* y *TSO2*, las expresiones de los mutantes sencillos analizados son superiores a los de Col. En el caso de *ABI5*, *SOM*, *SCL14*, *MFT*, *AGL67* y *ATS3*, los mutantes sencillos muestran niveles inferiores de expresión en todos los genotipos analizados, aunque la disminución es mayor en el mutante *ebs* que en los otros mutantes sencillos. La expresión de los genes analizados en los dobles y triples mutantes muestra en todos los casos una desregulación mayor que la observada en los mutantes sencillos y particularmente mayor que en el mutante *ebs*. Por tanto, la pérdida de función de *EBS* y de los *HUB*s tiene un efecto aditivo sobre la desregulación de la expresión realizados, podemos concluir que *EBS* y los genes *HUB* funcionarían en rutas independientes en el control de la dormición de semillas.





6.1.2 Análisis de la interacción de *EBS* con *HUB1/2* en la regulación de la floración.

Tanto EBS como los genes HUB1 y HUB2 participan en el control de la floración (Piñeiro et al., 2003; Cao et al., 2008), un aspecto del desarrollo en el que nuestro laboratorio está también interesado. Aunque los resultados que hemos descrito anteriormente indican que no existe una interacción genética entre EBS y los genes HUB en el control de la dormición, no podemos descartar que exista en la regulación de otros procesos de desarrollo como la transición floral. Por ese motivo, decidimos analizar el tiempo de floración de los dobles y triples mutantes ebs hub, y que fueron generados para el análisis de dormición descrito anteriormente. En la Figura 55, se muestra el fenotipo de floración y la cuantificación del tiempo de floración de plantas del tipo silvestre Col y de los mutantes ebs, hub1-4, hub2-2, de los dobles mutantes ebs hub1-4 y ebs hub2-2 y de los triples mutantes ebs hub1-4 hub2-2 en condiciones de DL y DC. Los dobles y triples mutantes analizados en las dos condiciones fotoperiódicas estudiadas, presentan un fenotipo de floración más temprano que la de los mutantes sencillos. Por lo tanto, el fenotipo de aceleración de la floración es aditivo, lo que indica que, al igual que en el caso de la dormición de la semilla, EBS y los genes HUB no interaccionan genéticamente en el control del tiempo de floración.



Figura 55. Los genes *HUBs* y *EBS* no interaccionan genéticamente en el control de la floración. Cuantificación y fenotipo de la floración de plantas del tipo silvestre Col y de los mutantes *ebs, hub 1-4, hub 2-2,* de los dobles mutantes *ebs hub1-4* y *ebs hub 2-2,* y del triple mutante *ebs hub1-4 hub 2-2,* cultivadas en A) condiciones de DL y B) de DC. Significación ** p 0,005, que establece un nivel de confianza del 99,5%. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col, del doble mutante respecto a los mutantes sencillos y del triple mutante respecto a los dobles mutante.

6.2 Implicación del complejo PAF1 en el control de la dormición.

Debido al fenotipo de reducción de la dormición observado en los mutantes *hub1* y *hub2*, y dado que el PAF1-C está relacionado con la monoubiquitinación de la histona H2B y con el reclutamiento de metiltransferasas de histonas, quisimos analizar el fenotipo de dormición mostrado por mutantes en los componentes *ELF7* y *ELF8* del PAF1-C. Como se muestra en la Figura 56, los componentes ELF7 y ELF8 del PAF1-C participan en el control de la dormición en Arabidopsis, ya que los mutantes *elf7* y *elf8* muestran una reducción significativa en la dormición de semillas respecto a Col. En el transcurso de nuestro trabajo, Liu et al., 2011 corroboraron estos resultados, y mostraron también una reducción de la dormición en mutantes afectados en el resto de subunidades del PAF1-C.



Figura 56. Los componentes del PAF1-C ELF7 y ELF8 son necesarios para la correcta regulación de la dormición. Dormición de semillas frescas de Col y de los mutantes *elf7-2* (A) y *elf8-1* (B), a los 5 DDI. Significación: ***= $p \le 0,005$ y *= $p \le 0,05$, que establece un nivel de confianza del 99,5% y 95%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes respecto a Col.

6.3 Relación funcional de *EBS* con genes implicados en la metilación de histonas en el proceso de dormición.

6.3.1 Análisis de la interacción genética de *EBS* con *ATXR7* en el control de la dormición.

Determinadas proteínas con actividad metiltransferasa de histonas catalizan la trimetilación de residuos H3K4, una modificación de la histona H3 que está asociada a la activación transcripcional de genes en eucariotas (Miller et al., 2001; Roguev et al., 2001; Avranova, 2009). En base a la similitud de metiltransferasas específicas de H3K4 descritas en levaduras, en Arabidopsis se ha propuesto la existencia de diversas proteínas tipo Trithorax como metiltransferasas específicas implicadas en la modulación de esta marca (Ng et al. 2007). Entre ellas, las proteínas ATX1, ATX2, ATXR3 y ATXR7, están implicadas en la metilación de histonas y en la regulación de

la floración, activando la expresión de *FLC* (Álvarez-Venegas et al., 2003; Saleh et al., 2008; Tamada et al., 2009; Berr et al, 2009; Yun et al, 2012). Dada la implicación de EBS y de HUB1 y 2 en la regulación de la dormición y la floración, y su relación con H3K4me3, decidimos analizar si las metiltransferasas ATX1 y 2, y ATXR7 serían necesarias también para una correcta regulación de la dormición de semillas. Como se observa en la Figura 57, los mutantes atx1-2, atx1-3, y atx2-1 no presentaron diferencias significativas respecto al tipo silvestre Col en cuanto a la dormición de semillas frescas. Sin embargo, los mutantes atxr7-1 y atxr7-2, presentaron una reducción significativa de la dormición, tanto en condiciones de luz como de oscuridad, comportándose ambos alelos de una manera similar respecto al nivel de dormición en las semillas (Figura 57). En el curso de este trabajo, el grupo del Dr. W. Soppe (Max Planck Institute for Developmental Biology, Colonia, Alemania) publicó unas observaciones que confirmaban estos resultados, al menos en condiciones de luz, ya que empleando una aproximación similar encontraron una reducción de la dormición similar frescas en el mutante atxr7-1 (Liu et al., 2011).



Figura 57. La metiltransferasa de histonas ATXR7 está implicada en el control de la dormición en Arabidopsis. Cuantificación de la dormición de semillas frescas de los mutantes atx1-2, atx1-3, atx2-1, atxr7-1 y atxr7-2 en condiciones de luz (A), a los 5 DDI, y de oscuridad (B), a los 7 DDI.. Significación: *= $p \le 0,05$, que establece un nivel de confianza del 95%. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes respecto a Col.

Con el fin de determinar si estos genes que codifican metiltranferasas pudieran tener funciones redundantes en el control de la dormición de la semilla, analizamos el comportamiento de los dobles mutantes *atx1-2 atxr7-1*. Como se observa en la Figura 58, este doble mutante presenta una reducción de la dormición significativamente mayor que la de *atx1-2*, pero similar a la de *atxr7-1*. Por tanto, *ATX1* no parece desempeñar un papel en la regulación de la dormición, y por lo tanto, no tiene funciones redundantes con *ATXR7* en el control de este proceso.



Figura 58. ATX1 no es funcionalmente redundante con ATXR7 en el control de la dormición en Arabidopsis. Cuantificación de la dormición de semillas frescas de Col y de los mutantes atx1-2, atxr7-1 y del doble mutante atxr7-1 atx1-2, a los 5 DDI. Significación: *=p≤ 0,05, que establece un nivel de confianza del 95%. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

Puesto que *ATXR7* está implicado en el control de la dormición de semillas de Arabidopsis, probablemente mediando cambios en la conformación de la cromatina de los genes diana, quisimos determinar si *ATXR7* interacciona genéticamente con *EBS* en la regulación de este proceso de desarrollo. Para ello generamos los dobles mutantes *ebs atxr7* y analizamos los niveles de dormición de sus semillas.



Figura 59. *EBS* y *ATXR7* actúan en rutas genéticas independientes en el control de la dormición de semillas de Arabidopsis. Fenotipo y cuantificación de la dormición de semillas frescas de Col y de mutantes *ebs, atxr7-1, atxr7-2, ebs atxr7-1* y *ebs atxr7-2* a los 5 DDI. Significación: ***=p≤ 0,005, que establece un nivel de confianza del 99,5%. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

Como se muestra en la Figura 59, los mutantes *ebs atxr7-1* y *ebs atxr7-2* presentan un fenotipo aditivo, con mayor reducción de la dormición (porcentajes de germinación por encima del 80%) que los dos mutantes sencillos. Por tanto, *ATXR7* y

EBS controlan la dormición de semillas de Arabidopsis, actuando en rutas genéticas independientes.

Además, decidimos estudiar en los mutantes *atxr7-2* y *ebs atxr7-2* la expresión de diversos genes que habíamos identificado previamente por estar expresados diferencialmente en el mutante *ebs*, y determinar así si los loci *EBS* y *ATXR7*, comparten la regulación de genes que podrían mediar su efecto sobre la dormición de la semilla.





Como se observa en la Figura 60, la expresión de *At3g60520* y *RGL2* en el mutante *ebs* es elevada respecto a la que observamos en el tipo silvestre Col. Sin embargo, los mutantes *atxr7* presentan una expresión de ambos genes similar a la de semillas de Col, lo que sugiere que EBS pero no ATXR7, regularía la expresión de *At3g60520* y *RGL2*.

En cuanto al nivel de expresión de *AGL67, MFT, ATS3, LEA, ABI5, SOM y TSO2,* nuestros resultados indican que *ATXR7* y *EBS* actuarían de forma aditiva sobre la regulación de la expresión de estos genes durante el periodo de dormición. Como

se observa en la Figura 60, el mutante *atxr7-2* muestra cambios similares a *ebs* en la expresión de los genes *AGL67, MFT, ATS3, LEA, ABI5, SOM y TSO2*, mientras que cuando se combinan ambas mutaciones, su efecto en la expresión se potencia en la mayor parte de los casos, al igual que ocurría con el fenotipo de dormición de los dobles mutantes *ebs atxr7-2*.

6.3.2 Análisis de la interacción genética de *EBS* con *ATXR7* en el control de la floración.

Previamente se ha descrito que *ATXR7* participa en el control del tiempo de floración en Arabidopsis a través de la remodelación de la cromatina del gen *FLC* (Tamada et al., 2009). Aunque los resultados que hemos obtenido indican que *EBS* y *ATXR7* actúan en rutas independientes de regulación de la dormición, podrían interaccionar genéticamente en el control del tiempo de floración. Como se muestra en la Figura 61, los dobles mutantes *ebs atxr7* tienen un fenotipo de floración aún más temprano que los dos parentales, tanto en condiciones de DL como de DC. Este fenotipo aditivo de aceleración de la floración en el doble mutante *ebs atxr7* sugiere que ambos genes no interaccionan genéticamente, y por tanto actuarían en rutas genéticas independientes también en el control del tiempo de floración.



Figura 61. EBS y ATXR7 actúan a través de rutas independientes en el control del tiempo de floración. Cuantificación y fenotipo de floración de Col y de mutantes *ebs*, *atxr7-1*, *atxr7-2*, *ebs atxr7-1* y *ebs atxr7-2* en condiciones de DL (A) y de DC (B). Significación ***= $p \le 0,005$, que establece un nivel de confianza del 99,5%, de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

Por lo tanto, *EBS* y *ATXR7* codifican proteínas implicadas en procesos de remodelación de la cromatina de genes que regulan los mismos procesos del desarrollo, pero actúan a través de rutas genéticas independientes, tanto en el control de la dormición como en el control de la floración en Arabidopsis.

6.3.3 Participación de la metiltransferasa de histonas SDG8 en la regulación de la dormición de semillas.

SDG8/EFS, es un homólogo de la metiltransferasa de histonas SET2 en levaduras (Xu et al., 2008). Esta metriltransferasa promueve la di y trimetilación de la histona H3K36 en sus genes diana, marca de genes transcripcionalmente activos (Zhao et al, 2005; Xu et al, 2008). Se ha descrito que SDG8 y EMBRYONIC FLOWER2 (EMF2), un componente del PRC2, interaccionan de manera sinérgica para la represión de genes de maduración de la semilla, para el mantenimiento de la identidad de la célula, y para promover el correcto desarrollo de la plántula (Tang et al, 2012). Además se ha demostrado que las proteínas SET2 interaccionan funcionalmente con el PAF1-C, que como hemos comentado, está implicado en la regulación de la dormición de la semilla (Liu et al., 2011). Por todo ello, nos propusimos estudiar si SDG8 desempeña también un papel en la regulación de la dormición de semillas frescas. Como se observa en la Figura 62, el mutante sdg8 muestra una considerable reducción de la dormición de semillas frescas, respecto a las semillas de tipo silvestre Col, confirmando que la deposición de las marcas de la cromatina de la que es responsable SDG8, es necesaria para un control adecuado del proceso de dormición. Durante el curso de este trabajo se describieron una serie de alteraciones fenotípicas que afectan a la dormición de las semillas del mutante efs-1 y que son consistentes con nuestras observaciones (Bassel et al., 2011).



Figura 62. SDG8/EFS participa en la regulación de la dormición de la semilla. Imagen y cuantificación de semillas frescas de Col y del mutante *sdg8* a los 5 días después de imbibición. Significación ***=p≤

0,005, que establece un nivel de confianza del 99,5%. La significación se refiere a la diferencia del mutante respecto a Col.

Además, nos propusimos analizar en el mutante *sdg8* los niveles de expresión de diferentes genes que son expresados diferencialmente en el mutante *ebs*, como *FLC, AGL67, SOM, ABI5, MFT* y *RGL2*, con el fin de poder concluir si *EBS* y *SDG8* estarían implicados en regular la expresión de un grupo común de genes que participan en el control de la dormición/germinación de semillas.



Figura 63. Expresión en el mutante *sdg8* de genes expresados diferencialmente en *ebs*. Expresión de *FLC, AGL67, SOM, ABI5, MFT y RGL2* en semillas frescas de Col y del mutante *sdg8*, embebidas durante 1 día. Significación **=p≤ 0,05, ***=p≤ 0,005, que establecen un nivel de confianza del 95% y 99,5%, respectivamente. La significación se refiere a la diferencia del mutante respecto a Col.

Como se observa en la Figura 63, los niveles de expresión de *FLC* en el mutante *sdg8* son muy bajos, como cabría esperar, ya que se ha descrito que SDG8 es necesario para la activación de este gen central en el control de la floración (Xu et al., 2008). Estos resultados confirman que SDG8 también participa en el control de la expresión de *FLC* en semillas frescas, aunque de manera opuesta a *EBS*, que reprimiría la expresión de este gen, tal y como se observa en la Figura 37.

Además, hemos comprobado que los niveles de expresión de *AGL67*, están significativamente reducidos en el mutante *sdg8* con respecto a Col, al igual que ocurría en el mutante *ebs*. Esta disminución de la expresión de *AGL67* es consistente con el menor nivel de dormición de las semillas observada en el mutante *sdg8*. Sin embargo, la expresión de *MFT* en el mutante *sdg8* se encuentra desreprimida, al contrario de lo que observamos en el mutante *ebs* (Figura 63). Por otra parte, la

expresión de *SOM*, *ABI5* y *RGL2* no presenta diferencias significativas entre semillas del mutante *sdg8* y de Col, por lo que en nuestras condiciones, SDG8 no parece modular la expresión de estos genes. Por tanto, SDG8 es necesario para la correcta regulación de la expresión de *FLC*, *AGL67* y *MFT* en el proceso de dormición, aunque su efecto en la expresión de estos genes es opuesto al de EBS en el caso de *FLC* y *MFT*, lo que sugiere que ambos remodeladores de cromatina actuarían de forma diferente sobre la regulación de la expresión de estos loci.

Como en el caso de los factores remodeladores de cromatina mencionados anteriormente, quisimos explorar si *SDG8* presentaba alguna relación funcional con *EBS* en el control de la dormición, para lo que generamos el doble mutante *ebs sdg8*.



Figura 64. Fenotipo de dormición del doble mutante *ebs sdg8.* Fenotipo y cuantificación de la germinación de semillas frescas de Col y de los mutantes *ebs, sdg8* y *ebs sdg8,* medida a los 5 DDI. Significación: ***= $p \le 0,005$, que establece un nivel de confianza del 99,5%. La significación se refiere a la diferencia de los mutantes sencillos respecto a Col y del doble mutante respecto a los mutantes sencillos.

De acuerdo con nuestros resultados previos, las semillas frescas de mutantes *ebs* y *sdg8* muestran reducciones significativas de dormición (Figura 64). Sin embargo, el doble mutante *ebs sdg8*, muestra niveles de germinación de semillas frescas muy similares a los de las semillas del tipo silvestre Col, de manera que la reducción de la dormición observada para ambos mutantes por separado se suprime totalmente en el doble mutante, lo que podría sugerir la existencia de algún tipo de interacción genética entre ambos loci en el control de la dormición. Al igual que en el resto de los experimentos de dormición descritos a lo largo de este trabajo, comprobamos que la viabilidad de las semillas del doble mutante *ebs sdg8* era mayor del 80%, concretamente en este caso era próxima al 100%, lo que confirma que la ausencia de germinación observada en las semillas de este doble mutante no se debe a letalidad causada por la combinación de ambas mutaciones. Dado que *AGL67* es un regulador central en el control de la dormición en Arabidopsis, y que su expresión se encuentra

reducida en *ebs* y en *sdg8*, quisimos analizar la expresión de *AGL67* en el doble mutante *ebs sdg8*.



Figura 65. Expresión de *AGL*67 en el doble mutante *ebs sdg8*. Expresión de *AGL*67 en semillas frescas de Col y de los mutantes *ebs, sdg8* y *ebs sdg8*, embebidas durante 1 día. Se muestran datos de qRT-PCR en los que los valores de expresión se han relativizado con los de *UBC*. Significación: ***= $p\leq0,005$, *= $p\leq0,05$, que establece un nivel de confianza del 99,5% y 95%, respectivamente. El doble mutante es significativamente diferente a sus parentales pero igual a Col.

Los resultados obtenidos confirman que las semillas de los mutantes *ebs* y *sdg8* muestran un nivel de expresión de *AGL67* inferior al detectado en las semillas de Col. En cambio, el doble mutante *ebs sdg8* presenta niveles de expresión de *AGL67* significativamente diferentes a los mutantes sencillos, pero similares a los de semillas de Col. Estos datos indican que la pérdida de función de ambos remodeladores de cromatina restaura los niveles de expresión de *AGL67*, y por tanto, un nivel de dormición de la semilla similar al del tipo silvestre. Experimentos adicionales serán necesarios para determinar la base molecular de la interacción entre ambos loci implicados en el control de la dormición de la semilla de *AGL67* tenga un papel central en mediar los defectos en dormición observados en los mutantes *ebs* y *sdg8*.

6.4. Análisis del posible papel de otros complejos remodeladores de cromatina en la regulación de la dormición.

6.4.1 Análisis del papel de SWR1-C en la regulación de la dormición de semillas.

Nuestros resultados confirman el papel central que tienen los procesos de remodelación de cromatina en la regulación de la dormición de la semilla, ya que los diversos remodeladores analizados en este trabajo resultaron estar implicados en el control de este proceso. Para ampliar este análisis, decidimos estudiar el posible papel de otros complejos implicados en la reorganización de la cromatina y el control

transcripcional de la expresión génica. Por ese motivo, analizamos el comportamiento de dormición de semillas procedentes de mutantes del SWR1-C, como *photoperiod independent early flowering 1 (pie1)*, *early in short days 1 (esd1)/ actin-related protein 6 (arp6)/ supressor of frigida 3 (suf3) y swc6/ serrated leaves and early flowering (sef)* (Noh y Amasino, 2003; Martin-Trillo et al., 2006; Lázaro et al., 2008).

Este complejo remodelador de cromatina cataliza el intercambio de la histona H2A por la variante histónica H2A.Z, y se ha demostrado que tiene un papel esencial en la regulación del tiempo de floración y en otros procesos de desarrollo en Arabidopsis (Choi et al., 2007; March-Díaz y Reyes, 2009).





Como se muestra en la Figura 66, ninguno de los mutantes del SWR1-C estudiados muestra alteraciones significativas de la dormición, lo que sugiere que al menos en las condiciones ensayadas, SWR1-C no es necesario para la regulación de la dormición de semillas frescas. Estas observaciones nos permiten concluir que si bien determinados complejos remodeladores de la cromatina tienen un papel esencial para la correcta regulación de la dormición, no existe este requerimiento para otras actividades encargadas de reorganizar la cromatina.

6.4.2 Análisis del posible papel en dormición de ELF6 Y JMJ4, otros remodeladores de la cromatina relacionados con EBS.

Resultados previos de nuestro laboratorio ha establecido que EBS reconoce las marcas H3K4me3/2 de la cromatina (López-González, 2010. Tesis doctoral). Además se ha demostrado que las proteínas ELF6 y JMJ4 se unen a la región de inicio de la transcripción del locus *FT*, y actúan eliminando la metilación del residuo H3K4, para mantener la cromatina en un estado transcripcionalmente inactivo, y evitar que ocurra

149

la floración de forma precoz (Jeong et al., 2009). Puesto que EBS regula el proceso de dormición de la semilla, y que ELF6 y JMJ4 actúan sobre la misma marca de cromatina que reconoce EBS, podría ocurrir que estas proteínas que modifican esta marca implicada en el control de la transcripción, también fuesen necesarias para modular la dormición de la semilla, por lo que nos propusimos estudiar el fenotipo de dormición de los mutantes *elf6* y *jmj4*.



Figura 67. Fenotipo de dormición de los mutantes *jmj4* y *elf6*. Cuantificación de la germinación de semillas frescas de Col y del mutante *elf6-4*, a los 5 DDI.

Como se puede observar en la Figura 67, la dormición de semillas frescas de los mutantes *jmj4* y *elf6* no está alterada significativamente, siendo similar a la observada en semillas del tipo silvestre, lo que sugiere que este proceso tiene lugar independientemente de la actividad de estas demetilasas de histonas, al menos en las condiciones ensayadas. Todas estas observaciones nos permiten concluir que la remodelación de cromatina tiene un papel central en la regulación de la dormición, aunque determinados mecanismos tienen un impacto más notable sobre el control de este proceso.

7. Identificación de otros reguladores transcripcionales que podrían participar en la regulación de la dormición.

Además de los reguladores analizados hasta ahora, y que hemos descrito en los apartados anteriores de esta memoria, en el curso de este trabajo nos hemos interesado también en la identificación de factores de transcripción (FT) que pudieran estar implicados en controlar la germinación de semillas de Arabidopsis durante el periodo de dormición. Esta parte del trabajo se llevó a cabo dentro del proyecto Consolider-TRANSPLANTA, donde se ha generado una colección de plantas transgénicas de Arabidopsis que sobreexpresan de forma inducible alrededor de 1000 factores transcripcionales. Esta colección es una herramienta potente para identificar factores de transcripción implicados en diversos aspectos del desarrollo y la biología

de Arabidopsis (Coego et al., 2014). En particular, nuestro grupo se centró en la búsqueda de factores transcripcionales que regularan la dormición de semillas.

En el genoma de las plantas aproximadamente el 7% de la secuencias codificantes corresponde a FTs (Udvardi et al., 2007). Los FTs son los principales reguladores de la actividad genética en todos los organismos. En eucariotas, a menudo forman parte de familias de genes en las que los distintos miembros pueden presentar redundancia funcional (Riechmann et al., 2000), siendo difícil en ocasiones inferir el papel que desempeñan. Para hacer frente a esta limitación, la sobreexpresión de genes que codifican FTs es una estrategia útil para revelar la función biológica de estos factores. Sin embargo, la sobreexpresión constitutiva de FTs a menudo resulta en letalidad o fenotipos extremos que dificultan su caracterización funcional (Kasuga et al., 1999). Como una herramienta básica en el Proyecto Transplanta se generó una colección de líneas transgénicas de Arabidopsis que expresan individualmente FTs bajo el control de un promotor inducible. El uso de un sistema de sobreexpresión condicional de FTs permite evitar los potenciales efectos deletéreos que la sobreexpresión constitutiva de FTs puede causar en el desarrollo y la fisiología de las plantas transformadas. Para ello, se partió de una colección de cDNAs de FTs en el vector pER8GW (Zuo et al., 2000), que contiene un casete con la construcción XVE, similar al presente en el vector pMDC7 previamente descrito en el apartado 1.3.2, y donde los FTs están bajo el control de un sistema inducible por β-estradiol. Algunas de las familias de FTs más importantes como AP2/EREBP, ABI3/VP1, Alfin-like, BZR, C2C2 CO-like, DOF, YABBY, CCAAT, E2F-DP, G2-like, GRAS, HSF, MADS, MYB, NAC, RAV, TCP, WRKY y bZIP están representadas con más del 50% de sus miembros en la colección Transplanta. Se produjeron alrededor de 2400 líneas transgénicas homocigotas independientes portadoras de la construcción pER8::FTs, que representan a unos 1000 FTs de Arabidopsis.

7.1 Diseño y optimización del procedimiento de identificación de reguladores transcripcionales implicados en el control de la dormición de semillas.

Para identificar FT potencialmente implicados en el control de la dormición, las líneas transgénicas portadoras de la construcción inducible por β -estradiol se cultivaron en cámaras de cultivo en condiciones de DL, y se recolectaron las semillas frescas al final de la maduración. Estas semillas frescas se sembraron en placas en presencia o ausencia del agente inductor, y en cuatro condiciones experimentales de luz y temperatura diferentes. Tres de ellas (1, 2 y 3) nos sirvieron para seleccionar

genes candidatos a participar en la modulación de la dormición, y la cuarta para confirmar la viabilidad de las semillas. Las condiciones ambientales empleadas fueron:

- 1. Luz blanca y temperatura de 22ºC.
- 2. Oscuridad y temperatura de 22ºC.
- 3. Luz blanca y temperatura de 16ºC.
- 4. Oscuridad y temperatura de 4ºC durante 3 días, y transferencia posterior a condiciones idénticas a las descritas en 1.

En el caso de cultivo en luz blanca y en oscuridad (condiciones 1 y 2) a 22°C, seleccionamos líneas que mostraran una reducción de la dormición respecto a semillas de tipo silvestre Col a los 5 DDI (luz) y a los 7 DDI (oscuridad). En el caso de la selección en condiciones de LB a 16°C (3), seleccionamos líneas en las que aumentase la dormición respecto a semillas de Col a los 15 días, ya que en estas condiciones las semillas de Col germinan totalmente. Finalmente, la incubación de semillas en condiciones de 4°C y oscuridad, y posterior transferencia a luz blanca, nos permitió corroborar que las semillas empleadas en el cribado de la colección eran viables. En la Figura 68 se muestra un esquema del proceso de selección.



Figura 68. Diseño experimental para la identificación de FTs implicados en el proceso de dormición dentro de la colección TRANSPLANTA. LB: condiciones de crecimiento de luz blanca y

22°C; OSC: condiciones de crecimiento de oscuridad y 22°C; 16°C: condiciones de crecimiento de luz blanca y 16°C; LB+E: estratificación durante 3 días a 4°C y posterior crecimiento en condiciones de luz blanca y 22°C. Entre paréntesis se indica el número de placas en cada condición.

Con anterioridad al inicio del rastreo de la colección TRANSPLANTA realizamos diversos experimentos que nos permitieran establecer las condiciones óptimas para los ensayos. La concentración óptima de β -estradiol para inducir la expresión de FTs en semillas frescas se determinó mediante experimentos con semillas frescas de una línea pER8GW::*GUS*, en la que el gen reportador *GUS* se expresa bajo el control de un promotor que responde al factor de transcripción quimérico XVE cuya actividad depende de la presencia de β -estradiol (véase sección 1.3.2). Las semillas de esta línea se tiñeron con sustrato para actividad GUS tras la imbibición en presencia de diferentes concentraciones de la hormona y en condiciones de LB.



Figura 69. Determinación de la concentración óptima de uso de β-estradiol para el cribado de líneas de la colección TRANSPLANTA. A. Tinción GUS de semillas de líneas *pER8GW:GUS* embebidas durante 1 día en placas con papel humedecido con una solución conteniendo la hormona, a diferentes concentraciones de β-estradiol (0, 1, 10 y 25 μ M). B. Germinación de semillas frescas de tipo silvestre Col, de líneas transgénicas con la construcción p*ER8:GUS* y de líneas de sobreexpresión de *EBS* inducible por β-estradiol, a los 5 DDI. Las semillas se cultivaron en condiciones de LB a 22°C.

Como se observa en la Figura 69A, la actividad β -glucuronidasa se induce en las semillas en cualquiera de las concentraciones de β -estradiol utilizadas, pero no en su ausencia. Esta observación demuestra que e β -estradiol es capaz de atravesar la cubierta de la semilla e inducir la expresión del gen reportador GUS tras un periodo de imbibición de 1 día en presencia del agente inductor. Además, los resultados mostrados en la Figura 69B muestran que el tratamiento con β -estradiol no altera el nivel de dormición de las semillas, va que tanto las semillas frescas de Col como las provenientes de plantas transgénicas portadoras del vector pER8GW::GUS no presentan cambios significativos en su germinación con las diferentes concentraciones de la hormona esteroide empleadas. Sin embargo, las semillas frescas de la línea XVE:: EBS 6, generada anteriormente en el laboratorio y utilizada aguí como control positivo de la inducción con β -estradiol, responden al tratamiento con la hormona, induciendo la germinación prematura de semillas durmientes, tal y como habíamos demostrado anteriormente (Figura 23). Estos ensayos previos nos permitieron establecer una concentración de uso de 10 μ M de β -estradiol para llevar a cabo los rastreos de dormición planteados con las líneas de la colección TRANSPLANTA.

Todos estos resultados nos permiten concluir que el sistema de sobreexpresión con XVE es funcional en semillas frescas de Arabidopsis y es dependiente de βestradiol, y por tanto, podría ser una herramienta de utilidad en la búsqueda de FTs que estén implicados potencialmente en la regulación de la dormición.

7.2. Identificación de líneas de la colección TRANSPLANTA con respuesta alterada durante la dormición de la semilla.

Una vez establecidas las condiciones experimentales idóneas para la búsqueda de líneas de la colección de FTs que presenten alteraciones de la dormición dependientes de la inducción por β -estradiol, procedimos a evaluar las líneas disponibles en el consorcio. Hasta el momento hemos analizado 839 líneas que correspondían a 327 factores de transcripción diferentes, cada una de ellas en las distintas condiciones de cultivo establecidas para la selección. En un primer cribado, identificamos 145 líneas correspondientes a diferentes FTs que mostraron una alteración de la dormición. Estos ensayos se volvieron a repetir con estas posibles líneas positivas, y se confirmaron los resultados de dormición en presencia de β -estradiol corresponden a un total de 26 factores de transcripción. Entre ellas encontramos 25 líneas correspondientes a 16 FTs que mostraron una reducción de la

dormición en la condición 1 (LB, 22°C), 21 líneas correspondientes a 12 FTs en la condición 2 (OSC, 22°C), y 10 líneas correspondientes a 6 FTs en la condición 3 (LB, 16°C). Cabe resaltar que entre las líneas seleccionadas por su menor dormición en las condiciones experimentales 1 y 2, 14 líneas correspondientes a 8 FTs fueron comunes.

Como se observa en la Tabla 8, para varios de los FT analizados se han identificado más de una línea con dormición alterada de manera independiente. La disponibilidad de varias líneas XVE::FT independientes proporciona robustez al cribado, motivo por el cual la colección TRANSPLANTA se diseñó para disponer de más de una línea portadora de cada uno de los FT (al menos 2 y un máximo de 3). La identificación de un mismo FT en varias líneas independientes reduce las posibilidades de seleccionar falsos positivos, por lo que aquellos FT aislados repetidamente en todas las líneas disponibles para ese FT son buenos candidatos para representar reguladores transcripcionales implicados en el control de la dormición.

La Tabla 8 muestra los FTs identificados en base a los defectos en dormición observados en las líneas correspondientes en respuesta a la sobreexpresión inducida por β -estradiol. Estas proteínas pertenecen a diferentes familias de FTs, y algunos de ellos ya habían sido relacionados previamente con algún aspecto relacionado con la dormición de semillas, como es el caso de TTG1 y LEC2 (Debeaujon et al., 2000; Western et al, 2001; Finkelstein et al., 2008). La Tabla 8 muestra también las condiciones de selección en las que se identificaron los distintos FTs y cuáles de ellos fueron aislados en condiciones de luz (1), oscuridad (2) y a 16°C (3).

Serán necesarios experimentos adicionales para confirmar la implicación de estos FTs en el control de la dormición de semillas. En el transcurso de este trabajo ha sido imposible abordar sistemáticamente el estudio de todos los FTs identificados en nuestros rastreos, pero sí que hemos podido iniciar la caracterización funcional preliminar de algunos de ellos en relación con la regulación de la dormición. A continuación se muestran los resultados obtenidos con el análisis funcional inicial realizado con dos de los FTs seleccionados.

	Gen	Nombre	Condición de cultivo
1	At5g55690	AGL47	1
2	At4g17500	ERF1	1
3	At3g07650	COL9	1
4	At3g07650	COL9	1 y 2
5	At1g66350	RGL1	1 y 2
6	At1g66350	RGL1	1 y 2
7	At1g66350	RGL1	1 y 2
8	At3g10760	MYB DOMAIN	1 y 2
9	At3g10760	MYB DOMAIN	1 y 2
10	At1g68520	BBX14	1
11	At1g68520	BBX14	1
12	At3g13540	MYB5	1
13	At3g13540	MYB5	1
14	At1g75510	Transcription initiation factor IIF, beta subunit	1
15	At3g21270	DOF2	1
16	At1g09530	PIF3	1
17	At5g49520	WRKY48	1 y 2
18	At5g49520	WRKY48	1 y 2
19	At5g49520	WRKY48	1 y 2
20	At5g24520	TTG1	1 y 2
21	At1g49720	ABF1	1 y 2
22	At1g49720	ABF1	1 y 2
23	At1g05805	bHLH	1 y 2
24	At1g28300	LEC2	1
25	At1g01260	bHLH	2
26	At4g01250	WRKY22	2
27	At3g30530	BZIP42	2
28	At2g30250	WRKY25	2
29	At2g30250	WRKY25	2
30	At2g40950	BZIP17	2
31	At2g40950	BZIP17	2
32	At2g40950	BZIP17	1 y 2
33	At5g45150	RTL3	3
34	At3g46600	SCL30	3
35	At3g46600	SCL30	3
36	At3g46600	SCL30	3
37	At1g35560	TCP23	3
38	At1g35560	TCP23	3
39	At1g35560	TCP23	3
40	At1g67260	TCP1	3
41	At4g18770	MYB98	3
42	At5g10380	RING1	3

Tabla 8. Líneas portadoras de FT cuya sobreexpresión inducida poβ -estradiol origina una alteración en la respuesta de dormición de las semillas. Se indican las condiciones de cultivos en la que se identificaron las líneas anteriores: 1: Luz blanca y temperatura 22°C, 2: Oscuridad y temperatura 22°C, 3: Luz blanca y 16°C.

7.3 Aproximación a la caracterización funcional de *COL9*, cuya sobreexpresión inducible provoca una reducción de la dormición.

Uno de los factores seleccionados para abordar su estudio funcional en la modulación de la dormición de semillas fue CONSTANS-LIKE 9 (COL9), perteneciente

a la familia de proteínas de Arabidopsis que presentan alto nivel de homología con CONSTANS (CO) y de la que forman parte 16 miembros (Cheng y Wang, 2005). En la colección de líneas transgénicas generadas en el proyecto TRANSPLANTA, existían dos líneas de sobreexpresión inducibles para este gen, a las que denominamos COL9-1 y COL9-2. Ambas líneas de sobreexpresión presentaron una reducción en la dormición de sus semillas frescas al incubarlas con β-estradiol, en condiciones de luz y de oscuridad, como se muestra en la Tabla 8. En la Figura 70 se muestra la cuantificación de la dormición de semillas frescas de Col, de las líneas control XVE-EBS 6 inducibles por β-estradiol (C.I), y de las líneas COL9-1 y COL9-2. En condiciones de LB, las semillas de todas las líneas presentaron un comportamiento similar en ausencia de β-estradiol (-E), con unos niveles de germinación muy bajos y similares a los de las semillas del tipo silvestre Col. Al exponer las semillas de estas líneas a 10 μ M de β -estradiol (+E), el porcentaje de germinación de las semillas frescas de COL9-1, COL9-2 y de las líneas C.I aumenta significativamente, pero no el de semillas Col. Estos datos confirman que la inducción por β -estradiol de COL9 es capaz de reducir de manera drástica la dormición de las semillas frescas, aliviando la represión de la germinación de las semillas durante el periodo de dormición. En condiciones de oscuridad (B), los resultados obtenidos son cualitativamente similares, aunque los niveles de germinación alcanzados por las líneas inducibles del FT COL9 son considerablemente menores que los obtenidos en presencia de luz, al igual que las del control positivo (XVE-EBS 6).



Figura 70. Fenotipo de dormición de semillas de líneas *COL9* inducibles por β -estradiol. Cuantificación de la dormición de semillas frescas de Col, de las líneas control EBS inducibles (C.I.) por β -estradiol, y de las líneas COL9-1 y COL9-2, en condiciones de LB a los 5 DDI (A) y de oscuridad, a los 7 DDI (B). Las barras identificadas con +E son las inducidas con β -estradiol, y las –E las que se incubaron sin β -estradiol. Significación ***=p≤ 0,005, *=p≤ 0,05, que establece un nivel de confianza del 99,5% y 95%, respectivamente.

Con el fin de caracterizar a nivel molecular las líneas de *COL9* aisladas, comprobamos los niveles de inducción de este gen en dichas líneas, en respuesta al

tratamiento con β -estradiol. Como se observa en la Figura 71, el tipo silvestre Col así como las líneas COL9-1 y COL9-2 presentan niveles muy bajos de expresión de *COL9* en ausencia de β -estradiol (-E). Sin embargo, al incubar las semillas con β -estradiol, los niveles de expresión de *COL9* en las líneas COL9-1 y COL9-2 aumentan de manera considerable, pero no en las semillas del tipo silvestre. Estas observaciones confirman que la sobreexpresión de *COL9* en las líneas transgénicas seleccionadas de COL9 es totalmente dependiente de β -estradiol en ambas líneas analizadas.



Figura 71. Expresión de *COL9* en las líneas de sobreexpresión inducibles COL9-1 y COL9-2 identificadas. Análisis de expresión por qRT-PCR de *COL9* en plántulas de 11 días de Col y en las líneas inducibles por β -estradiol COL9-1 y COL9-2, cultivadas en presencia (+E) y ausencia (-E) de la hormona a una concentración 10 uM. Los valores de expresión se han relativizado con los de *ACT2*.

CO es un regulador central de la ruta de la floración dependiente de fotoperiodo (Andres y Coupland, 2012), y promueve la floración induciendo directamente la expresión del integrador floral FT (Castillejo y Pelaz, 2008). Por su parte, COL9 es un represor floral que participa también en la ruta del fotoperiodo, ya que su sobreexpresión conlleva un retraso de la transición floral en Arabidopsis, mientras que alelos de pérdida de función muestran una aceleración de la floración (Cheng y Wang, 2005). Se ha propuesto que COL9 posiblemente retrase la floración reprimiendo la expresión de CO, y como consecuencia, reduciendo la expresión de FT (Cheng y Wang, 2005). Estos datos indican que COL9 está implicado en la represión de la transición floral en Arabidopsis, aunque no se ha descrito la posible implicación de este locus en la regulación de la dormición o la germinación de la semilla. Consistente con la sobreexpresión de COL9 observada en las líneas inducibles COL9-1 y COL9-2, pudimos comprobar que ambas sufren un retraso considerable de la floración en presencia de β-estradiol, tal como cabía esperar con líneas que acumulan niveles altos de mensajero de COL9 (Cheng y Wang, 2005). En ausencia de la hormona, dichas plantas florecen de forma similar a las plantas del tipo silvestre (Figura 72).



Figura 72. La sobreexpresión inducida de *COL9* causa un retraso en la floración. Fenotipo de floración de plántulas del tipo silvestre Col, y de líneas transgénicas COL9-1 (A) y COL9-2 (B) que presentan expresión inducida por β -estradiol de COL9, inducidas con β -estradiol (+) y sin inducir (-).

Con el fin de confirmar el papel de COL9 en el control de la dormición de la semilla de Arabidopsis, decidimos analizar el efecto de la pérdida de función de este locus sobre dicho proceso. Para ello, aislamos mutantes de inserción de este gen (*col9*) y cuantificamos tanto su tiempo de floración como la capacidad de germinación de semillas frescas del mutante *col9*. Como se observa en la figura 73A, y de acuerdo con resultados previos (Cheng y Wang, 2005), las plantas mutantes *col9* presentan una reducción moderada del tiempo de floración en condiciones de DL. Sin embargo, como observamos en la Figura 73B, el mutante *col9* no presenta diferencias significativas en la dormición de sus semillas respecto a las del tipo silvestre Col. Este resultado no nos permite concluir que *COL9* no esté implicado en la regulación de la dormición. Serán necesarios experimentos adicionales para confirmar la implicación de COL9 en la regulación de la dormición, tal como sugieren las alteraciones observadas en las líneas de sobreexpresión inducibles.



Figura 73. El mutante *col9* florece de forma temprana, pero no muestra alteraciones en la respuesta de dormición de sus semillas. Caracterización fenotípica de los mutantes *col9*. A. Cuantificación de la floración de Col y *col9* en condiciones de día largo. B. Cuantificación de la dormición de semillas frescas de Col y de *col9* a los 5 días después de imbibición.

7.4 Aproximación a la caracterización funcional de *SCL30*, cuya sobreexpresión inducible provoca un aumento de la dormición.

Otras líneas de sobreexpresión de FTs que identificamos en las condiciones de ensayo de tipo 3 por presentar alteraciones en el proceso de la dormición fueron aquellas que sobreexpresaban *SCARECROW LIKE 30 (SCL30)* (Pysh et al., 1999). La colección de líneas de sobreexpresión generadas por el consorcio del proyecto TRANSPLANTA contenía 3 líneas para este FT, a las que denominamos SCL30-1, SCL30-2 y SCL30-3. Todas ellas mostraron un aumento significativo de los niveles de la dormición, que se muestra como una disminución de la germinación de semillas frescas, respecto a los que presentaron las semillas frescas del tipo silvestre Col, incluso en ausencia de tratamientos con β -estradiol (Figura 74).





2 y SCL30-3 en condiciones de crecimiento de LB y 16°C, inducidas con β -estradiol (+Est) y en ausencia de este (-Est).

Puesto que la reducción de los niveles de germinación de semillas frescas en las líneas SCL30 de TRANSPLANTA también se observa en ausencia de β -estradiol, nos propusimos generar líneas de sobreexpresión constitutiva con un promotor 35S que nos permitiera analizar el efecto de la sobreexpresión de SCL30 en dormición. SCL30 es parte de una familia de homólogos de SCARECROW (SCR) con más de 30 miembros entre los que se encuentran las proteínas DELLA, y que se han agrupado en ocho subfamilias (Figura 75). La subfamilia II, donde se encuentra SCL30, contiene varias proteínas SCL entre las cuales el homólogo más próximo en secuencia es SCL11 (Pysh et al., 1999) (Figura 75). Por ello, además de líneas de sobreexpresión de *SCL30*, decidimos generar también líneas 35S::*SCL11*.



Figura 75. Análisis filogenético de la familia de proteínas SCL de Arabidopsis. Estos factores SCL se agrupan en 8 subfamilias (I-VIII)s, englobándose SCL30 y SCL11 en la subfamilia II junto a otros 5 miembros. Adaptado de Pysh et al., 1999.

De entre las líneas generadas seleccionamos dos líneas representativas de cada uno de los SCL analizados para llevar a cabo los ensayos de dormición. Todas las líneas de sobreexpresión constitutiva seleccionadas mostraron niveles de expresión del gen correspondiente, *SCL30* o *SCL11*, muy superiores a los detectados en las líneas de tipo silvestre (Figura 76).



Figura 76. Expresión de *SCL30* (A) y de *SCL11* (B), en líneas sobreexpresión constitutiva 35S:*SCL30* y 35S:*SCL11*, respectivamente. Análisis de expresión por qRT-PCR de *SCL30* (A) y *SCL11* (B) en plántulas de 10 días en Col de las líneas de sobreexpresión constitutiva 35S::*SCL30*, L3 y L10, y 35S::*SCL11*, L4 y L5. Los valores de expresión se han relativizado con los de *ACT2*.

A continuación, analizamos el fenotipo de dormición de las líneas de sobreexpresión constitutiva de *SCL30* y *SCL11*. Como se observa en la Figura 77, semillas de estas líneas mostraron mayores niveles de dormición que las del tipo silvestre, corroborando los resultados obtenidos con las líneas de sobreexpresión inducible XVE-*SCL30* generadas en el proyecto TRANSPLANTA. De hecho, los niveles de aumento de la dormición medidos a 5 DDI para la línea 3 de 35S::*SCL30* y la línea 4 de 35S::*SCL11* en comparación con plantas del tipo silvestre Col son similares a los obtenidos anteriormente para las líneas de sobreexpresión inducible XVE-SCL30 (Figura 74). Estos datos son consistentes con que ambos genes *SCL* estén implicados en la regulación de la dormición.



Figura 77. La sobreexpresión de SCL11 y de SCL30 provoca un aumento de los niveles de dormición de las semillas. Dormición estimada como germinación de semillas frescas del tipo silvestre

Col y de las líneas de sobreexpresión 35S::*SCL11,* L4 y L5, y 35S::*SCL30,* L3 y L10. Cuantificación del porcentaje de germinación del experimento en condiciones de LB y 16°C.

A continuación analizamos el fenotipo de dormición mostrado por semillas de los mutantes *scl11* y *scl30*, así como del doble mutante *scl11 scl30*. En la Figura 78E se muestran se muestran las cuantificaciones de la dormición de estas semillas en condiciones de LB y 22°C, mientras que en la Figura 78F se muestran las cuantificaciones en LB y 16°C, en los que no se observan diferencias entre los niveles de dormición de las semillas de tipo silvestre y las de los mutantes sencillos. Estos resultados podrían deberse a la posible redundancia funcional de los factores *SCL30* y *SCL11* como represores de la germinación durante la dormición. La pequeña diferencia observada en los porcentajes de germinación con semillas del doble mutante *scl30 scl11* podría también explicarse a que otros miembros de la familia actúen redundantemente con SCL30 y SCL11, en el control de este proceso. De hecho, SCL3, se ha implicado previamente en el control de las proteínas DELLA en este proceso.



Figura 78. Los mutantes *scl11* y *scl30* muestran un ligero aumento de los niveles de dormición de **semillas.** A y B. Esquema de la inserción de T-DNA en el mutante *scl11* (A) y en el mutante *scl30* (B). C y D. Determinación por qRT-PCR de los niveles de expresión de *SCL11* (C) *y SCL30* (D) en plántulas de 10 días de Col y de los mutantes *scl11* y *scl30*, respectivamente. E y F. Cuantificación de la germinación de semillas frescas del tipo silvestre Col y de los mutantes *scl11, scl30* y del doble mutante *scl11 scl30* en condiciones de LB y 22°C a 5 DDI (E) y en condiciones de LB y 16°C a los 15 DDI (F).

Serán necesarios análisis experimentales adicionales para poder desvelar el papel que *SCL30* juega en la regulación de la dormición en Arabidopsis, si bien los

datos mostrados sugieren la participación tanto de SCL30 como de SCL11 en dicho proceso.

Además de estos dos FT cuyo análisis hemos iniciado, el escrutinio de las líneas de la colección TRANSPLANTA nos ha permitido desvelar una posible función en la regulación de la dormición para diversos FTs que hasta el momento no se habían implicado en el control de este proceso. Estas observaciones demuestran la utilidad de la colección de líneas TRANSPLANTA para identificar genes implicados en este o en otros procesos de desarrollo. Es de esperar que la caracterización funcional futura de dichos FTs permita corroborar su participación en el control de la dormición y revelar su papel en la regulación de este importante carácter con evidentes implicaciones en la capacidad de adaptación de las plantas así como en el rendimiento de especies cultivadas.

DISCUSIÓN



DISCUSIÓN

El desarrollo de las plantas atraviesa diversas fases, cada una de las cuales está caracterizada por patrones de expresión génica específicos. El cambio de una etapa de desarrollo a la siguiente supone, por tanto, una reprogramación de patrones transcripcionales que promueven los procesos de organogénesis y diferenciación característicos de cada fase del desarrollo vegetal. Además, las plantas son capaces de modular su desarrollo en respuesta a las condiciones ambientales, lo que les proporciona una gran ventaja adaptativa al tratarse de organismos sésiles. La información procedente de factores medioambientales se integra con señales endógenas para determinar el momento preciso en que tiene lugar la transición de una fase de desarrollo a la siguiente. Esta plasticidad del desarrollo vegetal requiere que los patrones de expresión génica asociados a las distintas fases de desarrollo respondan también a cambios medioambientales y permitan a las plantas adaptar el momento en que tienen lugar los cambios de fase del desarrollo a las condiciones ambientales.

Los factores de transcripción desempeñan un papel clave en la regulación de la actividad génica así como de redes reguladoras que controlan una gran variedad de procesos biológicos en plantas, incluyendo aquellos relacionados con el desarrollo. Sin embargo, la regulación de la expresión génica no depende exclusivamente de factores transcripcionales, y un gran número de trabajos han demostrado que los procesos de remodelación de cromatina tienen un papel central en el establecimiento y también en el mantenimiento de patrones de expresión génica que controlan el desarrollo de plantas (Graeber et al., 2012; He, 2012; Zhao y Zhou, 2012; Gentry y Hennig, 2014). De hecho, resultados recientes han puesto de manifiesto que la interacción entre factores de transcripción y complejos proteicos que actúan modulando la expresión génica a través de la reorganización de la cromatina es esencial para una apropiada regulación de genes maestros del desarrollo en plantas, y más concretamente en Arabidopsis (Smaczniak et al., 2012).

La dormición de la semilla consiste en la ausencia de germinación aún en condiciones que sean favorables (Bewley, 1997; Finkelstein et al., 2008; Bentsink y Koornneef, 2009). Este estado quiescente es un proceso de desarrollo que permite a la semilla modular el momento de la germinación para adaptarse a diferentes condiciones ambientales, y asegurar así que la planta a la que dará lugar se establece en un entorno adecuado para completar de manera óptima su crecimiento y desarrollo post-germinativo. Diversos factores endógenos y medioambientales modulan la adquisición de la dormición por la semilla en desarrollo así como la salida de la

167

dormición una vez que la semilla se separa de la planta madre. Aunque diversos estudios han desvelado algunos de los mecanismos moleculares que regulan la dormición de la semilla, a diferencia de lo que ocurre con otros procesos de desarrollo vegetal, como el tiempo de floración o la diferenciación de órganos florales, muchos aspectos del control de este proceso de desarrollo permanecen en gran medida desconocidos.

En este trabajo nos hemos propuesto profundizar en el conocimiento de los circuitos reguladores que controlan la dormición de la semilla. Para ello, nos hemos centrado fundamentalmente en el papel que desempeñan los procesos de remodelación de cromatina, y en concreto, en el de una pequeña familia de proteínas de Arabidopsis con un dominio PHD, en la regulación de la dormición. Estas proteínas, EBS y SHL, pertenecen a una familia de reguladores transcripcionales específicos de plantas que actúan a través de cambios en la organización de la cromatina. Asimismo, nos hemos interesado en la identificación de nuevos reguladores transcripcionales de Arabidopsis implicados en el control de este proceso.

Análisis de los mecanismos moleculares que median la función de *EBS* en el control de la dormición

La arquitectura funcional de las proteínas EBS y SHL sugiere que actúan modulando la expresión de sus genes diana a través de la interacción con otras proteínas que formen parte de complejos remodeladores de cromatina. El estudio del fenotipo de mutantes ebs y shl mostró que estos genes participan en la regulación de varios procesos del desarrollo de la planta (Gómez-Mena et al., 2001; Müssig et al., 2003; Piñeiro et al, 2003; López-González, Tesis Doctoral 2010). Entre ellos el más estudiado es el control del tiempo de floración en Arabidopsis. EBS es necesario para reprimir al integrador floral FT (Piñeiro et al., 2003) y SHL al integrador floral SOC1, uniéndose in vivo a secuencias reguladoras de FT y SOC1, respectivamente (López-González, Tesis Doctoral 2010). En nuestro laboratorio se ha comprobado además que EBS y SHL reconocen in vitro las modificaciones de histonas H3K4me3/2, y que el dominio PHD presente en ambas proteínas es el responsable de esta interacción. Además, regiones discretas de la cromatina de los loci FT y SOC1 se encuentran enriquecidas en histonas H3K9K14 acetiladas en los mutantes ebs y shl-2 respectivamente, lo que sugiere que EBS y SHL son necesarios para reclutar complejos remodeladores de cromatina relacionados con la desacetilación de histonas y silenciar la expresión de ambos integradores florales a nivel transcripcional (López-
González, Tesis Doctoral 2010). Además de desempeñar un papel central en el control de la floración, EBS participa en el control de otros procesos de desarrollo (Gómez-Mena et al., 2001). En este trabajo hemos demostrado que EBS es también un regulador clave de la dormición de semillas, y que es necesario para la represión de la germinación durante el periodo de dormición.

Estudios genéticos y bioquímicos adicionales han identificado otros factores relacionados con la cromatina necesarios para la regulación de la dormición de la semilla, como RDO4/HUB1 y su homólogo HUB2, así como RDO2 (Liu et al., 2007), ATXR7 (Tamada et al., 2009) y SDG8 (Bassel et al., 2011). Todas estas observaciones confirman que los procesos de remodelación de la cromatina son esenciales para la regulación de la dormición.

Los datos obtenidos en este trabajo muestran que EBS se expresa en la semilla, tanto durante el desarrollo de las mismas en la silicua como durante la imbibición de la semilla y los primeros estadios de la germinación (Figura 12). La expresión de EBS no parece responder a tratamientos con hormonas como GA y ABA, reguladores centrales de la dormición y la germinación (Fig. 10), aunque hemos observado una clara disminución de la expresión de este gen durante el proceso de germinación, tanto en presencia como en ausencia de GA. Esta observación es consistente con una función represora de la germinación para EBS en la regulación de la dormición. Los estudios que hemos realizado con el mutante ebs, nos han permitido concluir que EBS actúa como un regulador positivo de la dormición, tanto en condiciones de luz como de oscuridad (Fig. 13A). Además hemos comprobado que la sobreexpresión de EBS provoca un fenotipo de reducción de la dormición similar a las líneas mutantes ebs (Fig. 15). La disminución de la dormición de semillas de plantas 35S::EBS se observa tanto en accesiones de Arabidopsis poco durmientes como Ler o Col y también en ecotipos altamente durmientes como Cvi (Figuras 15, 16 y 19), confirmando que EBS está implicado en la regulación de la dormición independientemente del fondo genético. En este trabajo hemos comprobado que líneas de sobreexpresión de EBS inducibles por β-estradiol también producen un fenotipo de dormición similar a las anteriores (Fig. 23). Esta observación indica que la sobreexpresión de EBS durante la imbibición es suficiente para reducir el nivel de dormición de semillas frescas y que por tanto, la función de EBS en promover la dormición es necesaria tras el desarrollo de la semilla en la silicua. Sin embargo, no podemos descartar que EBS tenga también funciones en el establecimiento de la dormición durante el desarrollo de la semilla en la planta madre.

El fenotipo similar de las líneas mutantes *ebs* y de la sobreexpresión constitutiva 35S::EBS, ya se había observado en nuestro laboratorio al estudiar la implicación de EBS en el control de la floración (Piñeiro et al., 2003). En este trabajo hemos comprobado que la aceleración de la floración que se produce en mutantes *ebs* y en plantas con la construcción 35S::EBS también se produce en plantas que sobreexpresan *EBS* inducidas por β -estradiol.

La similitud de los fenotipos observados entre mutantes *ebs* y líneas de sobreexpresión de *EBS*, tanto en dormición como en floración, podría deberse a que la proteína EBS participe en complejos remodeladores de la cromatina que median la regulación de la expresión de genes implicados en la regulación de diversos aspectos del desarrollo. La sobreacumulación de uno de los componentes del complejo podría alterar la estequiometría entre sus subunidades, impidiendo su correcto funcionamiento y por tanto la regulación de sus genes diana (Piñeiro et al., 2003).

Además, la proteína EBS reprime la germinación de semillas frescas en respuesta a las bajas temperaturas durante la estratificación. Esta función de EBS se ha observado tanto en semillas frescas de accesiones de Arabidopsis que presentan bajos niveles de dormición, como Col y Ler (Fig. 15B y 16), como en Cvi (Fig. 19), altamente durmiente, lo que demuestra que EBS desempeña un papel esencial en la regulación de la dormición de la semilla en Arabidopsis, independientemente del fondo genético. Igualmente, EBS ejerce un papel represor de la germinación en respuesta a la luz. Por tanto, se puede concluir que EBS regula la dormición de la semilla en Arabidopsis.

Todos estos resultados indican un papel para EBS como represor de la germinación durante la dormición e imbibición de la semilla fresca, así como en la post-maduración, si bien no podemos descartar que EBS esté también implicado en la inducción de la dormición durante el desarrollo de la semilla.

Al igual que *EBS*, *SHL* también se expresa durante el desarrollo y la imbibición de la semilla, aunque a niveles inferiores que *EBS*. La expresión de *SHL* aumenta durante el desarrollo de la semilla, hasta el final de la maduración, y su expresión se observa principalmente en el embrión, y también en el endospermo (Fig. 12). Tanto la homología de *SHL* con *EBS* como el patrón de expresión observado durante el desarrollo de la semilla, similar al de *EBS*, sugieren que *SHL* también podría participar en el control de la dormición. La caracterización de mutantes *shl* indica que estos no

muestran ninguna alteración fenotípica a nivel de dormición (Fig. 24), aunque esto podría deberse a la redundancia funcional con *EBS* en la regulación de este proceso. Para profundizar en esta posibilidad, analizamos el fenotipo de dormición de semillas del doble mutante *ebs shl*, tanto en fondo Col como en fondo L*er*. La reducción de la dormición observada en el doble mutante *ebs shl* es significativamente mayor que la del mutante sencillo *ebs*, tanto en luz como en oscuridad, lo que reveló que *SHL* desempeña funciones en el control de la dormición de Arabidopsis, si bien su papel únicamente es apreciable en el doble mutante *ebs shl* (Fig. 24). Estos resultados sugieren que *SHL* tiene una función redundante con la de *EBS* en el control de la dormición de semillas, tanto en luz como en oscuridad. Estas observaciones son compatibles con que estos remodeladores de cromatina estén implicados en la regulación de la expresión génica en la semilla y modulen procesos como la dormición y/o la germinación.

Durante el desarrollo de este trabajo, también hemos observado que las semillas frescas del mutante ebs tienen un menor requerimiento de GAs exógenas para germinar, ya que en ausencia de esta hormona, los niveles de germinación de ebs son elevados (Fig. 26A). De hecho, las semillas frescas del doble mutante ebs shl germinan en su práctica totalidad en ausencia tratamientos con GA, mientras que las semillas del tipo silvestre y del mutante *shl* muestran solo un 50% de germinación con una concentración de GA entre 10 y 100 µM (Fig. 26A). De acuerdo con resultados anteriores descritos en Gómez-Mena et al. (2001), semillas frescas de ebs y del doble mutante ebs shl muestran mayor resistencia a PAC (Fig. 26B), así como a concentraciones crecientes de ABA (Fig. 27). Estas observaciones son consistentes con la redundancia funcional que hemos observado entre EBS y SHL en el control de la dormición de la semilla, ya que los defectos en dormición causados por la pérdida de función de SHL solo son observables en plantas portadoras de alelos no funcionales de EBS. Estos datos podrían explicarse en base a un mayor nivel de GA en las semillas de ebs, o una hipersensibilidad de éstas a dicha hormona, y/o también por una menor concentración de ABA en las semillas del mutante ebs o a una menor sensibilidad a esta hormona promotora de la dormición. Además, los resultados previos descritos en Gómez-Mena et al. sugerían una posible interacción de EBS con GA1 en el control de la dormición, ya que el mutante ga1-3 suprime totalmente el fenotipo de dormición reducida de los mutantes ebs, y el doble mutante ebs ga1-3 sólo germina en presencia de GA exógena. Los mutantes de pérdida de función ga1-3 presentan una deficiencia en GA y son incapaces de germinar en ausencia de GAs exógenas (Koornneef y Vanderveen, 1980, Sun y Kamiya, 1994). Estos resultados

171

podrían sugerir que las GAs median el papel de *EBS* en la regulación de la dormición. Sin embargo, la carencia total de GAs causada por la pérdida de función de *GA1* impone un fuerte bloqueo de la germinación de semillas de Arabidopsis, lo que puede complicar la interpretación de estas observaciones, por lo que únicamente podemos concluir que *EBS* regularía procesos del desarrollo también modulados por GAs (Piñeiro et al., 2003).

Los datos disponibles acerca de la función de EBS indican que esta proteína puede estar implicada en la regulación de la expresión génica a través de cambios en la organización de la cromatina en genes reguladores del desarrollo. Por tanto, es posible que EBS participe en la regulación de la dormición controlando la expresión de genes implicados en la modulación de este proceso. Las aproximaciones transcriptómicas proporcionan una perspectiva global de los cambios de expresión génica que tienen lugar asociados a procesos de desarrollo u otras respuestas biológicas y también de cómo afecta la pérdida de función de genes a los perfiles de expresión de mutantes (Movahedi et al.,2012). Por ello, en este trabajo decidimos abordar la caracterización molecular de EBS en la regulación de la dormición siguiendo una estrategia de transcriptómica. Para ello, analizamos el transcriptoma de semillas frescas del mutante ebs. Puesto que los datos obtenidos anteriormente en nuestro laboratorio sugieren la existencia de un posible vínculo entre EBS y GAs en la regulación de la dormición, decidimos incluir en este análisis transcriptómico comparativo al mutante spt-10, al igual que ebs en fondo Ler, con el fin de determinar si existían relaciones funcionales en el control de la dormición entre EBS y SPT. SPT codifica un factor de transcripción de tipo bHLH, que inicialmente se propuso como necesario para reprimir la germinación de semillas frescas, y que mediaba la respuesta de germinación a la luz y la temperatura (Penfield et al., 2005). Además, se demostró que la proteína SPT era necesaria en semillas durmientes para mantener la represión de la transcripción de genes GA3OX (Penfield et al., 2005). Estas conclusiones se obtuvieron con estudios que empleaban el mutante spt-10, que de acuerdo con estos autores representaría un alelo de pérdida de función (Penfield et al., 2005). Sin embargo, la observación de que este alelo mutante muestra mayores niveles de expresión de SPT que el tipo silvestre (Vaistij et al., 2013; este trabajo), y que pudiera ser un alelo de ganancia de función, puede dificultar la interpretación de los resultados obtenidos con dicho alelo mutante. Sin embargo, hasta el momento no se disponen de datos que muestren que la sobreexpresión del mensajero de SPT que se produce en spt-10 se traduzca en una acumulación de una proteína SPT funcional, por lo que serán necesarios datos adicionales a nivel molecular para concluir la naturaleza de dicho alelo. Por otra parte, resultados recientes obtenidos con el alelo de pérdida de función *spt*-2, también en fondo L*er*, indican que SPT funcionaría como un represor de la dormición (Vaistij et al., 2013), lo que contrasta con la función inicialmente propuesta para *SPT*. Por otro lado, estudios recientes muestran que SPT desempeña papeles opuestos en la regulación de la dormición en distintos ecotipos de Arabidopsis. Todas estas observaciones subrayan la complejidad de los circuitos reguladores de la dormición en los que participa este factor de transcripción, por lo que serán necesarios datos adicionales para concluir cual es la función de *SPT* en el control de este proceso. Por ello, en este trabajo nos hemos centrado fundamentalmente en profundizar en la caracterización de los mecanismos que median la función de EBS en el control de la dormición.

Nuestros análisis transcriptómicos, confirmados mediante experimentos de qRT-PCR en los que analizamos la expresión de algunos de los genes diferencialmente expresados en la hibridación de cristales de DNA, han puesto de manifiesto que SPT controla a un gran número de genes, en comparación con EBS. Esto sugiere que SPT tendría un efecto más general sobre la expresión de genes durante el proceso de la dormición de la semilla, mientras que EBS actuaría sobre un grupo más específico de genes, a pesar de tratarse de un factor implicado en procesos de remodelación de cromatina. Sin embargo, es posible que el aumento de expresión de SPT en spt-10 provoque una desregulación mayor que la que pueda estar asociada a una pérdida de función de este gen. Al realizar una clasificación funcional de los genes desregulados, encontramos que tanto en spt-10 como en ebs, la mayoría corresponden a genes de respuesta a estímulos abióticos y bióticos y respuesta a estrés, a genes que codifican para actividades enzimáticas del tipo hidrolasas en ebs y transferasas en spt-10, y a genes relacionados con la remodelación de la pared celular (Fig 32). La presencia de enzimas hidrolasas y de modificación de la pared se ha relacionado más con la salida de la dormición que con la inducción de la germinación (Cadman et al., 2006). Estas proteínas son necesarias para la movilización de reservas y para el debilitamiento de la pared celular o el crecimiento de las células para el crecimiento del embrión. Por otro lado, la coexpresión de genes relacionados con dormición y con estrés podría suponer una ventaja evolutiva, ya que la dormición es un mecanismo que permite sobrevivir a la semilla durante periodos prolongados de estrés ambiental que son desfavorables para el crecimiento (Cadman et al., 2006).

La presencia de un número significativo de genes expresados diferencialmente tanto en el mutante *ebs* como en *spt-10* podría deberse, al menos en algunos casos, a

que en ambos mutantes se producen procesos metabólicos similares, asociados a la germinación prematura observada en ambos mutantes, respecto a la ausencia de germinación mostrada por las semillas del tipo silvestre. Sin embargo, la ausencia de desregulación en el mutante *ebs* de genes como *GA3OX*, que podrían mediar el papel de *SPT* en el control de la dormición (Penfield et al., 2005), sugiere que *EBS* y *SPT* podrían desempeñar funciones al menos parcialmente independientes en la regulación de este proceso.

Además de GA3OX1 y 2, otros genes relacionados con respuestas hormonales, así como genes implicados en modular la estructura de cubiertas de la semilla, se encuentran diferencialmente expresados únicamente en el mutante spt-10 y podrían contribuir al fenotipo de dormición reducida del mutante (Fig. 30). Entre ellos está GA20OX1, sobreexpresado en semillas del mutante spt-10. Asimismo, disminuye la expresión de ABA1/ZEP, que participa en la síntesis de ABA, mientras que aumenta la de importantes reguladores de la señalización de ABA como ABI1. Además, en el análisis de perfiles transcriptómicos del mutante spt-10, hemos desvelado que la expresión de los genes TT4, TT5 y TT7, que participan en la síntesis de flavonoides en la testa de las semillas y modulan sus niveles de dormición (Debeaujon et al., 2000), y MUM4 y GLABRA2 (GL2), implicados en la síntesis completa de mucílago (Western et al., 2004), está alterada. Estos cambios podrían contribuir también a explicar los defectos en dormición de estos mutantes. A parte de estas funciones mediadas por SPT, el análisis conjunto llevado a cabo con los mutantes spt-10 y ebs ha revelado que SPT podría compartir con EBS circuitos reguladores comunes en el control de la dormición de la semilla de Arabidopsis. Entre los genes desregulados en ambos mutantes y que podrían explicar a nivel molecular el defecto en dormición observado, encontramos algunos que median procesos como la hidrólisis de componentes de la pared y con la expansión celular, así como genes relacionados con la respuesta a ABA y GAs. Genes reprimidos en los dos mutantes incluyen a ABI5, ASG1, SOM, BRG3, MFT, XERICO y AGL67. Por el contrario, loci como GASA4, GASA6, GASA14, MUM1, EGL3, CP1, EXP1, EXP2, EXP3, EXP4, EXP8, EXP9, EXP10, EXP15 Y EXP20 están sobreexpresados tanto en ebs como en spt-10 (Fig. 36). Por su parte, entre los genes con expresión desregulada en mutantes ebs, se han identificado loci implicados relacionados con la regulación del proceso de maduración (AMP1) y con el metabolismo de ABA (SCL14), y que podrían contribuir al fenotipo de reducción de la dormición observado en los mutantes ebs. Asimismo, hemos observado que genes de función desconocida, como AGP31, también se encuentran desregulados en el mutante *ebs* (Fig. 33). Una caracterización funcional de estos genes será necesaria para determinar cuáles de ellos podrían mediar el control de EBS sobre la dormición.

EBS también activa la expresión de AMP1, quien participa en la regulación de la adquisición y/o mantenimiento de la dormición de semillas (Saibo et al., 2007; Griffiths et al., 2011). En mutantes amp1 aparecen sobreexpresados los genes CYTOKININ RESPONSE FACTOR 2 (CRF2), y CYP78A5, que, entre otros papeles, determinan el potencial de crecimiento de la semilla (Adamski et al., 2009). Por el contrario, la expresión de GASA2 disminuye en amp1 (Griffiths et al., 2011). Alteraciones en la expresión de estos genes también ocurren en ebs, lo que sugiere que EBS y AMP1 podrían participar en una ruta común de regulación de la dormición de la semilla mediadora de la expresión de CRF2, CYP78A5 y GASA2. La expresión de GASA2 también la encontramos desregulada en mutantes de genes que participan en la regulación de la dormición como phyA y en el triple mutante snrk2.2/2.3/2.6 (Nakashima et al., 2009; Ibarra et al., 2013). Esto sugiere un papel de GASA2 en la regulación de la dormición de semillas, si bien no podemos descartar que la desregulación de su expresión sea consecuencia de otros mecanismos, como una respuesta a la disminución del nivel de ABA que se produce en los mutantes amp1 y snrk2.2/2.3/2.6. Dado que la expresión de GASA2 en el doble mutante ebs shl es significativamente mayor que la detectada en ebs (Fig. 39), SHL también participaría en el control de la expresión de GASA2. Se requerirán estudios genéticos y moleculares adicionales para delimitar el papel de GASA2 en el control de la dormición de semillas frescas, así como su interacción con EBS y SHL.

Otros genes relacionados con dormición, y cuya expresión está desregulada en *ebs*, no están regulados por SHL, ya que en ausencia de SHL, en el doble mutante *ebs shl,* no se ve un aumento de su expresión. Así, la regulación ABI5, MFT y AGL67 estaría únicamente regulada por EBS (Figura 39). La expresión alterada de estos genes podría explicar el fenotipo de dormición de semillas *ebs*, ya que todos ellos promueven dicha respuesta.

El análisis de la relación genética de EBS con genes relacionados con la dormición cuya expresión está desregulada en *ebs*, ha puesto de manifiesto la posible interacción entre ellos. Además el estudio de mutantes en otros genes desregulados en *ebs*, ha desvelado el papel de *AGP31* en la regulación de la dormición, no descritos hasta el momento. Por otra parte, hemos observado que genes como *At3g60520* y su homólogo, *At1g02070*, *ATS1* y *WRK23*, cuya expresión está alterada en el mutante *ebs*, no participan en el control de la dormición. En nuestras condiciones, la dormición

DISCUSIÓN

del mutante *mft* tampoco presenta diferencias respecto a las semillas de tipo silvestre, en contraste con observaciones recientes (Vaistij et al., 2013), donde sí que observan un ligero efecto de dicha mutación a nivel de la respuesta de dormición. La transcripción de *MFT* está directamente reprimida por ABI3 y promovida por ABI5, mientras que la transcripción de *ABI5* está directamente reprimida por MFT, al unirse al promotor de *ABI5* para reprimir su expresión en semillas no durmientes, regulando así negativamente la señalización de ABA (Xi et al., 2010), y promoviendo la germinación de semillas post-maduras. Nuestros resultados indican que la expresión de *MFT*, está reducida en los mutantes *ebs* y *spt-10* respecto a la de L*er, y* son consistentes con datos recientes que muestran que la expresión de *MFT* aumenta en alelos de pérdida de función de *SPT*, como *spt-2* (Vaistij et al., 2013) y con el fenotipo de dormición reducida observado en los mutantes *ebs* y *spt-10* ya que los mutantes *mft* muestran menores niveles de dormición (Vaistij et al., 2013).

Por otra parte, la testa, que es un tejido metabólicamente inactivo implicado en la protección del embrión, también afecta a la dormición de las semillas (Debeaujon y Koornneef, 2000; Debeaujon et al., 2000; Holdsworth et al., 2008). Al estudiar el fenotipo que presenta la testa de las semillas de mutantes de la familia EBS-LIKE, hemos observado que en el mutante shl muestra un fenotipo similar al de las semillas de tipo silvestre Ler. Sin embargo, en cierta medida los mutantes ebs, pero particularmente los dobles mutantes ebs shl, muestran una testa alterada, donde se aprecian células cuadradas o pentagonales en lugar de las hexagonales presentes en las semillas del tipo silvestre, así como defectos en la columela (Fig. 28). Como comentamos anteriormente, una especialización de la testa es la producción del mucílago (Frey-Wyssling, 1976; Grubert, 1981; Boesewinkel y Bouman, 1995). Mediante la tinción con rojo de rutenio, observamos que las semillas del doble mutante ebs shl apenas presentaban mucílago (Fig 29). Por otro lado, en ebs observamos un aumento de la expresión de genes que codifican proteínas y enzimas que contribuyen en la síntesis de componentes de la testa. Entre los genes diferencialmente expresados en el mutante ebs se encuentran MUM1 y EGL3, cuya expresión está aumentada, los cuales podrían desregular la composición del mucílago y los complejos que regulan la diferenciación celular de la testa, provocando las alteraciones fenotípicas observadas. En mutantes aba1 se ha observado que, debido a la falta de ABA, se produce una cantidad reducida de mucílago (Karssen et al., 1983). Los mutantes aba1 presentan alteraciones en la producción de mucílago, si bien el tratamiento con ABA exógeno estimula su síntesis (Karssen et al., 1983). Por lo tanto, podría ser que la menor presencia de mucílago en los dobles mutantes ebs shl se

176

debiera que contienen bajos niveles de ABA. En ambos caracteres estudiados, la morfología de la testa y la presencia de mucílago, el fenotipo del doble mutante *ebs shl* está más alterado que en el mutante *ebs*, por lo que *SHL* ejercería un papel parcialmente redundante con *EBS* en el control de estos aspectos.

Por su parte, AGP31 pertenece a la familia de proteínas AGP (arabinogalactanos), que se han descrito como proteínas con un papel en la división celular, expansión celular y muerte celular (Nothnagel, 1997; Schultz et al., 1998). Sin embargo, AGP30, otra proteína de esta familia, entre otras funciones, regula la germinación de las semillas en respuesta a ABA (Hengel y Roberts, 2003). Los mutantes *agp30* presentan un aumento de la germinación en presencia de ABA respecto a las semillas de tipo silvestre, probablemente debido a la fuerza ejercida por la radícula gracias a la elongación celular (Hengel y Roberts, 2003). En nuestros análisis hemos observado que AGP31 también ejerce un papel reprimiendo la dormición de las semillas. AGP31 actuaría independientemente de EBS, en la represión de la dormición, ya que tienen efectos aditivos en el control de esta respuesta.

Otro de los genes relacionados con ABA con expresión alterada en *ebs* es *SCL14*. Se ha descrito que la expresión de *SCL14* es muy alta en semillas secas (Fode et al., 2008), y se ha visto que el mutante acumula ABI3 y ABI5, por lo que inhibe la represión de la germinación por ABA (Bassel et al., 2011). Además, se ha observado una reducción de la dormición de semillas frescas del mutante *scl14*, por lo que *SCL14* podría estar implicado también en la regulación de la dormición. Al analizar la interacción entre *EBS* y *SCL14*, se ha revelado que la presencia de SCL14 funcional es necesaria para observar el fenotipo de pérdida de dormición en semillas *ebs*, por lo que será necesario profundizar en este estudio para desenmascarar el mecanismo de acción de estos dos genes relacionados con la dormición.

Por otra parte, RGL2 reprime la respuesta a GA en la imbibición de la semilla, y así la germinación (Lee et al., 2002; Piskurewicz et al., 2008; Lee et al., 2010; Stamm et al., 2012), ya que las semillas de los mutantes *rgl2* presentan reducción de la dormición cuando se embeben en condiciones de luz. Los análisis realizados de relación genética entre *EBS* y *RGL2* sugieren una posible interacción de estos dos genes en la represión de la germinación durante el periodo de dormición, ya que el doble mutante presenta una dormición similar a la de los parentales. Por otra parte, en el mutante *ebs*, la expresión de *RGL2* está aumentada. Por tanto, podría existir una regulación de *EBS* sobre *RGL2*, reprimiéndolo. Sin embargo, el fenotipo de dormición

del mutante ebs, no concuerda con lo esperado, si EBS reprimiera RGL2, por lo que probablemente deban estar ocurriendo otras interacciones genéticas que alteran este fenotipo. Además EBS regula positivamente la expresión de BRG3, perteneciente a la familia BOIs (BOTRYTIS SUSCEPTIBLE1 INTERACTOR (BOI), BOI-RELATED GENE1 (BRG1), BRG2 y BRG3), y que codifica una proteína que interacciona con proteínas DELLA. Este complejo reprime algunas de las respuestas a GA, incluyendo la germinación de semillas (Park et al., 2013). Así, según los datos del análisis transcriptómico, EBS reprimiría a genes que codifican DELLA y activaría a BRG3, lo que muestra la complejidad de la regulación de la dormición mediada por EBS y las cascadas de señalización de hormonas. Además en semillas, la proteína RGL2 se une directamente al promotor de XERICO para promover el aumento del ABA endógeno durante la germinación de esta (Piskurewicz et al., 2008). En el mutante ebs disminuye la expresión de XERICO, lo que sugiere que EBS podría estar promoviendo la síntesis de ABA a través de XERICO y potenciando así la dormición de semillas. Esta regulación de XERICO por EBS podría ser independiente de la regulación de las proteínas DELLA, ya que EBS está reprimiendo la expresión de los genes que codifican proteínas DELLA como RGL2, RGL3 y RGA.

El análisis transcriptómico realizado con ebs ha revelado que genes que codifican factores de transcripción con diversos papeles en la regulación del desarrollo también presentan alteraciones en su expresión. Entre ellos hemos identificado dos genes MADS-box, FLC y AGL67, descritos previamente por su participación en la regulación de la floración y la germinación, y en la dormición de la semilla, respectivamente. FLC se describió inicialmente como un represor central de la floración en Arabidopsis que media la respuesta de vernalización (Crevillén y Dean, 2011). Recientemente se ha descrito un papel para FLC en la germinación (Chiang et al., 2009), mediando la respuesta de las semillas a la temperatura. Esta regulación de la germinación por FLC se controla en gran medida a nivel materno, y se produce en las etapas posteriores de la maduración de la semilla, regulando en último término los niveles de ABA y GA de las semillas (Chiang et al., 2009). Los niveles de FLC aumentan durante la maduración de la semilla, siendo máximos al final de la maduración y en la imbibición a temperatura baja, mientras que los de FT y SOC1 son altos al principio de la formación de la semilla y son prácticamente nulos en semillas frescas y en imbibición (Chiang et al., 2009). Además, FLC promueve la degradación de ABA y la síntesis de GA, mediante la inducción de CYP707A2, Ga20ox1 y Ga3ox1 en semillas embebidas a bajas temperaturas. Igualmente FLC es una diana de PRC2 en semillas, y su expresión aumenta en mutantes *fie*, afectados en un componente del

DISCUSIÓN

complejo PRC2, lo que sugiere que FLC podría ser reprimido por PRC2 en respuesta a frío en la semilla (Bouyer et al., 2011), produciéndose un reemplazo de la marca H3K4me3 por H3K27me3 en su cromatina, como consecuencia de la exposición a bajas temperaturas (Müller et al., 2012). La necesidad de estratificación en frío para la salida de la dormición de semillas en Arabidopsis, y la observación de que FLC juega un papel en este proceso, ha llevado a proponer un mecanismo regulador común en semillas, para pasar de dormición a germinación, y en plantas, para la transición desde la fase vegetativa a la reproductiva, ambas mediadas por FLC (Bouyer et al., 2011). En los perfiles transcriptómicos de ebs, FLC aparece sobreexpresado, lo que indica que EBS reprimiría la expresión de FLC en semillas. Sin embargo, nuestros análisis fenotípicos muestran que los mutantes flc no presentan alteración de la dormición de sus semillas. Estos mismos resultados fueron reportados por Liu et al., 2011, por lo que se puede concluir que el fenotipo de reducción de la dormición de los mutantes ebs no está relacionado en principio con cambios en la expresión de FLC. Igualmente, hemos analizado el posible papel de FT en la regulación de la dormición, ya que EBS es necesario para la represión de este integrador floral durante el desarrollo vegetativo. Nuestros resultados muestran la ausencia de defectos en la dormición se semillas del mutante ft. Aunque no podemos descartar que efectos de redundancia funcional con otros miembros de la familia enmascaren el papel de FT en el control de este proceso, los resultados obtenidos indican que este regulador de la floración no estaría implicado en la germinación de semillas frescas de Arabidopsis (Fig. 45).

Por su parte, *AGL67* se ha descrito como un factor de transcripción específico de semillas con un papel central promoviendo la dormición de estas en Arabidopsis (Bassel et al., 2011). La expresión de *AGL67* está altamente coordinada con muchos otros genes relacionados con la dormición y su transcripción disminuye antes de la germinación (Bassel et al., 2011). Este patrón de expresión es similar al que hemos descrito en este trabajo para *EBS* (Fig. 12). Además, las semillas de mutantes *agl67* muestran una reducción de la dormición (Bassel et al., 2011), tanto en luz como en oscuridad, igual que los mutantes *ebs*, por lo que ambos genes promoverían la dormición de las semillas. Así, *AGL67* y *EBS* tienen papeles similares en el control de la dormición de semillas frescas. La relación genética de epistasia existente entre EBS y AGL67 sugiere que en ausencia de un gen *AGL67* funcional, las mutaciones en *EBS* no provocan una disminución adicional de la dormición reducida de mutantes *ebs*. Puesto que la expresión de *AGL67* disminuye en semillas de este mutante, estas observaciones son consistentes con que *EBS* actúe en la misma ruta de control de la

179

dormición que este regulador central de la dormición. Por tanto, *EBS* es necesario para regular la expresión de *AGL67* durante el periodo de dormición de la semilla, y esta proteína MADS-box a su vez, podría mediar el efecto de *EBS* sobre otros genes implicados en la regulación de la dormición de la semilla.

Nuestros experimentos de ChIP parecen evidenciar que no hay una interacción directa entre la proteína EBS y *AGL67*, al menos en los fragmentos genómicos estudiados, por lo que esto puede evidenciar una relación indirecta entre ellos. Dado que en floración se ha observado que EBS es un represor del integrador floral *FT*, la posible regulación indirecta de *AGL67* por EBS estaría de acuerdo con que este último reprimiera a un represor de AGL67. Alternativamente, EBS podría ejercer un papel como activador transcripcional en los procesos que regula (Figura 79). En base a nuestras observaciones, la hipótesis más plausible estaría de acuerdo con la activación indirecta de *AGL67* por EBS.



Figura 79. Posibles modelos de regulación de la expresión de *AGL67*.por EBS A. Modelo de activación directa, donde EBS mediaría la regulación positiva de *AGL67*. B. Modelo de activación indirecta donde EBS regularía la expresión de *AGL67* a través de la represión de uno o varios intermediarios.

Algunos de los genes diferencialmente expresados en el mutante *ebs*, no se ven afectados por la pérdida de función de *AGL67*. Este es el caso de *RGL2*, *AGP31* y *At3g60520*, que además muestran un nivel de expresión similar en *ebs* y en el doble mutante *ebs agl67*, lo que sugiere que la expresión de estos tres genes estaría regulada por *EBS* de manera independiente de *AGL67*. Sin embargo, para los genes *ATS3*, *MFT*, *SCL14*, *SOM* y *ABI5*, los niveles de expresión están también alterados en el mutante *agl67*, lo que indica que este MADs box sería necesario para su correcta regulación. Serán necesarios experimentos adicionales para determinar cuáles de

esos genes desregulados en los mutantes *ebs* y *agl67* median el papel de estos dos reguladores transcripcionales sobre la dormición, así como para comprender la relación funcional existente entre *EBS* y *AGL67* en la regulación de este proceso. Estas observaciones sugieren que *AGL67* podría mediar la regulación de *EBS* sobre determinados genes, pero no sobre todos los que se encuentran desregulados en el mutante *ebs.* Por tanto, *EBS* regularía la expresión de muchos de estos genes independientemente de *AGL67*, aunque desconocemos todavía la relevancia de dichos loci en la regulación de la dormición mediada por EBS.

A modo de conclusión, podemos decir que todas las observaciones descritas anteriormente son consistentes con que *EBS* esté implicado en la regulación de los circuitos génicos necesarios para la regulación de la germinación durante el periodo de dormición, mediando distintos aspectos del control de este proceso en los que estarían implicados factores hormonales, ambientales y metabólicos (Figura 80).



Figura 80. Regulación mediada por EBS de genes que participan a diferentes niveles en el control de la dormicion de semillas. Se muestran los genes alterados en el análisis de perfiles transcriptómicos del mutante *ebs* que podrían explicar el fenotipo de reducción de la dormición observado en este mutante. En verde, genes inducidos por EBS; en rojo, genes activados por EBS.

Muchos de los genes implicados en el control de la dormición y la germinación de la semilla en Arabidopsis también participan en el control de la floración. Entre ellos, además de *EBS*, se encuentran genes relacionados con remodelación de cromatina como *HUB* y *ATX*, genes del reloj circadiano, etc,.., lo que podría sugerir que determinados circuitos génicos reguladores median el control de ambas

DISCUSIÓN

transiciones de fase del desarrollo en plantas. Además de los datos de perfiles globales de expresión de semillas frescas del mutante *ebs* generados en este trabajo, en nuestro laboratorio disponemos de datos transcriptómicos obtenidos con plantas de dicho mutante durante el periodo de crecimiento vegetativo que precede al inicio de la floración. La comparación de ambas bases de datos indica que el solapamiento de genes diferencialmente expresados en el mutante *ebs* durante los dos estadios de desarrollo es escaso (Fig. 35) y que, por tanto, las rutas genéticas que median el papel de EBS en la regulación de estos dos procesos de desarrollo son fundamentalmente independientes, por lo que EBS actuaría a través de circuitos génicos diferentes en ambos procesos.

Análisis de procesos de remodelación de la cromatina funcionalmente relacionados con EBS en el control de la dormición de la semilla

La proteína EBS, y su homólogo SHL, contienen un dominio PHD, responsable del reconocimiento de versiones modificadas de la histona H3, en concreto H3K4me2/3 (López-González, Tesis Doctoral, 2010). Además de EBS, diferentes factores remodeladores de la cromatina se han implicado en la regulación de la dormición de la semilla en Arabidopsis (Liu et al, 2007; Liu et al., 2011), y algunos de ellos desempeñan funciones relacionadas con la modulación de los niveles de dicha marca de la cromatina, que tiene un papel central en la regulación de la expresión génica en eucariotas. Por ello, analizamos la relación de EBS con otros remodeladores de la cromatina que pudieran mediar el papel de EBS en la regulación de la dormición centrándonos fundamentalmente en modificadores de la cromatina relacionados con la modulación de la marca activadora transcripcional H3K4me3, reconocida por EBS. Inicialmente estudiamos la posible relación de EBS con los genes HUBs, remodeladores de la cromatina descritos por participar en el control de la dormición de semillas. Las proteínas HUBs participan en la monoubiquitinación de la histona H2B, un requisito previo para la trimetilación de H3K4, y se ha demostrado que controlan la activación transcripcional de genes relacionados con el metabolismo de ABA (Liu et al., 2007). A pesar de que tanto los mutantes hub como ebs presentan fenotipo de reducción de la dormición, nuestros análisis genéticos con dobles y triples mutantes, no revelaron la existencia de relación genética entre ellos para la regulación de la dormición. Al estudiar la expresión de diversos genes desregulados en ebs de acuerdo con los resultados obtenidos el análisis de perfiles transcriptómicos, observamos que el nivel de expresión de los genes At3g60520, AGP31, TSO2, ABI5, SOM, SCL14, MFT, AGL67 y ATS3 en los mutantes hub1 y hub2 presenta la misma tendencia que en *ebs*, lo que podría sugerir que EBS y las proteínas HUBs regulan a estos genes de manera independiente, confirmando que sus funciones son aditivas. Además, el fenotipo de menor dormición de los dobles mutantes así como del triple mutante, podría deberse al efecto aditivo que ejercen los genes HUB y EBS sobre genes descritos como reguladores de la dormición como *AGL67*, *MFT* y *ABI5*.

Al igual que *EBS*, los genes *HUB* están implicados en la regulación del tiempo de floración, y son necesarios para la expresión del represor floral *FLC*. Puesto que nuestro laboratorio está interesado en el control de otras transiciones de fase del desarrollo vegetal como la transición floral, decidimos analizar una posible interacción genética entre estos genes en la regulación del tiempo de floración. Los resultados obtenidos indican igualmente una ausencia de interacción entre *EBS* y *HUB* en el control de este proceso. Estas observaciones son consistentes con la función descrita para estos genes en la regulación del inicio de la floración, ya que mientras que las proteínas HUB son necesarias para la activación de *FLC*, EBS se requiere para reprimir la expresión de *FT*. Por tanto, las proteínas EBS y HUBs actúan en rutas genéticas independientes tanto en el control de la floración como de la dormición.

Además, analizamos posibles interacciones genéticas de EBS con genes que codifican proteínas remodeladoras de cromatina implicadas en la deposición de la marca epigenética H3K4me3. Por ello estudiamos la implicación de las metiltransferasas de tipo ATX, ATX1, ATX2 y ATXR7 en el control de la dormición de semillas (Fig. 57). Entre ellas, observamos que únicamente ATXR7 está implicada en promover la dormición de semillas frescas. Estos resultados han sido confirmados por otros autores (Liu et al., 2009), quienes también mostraron datos indicativos de una reducción de la dormición de semillas frescas en mutantes atxr7. La utilización de dobles mutantes en este trabajo, así como el análisis de genes diferencialmente expresados en semillas del mutante ebs en los perfiles transcriptómicos, como AGL67, MFT, ATS3, LEA, ABI5, SOM y TSO2, mostró que los efectos de EBS y ATXR7 eran aditivos. La expresión de AGL67 y MFT en los dobles mutantes pone de manifiesto que estos genes podrían ser responsables del fenotipo de reducción de la dormición en estos. Igualmente analizamos la interacción de EBS y ATXR7 en el control de la floración, y de nuevo observamos una regulación independiente. Por tanto, todos estos resultados permiten concluir que EBS y ATXR7 regulan procesos del desarrollo como la dormición y la floración de manera independiente.

A pesar de que tanto las proteínas EBS como HUB1, HUB2 y ATXR7 están implicados en mecanismos relacionados con la marca H3K4me3, y que todos ellos

183

están implicados en la regulación de la dormición de semillas frescas en Arabidopsis, a la vista de nuestros análisis genéticos y moleculares se puede concluir que todos ellos regulan la dormición de manera independiente a *EBS*.

Igualmente, hemos demostrado que otros remodeladores de cromatina, relacionados con la deposición de la marca H3K4me3, e implicados en floración, también participan en el control de la dormición de semillas, como es el caso de componentes del complejo Paf1 (Fig. 56). Dichas observaciones fueron corroboradas durante el transcurso de nuestro trabajo (Liu et al., 2011), revelando la función de este complejo implicado en el control de la elongación transcripcional en la dormición de la semilla,

SDG8/EFS, otro remodelador de cromatina funcionalmente relacionado con el complejo Paf1, también es necesario para la correcta regulación de la dormición ya que los mutantes sdg8 muestran un fenotipo de reducción en la dormición de las semillas (Bassel et al., 2011; este trabajo) (Fig. 62). Con el fin de identificar posibles dianas comunes con EBS, hemos analizado en el mutante sdg8 genes que se encontraron expresados diferencialmente en el análisis transcriptómico del mutante ebs (Fig. 63). Este análisis nos permitió comprobar que SDG8 es necesario para la expresión de FLC y de AGL67. Esta observación es consistente con datos previos que han mostrado que el fenotipo de floración temprana presente en los mutantes sdq8/efs se debe a niveles de expresión reducida del represor floral FLC (Xu et al., 2008). Nuestros resultados muestran que este remodelador de cromatina es también necesario para la expresión de FLC en semilla, aunque de acuerdo con nuestras observaciones y con datos publicados (Bassel et al., 2011), es improbable que los defectos en la expresión de FLC en el mutante sdg8 sean responsables de su fenotipo de dormición reducida. Puesto que SDG8 está implicada principalmente en la deposición de H3K36me2 y H3K36me3, marcas de transcripción activa, es posible que sea necesario para establecer estas marcas en la cromatina de FLC y AGL67, para su activación. La expresión de MFT, por el contrario, está incrementada en sdg8, lo que contrasta con la función descrita para este gen en la inducción de la dormición (Vaistij et al., 2013). Puesto que SDG8 está implicado en la deposición de marcas activadoras de la transcripción en la cromatina de sus genes diana, es posible que MFT no sea una diana directa de SDG8 y que el cambio en la expresión de MFT observado en el mutante sdg8 esté mediado por la actividad de otros genes. Alternativamente, se ha descrito que SDG8 actúa sinérgicamente con PRC2 en la represión de genes de maduración de semilla (Tang et al., 2012), y podría ocurrir que un mecanismo similar mediara la represión de *MFT* por SDG8 en la semilla fresca de Arabidopsis. Serán necesarios estudios adicionales para confirmar la existencia de este mecanismo de regulación.

El estudio de la relación genética entre *SDG8* y *EBS* mediante el uso de dobles mutantes *ebs sdg8* reveló que la falta de función conjunta de estos dos remodeladores suprime sus efectos en dormición, de manera que el doble mutante presenta una dormición similar a las semillas del tipo silvestre. Además, los mutantes *ebs sdg8* presentaban un nivel de expresión de *AGL67* más elevado que el detectado en los mutantes sencillos, por lo que la pérdida de función de *SDG8* y *EBS* restaura los niveles de expresión de *AGL67*, a los detectados en semillas del tipo silvestre (Fig. 65). Estas observaciones son consistentes con que AGL67 medie el fenotipo de reducción de la dormición observado en ambos mutantes. Se requerirán experimentos adicionales para determinar la base molecular de la interacción entre EBS y SDG8 en el control de la dormición de la semilla de Arabidopsis.

Puesto que diversos aspectos de la reorganización de la cromatina relacionados con la deposición y el reconocimiento de residuos metilados de la histona H3 parecen desempeñar un papel esencial en la regulación de la dormición, decidimos analizar si otras actividades de remodelación de la cromatina podrían también estar implicadas en este proceso. Analizamos mutantes de componentes del complejo SWR1, que cataliza el intercambio de la histona H2A por la variante histónica H2A.Z y que es necesario para la correcta regulación del tiempo de floración y de la regulación de FLC en Arabidopsis (Choi et al., 2007; March-Díaz y Reyes, 2009). También analizamos mutantes afectados en los genes ELF6 y JMJ4, que participan junto a EBS en el control de la expresión de FT para regular la transición floral, demetilando residuos metilados de H3K4me3 en la cromatina de este locus (Jeong et al., 2009; López-González, 2010. Tesis doctoral). Los resultados que hemos obtenido indican que en nuestras condiciones experimentales estos complejos de remodelación de la cromatina no afectan a la regulación de la dormición, lo que demuestra que sólo determinados procesos de remodelación de cromatina participan en la regulación de este proceso de desarrollo, lo que implica una especificidad en la regulación de la dormición.

Todas estas observaciones nos permiten concluir que la remodelación de cromatina tiene un papel central en la regulación de la dormición, aunque determinados mecanismos tienen un impacto más notable sobre el control de este proceso.

Identificación de nuevos factores potencialmente implicados en la regulación de la dormición de la semilla

La participación de nuestro grupo durante la realización de este trabajo en el proyecto TRANSPLANTA nos ha permitido acometer la identificación de nuevos genes implicados en el control de la dormición de semillas de Arabidopsis. Para ello, hemos utilizado una herramienta desarrollada en dicho proyecto consistente en una colección de plantas transgénicas de Arabidopsis que sobreexpresan factores de transcripción en respuesta a la inducción por β-estradiol. Después de realizar diferentes pruebas de optimización de los ensayos, determinamos que una concentración d**β** -estradiol de 10 μM era adecuada para la inducción de los factores de transcripción (FT) en semillas frescas de Arabidopsis. Con el fin de identificar FT potencialmente implicados en la regulación de la dormición, las semillas recién cosechadas de líneas capaces de sobreexpresar FT individuales en presencia del agente inductor fueron sometidas a diferentes condiciones de iluminación (luz y oscuridad), y de temperatura (22°C y 16°C), para observar su fenotipo de dormición.

De las 839 líneas analizadas correspondientes a 327 FT diferentes, identificamos 26 FT potencialmente relacionados con el control de la dormición. Entre estos identificamos 16 FTs cuya sobreexpresión confería una reducción de la dormición en condiciones de luz y 22°C (condición 1), 12 FTs lo hacían en condiciones de oscuridad y 22°C (condición 2), y 6 FTs cuya sobrexpresión provocaba alteraciones en la dormición en condiciones de luz y 16°C (condición 3). De los FT identificados a 22°C, 8 fueron comunes en luz y oscuridad.

Por limitaciones de tiempo, en este trabajo hemos iniciado la caracterización funcional de dos FT identificados como reguladores de la dormición de semillas frescas: *COL9*, identificado en las condiciones experimentales de rastreo 1 y 2, y *SCL30*, identificado en la condición experimental 3. Ninguno de estos dos genes se habían relacionado previamente con la regulación de la dormición, lo que confirma la utilidad de la colección de plantas generadas en el proyecto TRANSPLANTA para identificar nuevos componentes reguladores del proceso de la dormición de semilla, así como de otros procesos biológicos.

COL9 se había identificado previamente como un represor de la floración perteneciente a la familia de factores CO-LIKE (Cheng y Wang, 2005). De hecho, al analizar la floración de las líneas sobreexpresoras de COL9 en respuesta a β -estradiol generadas en el proyecto TRANSPLANTA, observamos un retraso de la floración

DISCUSIÓN

respecto a las líneas silvestres. Nuestros resultados han revelado un papel de *COL9* como represor de la dormición de semillas. El hecho de que se obtuvieran resultados similares con las dos líneas sobreexpresoras independientes de *COL9* existentes en la colección TRANSPLANTA, corrobora el papel de *COL9* en el control de la dormición, tanto en condiciones de luz como de oscuridad. El estudio del fenotipo del mutante *col9* mostró que este no presenta alteraciones significativas en la respuesta de dormición, lo cual podría deberse a la existencia de redundancia funcional de *COL9* con otros miembros de la familia de CO. En el futuro se requerirán estudios adicionales que permitan desvelar el modo de participación de COL9, y de otros genes CO-LIKE, en la represión de la dormición, así como los genes diana sobre los que actúan para mediar dicha regulación.

Por su parte, SCL30 fue identificado como otro FT cuya sobreexpresión confiere un aumento de la dormición de las semillas en condiciones de 16°C, lo que evidencia un papel de SCL30 en regulación de la dormición. Esta reducción de la germinación se observó en todas las líneas disponibles para este FT en el proyecto TRANSPLANTA y está presente incluso en ausencia de β -estradiol (Fig. 74). Por ello, decidimos generar líneas transgénicas adicionales que expresaran constitutivamente SCL30, así como su homólogo más cercano SCL11 (Fig. 75). Los resultados obtenidos corroboraron que tanto la sobreexpresión de SCL30 como de SCL11, conllevaban una disminución de los niveles de germinación de semillas frescas (Fig. 76), por lo que se puede concluir que ambos factores se requieren para la modulación de la dormición. SCL30 pertenece a la familia de proteínas SCR, donde otros miembros, como SCL3, SCL13 y SCL14 han sido implicados en el control hormonal de la regulación de la dormición de semillas (Torres-Galea et al., 2006; Bassel et al., 2011; Zhang et al., 2011). Por ello, sería interesante analizar si SCL30 pudiera estar relacionado con la ruta hormonal mediada por GA y ABA en el control de la dormición de semillas. Además, estudios realizados en el laboratorio de la Dra. Salomé Prat (CNB, Madrid) han mostrado una interacción entre SCL30 y SCL11 con RGL2 mediante aproximaciones de doble híbrido (no mostrado), lo que sugiere que estas proteínas SCL podrían regular conjuntamente con RGL2 la respuesta de dormición en la semilla. Observaciones previas han demostrado que otros miembros de la familia SCL como SCL3, implicado en el control de la germinación de semillas, interacciona con RGA, (Zhang et al., 2010), posiblemente antagonizando el papel de las proteínas DELLA en este proceso.

El análisis del fenotipo de germinación mostrado por semillas de mutantes *scl11* y *scl30* y del doble *scl11scl30* no reveló diferencias significativas en los niveles de dormición, con respecto al silvestre. Este resultado podría explicarse por una posible redundancia funcional de los factores *SCL30* y *SCL11* con otros miembros de la familia como *SCL3* como represores de la germinación durante la dormición. Serán necesarios análisis adicionales para profundizar en la función de las proteínas SCL en el control de la dormición, y concluir si la interacción con las proteínas DELLA podría modular la dormición de la semilla. Sin embargo, los datos obtenidos hasta ahora en la caracterización preliminar de estos factores confirman que la colección de plantas que sobreexpresan condicionalmente FT de Arabidopsis es una herramienta poderosa para la caracterización funcional de reguladores transcripcionales. De hecho, los análisis realizados hasta ahora han abierto una vía de investigación con enormes posibilidades para profundizar en el conocimiento de los mecanismos moleculares implicados en la regulación de la dormición de la dormición de la semilla.

CONCLUSIONES



CONCLUSIONES

Hemos abordado la regulación de la dormición analizando el papel de diversos reguladores transcripcionales relacionados con mecanismos mediados por reorganización de la cromatina, y en particular EBS, pero también identificando nuevos FT con un posible papel en el control de este proceso. Los resultados que hemos obtenido confirman que los procesos de remodelación de la cromatina son esenciales para el control de la dormición, y entre ellos, los complejos donde participa EBS tienen un papel central en dicha regulación y podrían actuar a varios niveles en las rutas que controlan este proceso. Asimismo hemos abierto una nueva vía para la caracterización molecular de este proceso, aislando diversos FT cuyo estudio será relevante para establecer su implicación en el control de la dormición.

- EBS actúa como un represor de la germinación durante la dormición de semillas frescas de Arabidopsis, que promueve la dormición en respuesta a luz y temperatura. Además EBS reprime la germinación en semillas post-maduras.
- EBS se expresa durante todo el desarrollo de la semilla, y su expresión disminuye durante la germinación, independientemente de la adición de hormonas como GA y ABA.
- SHL, homólogo a EBS, también se expresa durante todo el desarrollo de la semilla, y desempeña funciones parcialmente redundantes con EBS en el control de la dormición de semillas frescas.
- 4. La sobreexpresión de EBS durante la imbibición de la semilla es suficiente para reducir el nivel de dormición de semillas frescas y por tanto, la función de EBS en promover la dormición es necesaria al menos tras el desarrollo de la semilla en la silicua.
- 5. Entre los genes desregulados en los mutantes ebs y spt y que podrían explicar a nivel molecular el defecto en dormición observado, encontramos algunos que median procesos como la hidrólisis de componentes de la pared y con la expansión celular, así como genes relacionados con la respuesta a ABA y GAs.
- EBS es necesario para regular la expresión de AGL67 durante el periodo de dormición de la semilla, y esta proteína MADS-box a su vez, podría mediar el efecto de EBS sobre otros genes implicados en la regulación de la dormición de la semilla.

191

- 7. La comparación de perfiles transcriptómicos del mutante *ebs* en dos estadios diferentes del desarrollo de la planta, en semilla fresca y en planta en crecimiento vegetativo, indica que la regulación ejercida por *EB*S sobre estos procesos es independiente, actuando a través de circuitos génicos diferentes.
- 8. EBS regula importantes procesos del desarrollo, como la dormición de semillas frescas y la floración, de manera independiente a como lo hacen otros modificadores de la cromatina relacionados también con la marca H3K4me3 como HUB1, HUB2 y ATX7. Además el PAF1-C también participa en la regulación de la dormición.
- 9. SDG8, remodelador de cromatina funcionalmente relacionado con el complejo Paf1, también es necesario para la correcta regulación de la dormición. El estudio de la relación genética entre SDG8 y EBS reveló que la falta de función conjunta de estos dos remodeladores de cromatina suprime sus efectos en dormición, de manera que el doble mutante presenta una dormición similar a las semillas del tipo silvestre. Además, los mutantes *ebs sdg8* presentaban un nivel de expresión de *AGL67* más elevado que el detectado en los mutantes sencillos, por lo que la pérdida de función de *SDG8* y *EBS* restaura los niveles de expresión de *AGL67*, a los detectados en semillas del tipo silvestre. Estas observaciones son consistentes con que AGL67 medie el fenotipo de reducción de la dormición observado en ambos mutantes.
- 10. En la colección de líneas de sobrexpresión de FT generadas en el proyecto Transplanta hemos identificado 26 factores de transcripción como potenciales implicados en la dormición de semillas frescas. La caracterización preliminar de la función de dos de ellos, COL9 y SCL30, ha revelado su implicación en la regulación de la germinación de semillas frescas.

BIBLIOGRAFÍA



- Aalfs, J. D.; Kingston, R. E. (2000). What does 'chromatin remodeling'mean? Trends in biochemical sciences. 25(11):548-555.
- Adamski, N.M.; Anastasiou, E.; Eriksson, S.; O'Neill, C.M.; Lenhard, M.(2009). Local maternal control of seed size by KLUH/CYP78A5-dependent growth signaling.Proc. Natl. Acad. Sci. USA.106(47):20115-20.
- Ahn, Y.O.; Shimizu, B.; Sakata, K.; Gantulga, D.; Zhou, C.; Bevan, D.R.; Esen, A. (2010). Scopolinhydrolyzingbeta-glucosidases in roots of Arabidopsis.Plant Cell Physiol. 51(1):132-43.
- Akamatsu, T.; Hanzawa, Y.; Ohtake, Y.; Takahashi, T.; Nishitani, K.; Komeda, Y. (1999). Expression of endoxyloglucan transferase genes in acaulis mutants of Arabidopsis.Plant Physiol. 121(3):715-22.
- Alboresi, A.; Gestin, C.; Leydecker, M.T.; Bedu, M.; Meyer, C.; Truong, H.N. (2005).Nitrate, a signal relieving seed dormancy in Arabidopsis. Plant Cell Environ. 28:500–512.
- Ali-Rachedi, S.; Bouinot, D.; Wagner, M.H.; Bonnet, M.; Sotta, B. et al. (2004). Changes in endogenous abscisic acid levels during dormancy release and maintenance of matureseeds: studies with the Cape Verde Islands ecotype, the dormant model of Arabidopsis thaliana. Planta. 219:479–88.
- Alonso-Blanco, C.; Bentsink, L.; Hanhart, C.J.; Blankestijn-de Vries, H.; Koornneef, M.(2003). Analysis of natural allelic variation at seed dormancy loci of Arabidopsis thaliana.Genetics. 164(2):711-29.
- Alvarez-Venegas, R. (2010). Regulationby polycomb and trithorax group proteins in Arabidopsis. The Arabidopsis book / American Society of Plant Biologists. 8:e0128.
- Alvarez-Venegas, R.; Avramova, Z. (2005). Methylation patterns of histone H3 Lys 4, Lys 9 and Lys 27 in transcriptionally active and inactive Arabidopsis genes and in atx1 mutants. Nucleic Acids Res. 33:5199–5207.
- Alvarez-Venegas, R.; Pien, S.; Sadder, M.; Witmer, X.; Grossniklaus, U.; Avramova, Z. (2003). ATX-1, an Arabidopsis homolog of trithorax, activates flower homeotic genes. Current biology. 13(8):627-637.
- Andrés, F.; Coupland, G. (2012). The genetic basis of flowering responses to seasonal cues. Nature Reviews Genetics. 13(9):627-639.
- Arc, E.; Galland, M.; Godin, B.; Cueff, G.; Rajjou, L. Nitric oxide implication in the control of seed dormancy and germination. Frontiers in plant science.4(346).
- Arc, E.; Sechet, J.; Corbineau, F.; Rajjou, L.; Marion-Poll, A. (2013).ABA crosstalk with ethylene and nitric oxide in seed dormancy and germination.Frontiers in plant science.4(63).
- Ariizumi, T.; Hauvermale, A.; Nelson, S.; Hanada, A.; Yamaguchi, S.; Steber, C. (2013).Lifting DELLA repression of Arabidopsis seed germination by non-proteolytic GA signaling.Plant physiology. 162(4):2125-39.
- Ariizumi, T.; Steber, C. (2007). Seed germination of GA-insensitive sleepy1 mutants does not require RGL2 protein disappearance in Arabidopsis. The Plant cell. 19(3):791-804.
- Ariizumi, T.; Murase, K.; Sun, T.P.; Steber, C.M. (2008).Proteolysis-independent downregulation of DELLA repression in Arabidopsis by the gibberellin receptor GIBBERELLIN INSENSITIVE DWARF1.Plant Cell. 20(9):2447-59.
- Arsovski, A.; Haughn, G.; Western, T. (2010). Seed coat mucilage cells of Arabidopsis thaliana as a model for plant cell wall research. Plant signaling & behavior. 5(7):796-801.
- Arsovski, A.; Villota, M.; Rowland, O.; Subramaniam, R.; Western, T. (2009). MUM ENHANCERS are important for seed coat mucilage production and mucilage secretory cell differentiation in Arabidopsis thaliana. Journal of experimental botany. 60(9):2601-2612.

- Aubert, D.; Chevillard, M.; Dorne, A.M.; Arlaud, G.; Herzog, M. (1998). Expression patterns of GASA genes in Arabidopsis thaliana: the GASA4 gene is up-regulated by gibberellins in meristematic regions. Plant. Mol. Biol. 36:871–883.
- Avranova, Z. (2009). Evolution and pleitropy if trithorax function in Arabidopsis.Int. J. Dev. Biol.53(2-3):371-81.
- Bailly, C. (2004). Active oxygen species and antioxidants in seed biology. Seed Science Research. 14(02):93-107.
- Bailly, C.; El-Maarouf-Bouteau, H.; Corbineau, F.(2008). Fromintracellular signaling networks to cell death: the dual role of reactive oxygen species in seed physiol ogy.C. R. Biol. 331:806–814.
- Barrero, J.M.; Millar, A.A.; Griffiths, J.; Czechowski, T.; Scheible, W.R.; Udvardi, M.; Reid, J.B.; Ross, J.J.; Jacobsen, J.V; Gubler, F. (2010). Gene expression profiling identifies two regulatory genes controlling dormancy and ABA sensitivity in Arabidopsis seeds. The Plant Journal. 61:611– 622.
- Barua, D.;Butler, C.;Tisdale, T.E.; Donohue, K. (2011).Natural variation in germination responses of Arabidopsis to seasonal cues and their associated physiological mechanisms.Annals of Botany.109.
- **Baskin, C.C.; Baskin, J.M.** (1998). Seeds: Ecology, biogeography, and evolution of dormancy and germination. San Diego, Academic Press.
- **Baskin, J.M.; Baskin, C.C.** (2004).A classification system for seed dormancy.Seed Science Research. 14:1–16.
- Bassel, G. W.; Mullen, R. T.; Bewley, J. D. (2006). ABI3 expression ceases following, but not during, germination of tomato and Arabidopsis seeds. Journal of experimental botany. 57(6):1291-1297.
- Bassel, G.; Lan, H.; Glaab, E.; Gibbs, D.; Gerjets, T.; Krasnogor, N.; Bonner, A.; Holdsworth, M.; Provart, N. (2011). Genome-wide network model capturing seed germination reveals coordinated regulation of plant cellular phase transitions.Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.108(23):9709-9714.
- Baumbusch, L.O.; Thorstensen, T.; Krauss, V.; Fischer, A.; Naumann, K.; Assalkhou, R.; Schulz, I.; Reuter, G.; Aalen, R.B. (2001). The Arabidopsis thaliana genome contains at least 29 active genes encoding SET domain proteins that can be assigned to four evolutionarily conserved classes. Nucleic Acids Res. 29:4319–4333.
- Bazin, J.; Langlade, N.; Vincourt, P.; Arribat, S.; Balzergue, S.; El-Maarouf-Bouteau, H., et al. (2011). Targeted mRNA oxidation regulates sunflowerseed dormancy alleviation during dry after-ripening. Plant Cell. 23:2196–2208.
- Beaudoin, N.; Serizet, C.; Gosti, F.; Giraudat, J. (2000).Interactions between abscisic acid and ethylene signaling cascades.Plant Cell. 12(7):1103–1116.
- Beligni,M.V.; Lamattina,L.(2000).Nitric oxide stimulates seed germination and de-etiolation, and inhibitshypocotylelongation, threelight-inducibleresponsesinplants.Planta. 210:215–221.
- Bentsink, L.; Hanson, J.; Hanhart, C.J.; Blankestijn-de Vries, H.; Coltrane, C.; Keizer, P.; El-Lithy, M.; Alonso-Blanco, C.; de Andrés, M.T.; Reymond, M.; van Eeuwijk, F.; Smeekens, S.; Koornneef, M.(2010). Natural variation for seed dormancy in Arabidopsis is regulated by additive genetic and molecular pathways. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 107(9):4264-4269.
- Bentsink, L.; Jowett, J.; Hanhart, C. J.; Koornneef, M. (2006).Cloning of DOG1, a quantitative trait locus controlling seed dormancy in Arabidopsis.Proceedings of the National Academy of Sciences. 103(45):17042-17047.
- Bentsink, L.; Koornneef, M. (2008).Seed dormancy and germination.The Arabidopsis book / American Society of Plant Biologists, 6.

- Bentsink, L.; Soppe, W.; Koornneef, M.(2007).Genetics aspects of seed dormancy. In KJ Bradford, H Nonogaki, eds, Seed Development, Dormancy and Germination. Blackwell Publishing, Oxford, pp 113–127.
- Berger, N.; Dubreucq, B.; Roudier, F.; Dubos, C.; Lepinsiec, L.(2010). Transcriptional regulation of Arabidopsis LEAFY COTYLEDON2 involves RLE, a cis-element that regulates trimethylation of histone H3 at lysine-27. The Plant cell.23(11):4065-4078.
- **Berger, S.L.** (2007). The complex language of chromatin regulation during transcription.Nature. 447:407–412.
- Bernatzky, R.; Tanksley, S.D. (1986). Toward a Saturated Linkage Map in Tomato Based on Isozymes and Random CDNA Sequences. Genetics. 112(4):887-898.
- Berr, A.; McCallum, E. J.; Alioua, A.; Heintz, D.; Heitz, T.; Shen, W. H. (2010). Arabidopsis histone methyltransferase SET DOMAIN GROUP8 mediates induction of thejasmonate/ethylene pathway genes in plant defense response to necrotrophic fungi. Plant physiology. 154(3):1403-1414.
- Berr, A.; Shafiq, S.; Shen, W. (2011). Histone modifications in transcriptional activation during plant development. Biochimica et biophysica acta. 1809(10):567-576.
- Berr, A.; Xu, L.; Gao, J.; Cognat, V.; Steinmetz, A.; Dong, A.; Shen, W. (2009). SET DOMAIN GROUP25 encodes a histone methyltransferase and is involved in FLOWERING LOCUS C activation and repression of flowering. Plant physiology. 151(3):1476-1485.
- Bethke, P.C.; Libourel, I. G.; Jones, R.L. (2006).Nitric oxide reduces seed dormancy in Arabidopsis. J. Exp. Bot. 57:517–526.
- Bethke, P.C.; Libourel, I.G.; Aoyama, N.; Chung, Y.Y.; Still, D.W.; Jones, R.L. (2007). The Arabidopsis aleurone layer responds to nitric oxide, gibberellin, and abscisic acid and is suficient and necessary for seed dormancy. Plant Physiol. 143:1173–1188.
- Bethke, P.C.; Gubler, F.; Jacobsen, J.V.; Jones, R.L.(2004). Dormancy of Arabidopsis seeds and barley grains can be broken by nitric oxide. Planta. 219(5):847-55.
- Bewley, J. (1997). Seed germination and dormancy. The plant cell. 9:1055-1066.
- Bewley, J.D.; Black, M. (1994). Seeds: Physiology of development and germination. Plenum Press, New York.
- Boesewinkel, F. D.; Bouman, F. (1984). "The seed: structure." Embryology of angiosperms. Springer Berlin Heidelberg 567-610.
- Bolsrad, B.M.; Irizarry, R.A.; Astrand, M.; Speed, T.P. (2003). A comparison of normalization methods for high density oligonucleotide array data based on variance and bias. Bioinformatics. 19(2):185-93.
- Bolstad, B.M.; Irizarry, R.A.; Astrand, M.; Speed, T.P. (2003). A comparison of normalization methods for high density oligonucleotide array data based on variance and bias.Bioinformatics. 19(2):185-93.
- Bouman, F. (1975).Integument initiation and testa development in some Cruciferae. Botanical Journal of the Linnean Society. 70(3):213-229.
- Bouyer, D.; Roudier, F.; Heese, M.; Andersen, E.; Gey, D.; Nowack, M.; Goodrich, J.; Renou, J.; Grini, P.; Colot, V.; Schnittger, A. (2011). Polycomb repressive complex 2 controls the embryoto-seedling phase transition. PLoS genetics.7, 3.
- Bove, J.; Lucas, P.; Godin, B.; Oge L.; Jullien, M.; Grappin, P. (2005).Gene expression analysis by cDNA-AFLP highlights a set of new signalling networks and translational control during seed dormancy breaking in Nicotiana plumbaginifolia. Plant Molecular Biology. 57:593–612.
- Bowen, A.J.; Gonzalez, D.; Mullins, J.G.L.; Bhatt, A.M.; Martinez, A.; Conlan, R.S. (2010). PAHdomain-specific interactions of the Arabidopsis transcriptioncoregulator SIN3-LIKE1 (SNL1) with

telomere-binding protein 1 and ALWAYS EARLY2 Myb-DNA binding factors. J. Mol. Biol. 395:937–949.

- Brand, L.; Hörler, M.; Nüesch, E.; Vassalli, S.; Barrell, P.; Yang, W.; Jefferson, R.A.; Grossniklaus, U.; Curtis, M.D.(2006). A versatile and reliable two-component system for tissuespecific gene induction in Arabidopsis.Plant Physiol. 141(4):1194-204.
- Bratzel, F.; Lopez-Torrejon, G.; Koch, M.; Del Pozo, J.C.; Calonje, M.(2010).Keeping cell identity in Arabidopsis requires PRC1 RING-finger homologsthat catalyze H2A monoubiquitination. Curr. Biol. 20:1853-1859.
- **Buer, C; Djordjevic, M.** (2009). Architectural phenotypes in the transparent testa mutants of Arabidopsis thaliana. Journal of Experimental Botany. 60(3):751–763.
- Cadman, C.; Toorop, P.; Hilhorst, H.; Finch-Savage, W. (2006).Gene expression profiles of Arabidopsis Cvi seeds during dormancy cycling indicate a common underlying dormancy control mechanism. The Plant journal: for cell and molecular biology. 46(5):805-822.
- Cao, D.; Hussain, A.; Cheng, H.; Peng, J. (2005). Loss of function of four DELLA genes leads to lightand gibberellin independent seed germination in Arabidopsis.Planta. 223:105–113.
- Cao, Y.; Dai, Y.; Cui, S.; Ma, L. (2008). Histone H2B monoubiquitination in the chromatin of FLOWERING LOCUS C regulates flowering time in Arabidopsis. The Plant cell. 20(10):2586-2602.
- Carrera, E.; Holman, T.; Medhurst, A.; Dietrich, D.; Footitt, S.; Theodoulou, F.L.; Holdsworth, M.J. (2008). Seed after-ripening is a discrete developmental pathway associated with specific gene networks in Arabidopsis. The Plant Journal.53:214–224.
- Carrera, E.; Holman, T.; Medhurst, A.; Peer, W.; Schmuths, H.; Footitt, S.; Theodoulou, F.L.; Holdsworth, M.J. (2007).Gene expression profiling reveals definedfunctions of the ATP-binding cassette transporter COMATOSE late in phase II of germination. Plant Physiol. 143(4):1669– 1679.
- Castillejo, C.; Pelaz, S. (2008). The balance between CONSTANS and TEMPRANILLO activities determines FT expression to trigger flowering. Curr Biol. 9;18(17):1338-43.
- Chapman, E.J.; Estelle, M. (2009). Mechanism of auxin-regulated gene expression in plants. Annu. Rev. Genet. 43:265–285.
- Chen, L. T.; Luo, M.; Wang, Y. Y.; Wu, K. (2010).Involvement of Arabidopsis histone deacetylase HDA6 in ABA and salt stress response. Journal of experimental botany. 61(12):3345-3353.
- Chen, L.; Wu, K. (2010).Role of histone deacetylases HDA6 and HDA19 in ABA and abiotic stress response.Plant signaling & behavior.5(10):1318-1320.
- Cheng, X.; Wang, Z. (2005). Overexpression of COL9, a CONSTANS-LIKE gene, delays flowering by reducing expression of CO and FT in Arabidopsis thaliana. The Plant journal: for cell and molecular biology. 43(5):758-768.
- Chiang, G.; Barua, D.; Kramer, E.; Amasino, R.; Donohue, K.(2009). Major flowering time gene, flowering locus C, regulates seed germination in Arabidopsis thaliana. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 106(28):11661-11666.
- Chiang, G.C.; Bartsch, M.; Barua,D.; Nakabayashi, K.; Debieu, M.; Kronholm, I.; Koornneef, M.; Soppe, W.J.J.; Donohue, K.; De Meaux, J. (2011). DOG1 expression is predicted by the seedmaturation environment and contributes to geographical variation in germination in Arabidopsis thaliana. Mol. Ecol. 20:3336–3349.
- Chibani, K.; Ali-Rachedi, S.; Job, C.; Job, D.; Jullien, M.; Grappin, P.(2006). Proteomic analysis of seed dormancy in Arabidopsis. Plant Physiology. 142:1493–1510.
- Chiwocha, S.D.S.; Cutler, A.J.; Abrams, S.R.; Ambrose, S.J.; Yang, J.; Ross, A.R.S.; Kermode, A.R. (2005). The etr1-2 mutation in Arabidopsis thaliana affects the abscisic acid, auxin, cytokinin and

gibberellin metabolic pathways during maintenance of seed dormancy, moist-chilling and germination. Plant J. 42(1):35–48.

- Cho, J.; Ryu, J.; Jeong, Y.; Park, J.; Song, J.; Amasino, R.; Noh, B.; Noh, Y. (2012). Control of seed germination by light-induced histone arginine demethylation activity. Developmental cell.22(4):736-748.
- Choi, K.; Park, C.; Lee, J.; Oh, M.; Noh, B.; Lee, I. (2007). Arabidopsis homologs of components of the SWR1 complex regulate flowering and plant development. Development. 134(10):1931-41.
- Clough, S.; Bent, A. (2000).Vapor-phase sterilization of Arabidopsis seed.2006-03-17] http://plantpath.wise. edu/-afb/vapster. htm1.
- **Clough, S.J.; Bent, A.F.** (1998).Floral dip: a simplified method for Agrobacterium-mediated transformation of Arabidopsis thaliana.Plant Journal. 16(6):735-43.
- Coego, A.; Brizuela, E.; Castillejo, P.; Ruiz, S.; Koncz, C.; del Pozo, J.C.; Piñeiro, M.; Jarillo, J.A.; Paz-Ares, J.; León, J.; The TRANSPLANTA Consortium.(2014). The TRANSPLANTA Collection of Arabidopsis Lines: A resource for Functional Analysis of Transcription Factors based on their conditional overexpression. The Plant Journal.Online.
- **Comai, L.; Harada, J.J.** (1990). Transcriptional activities in dry seed nuclei indicate the timing of the transition from embryogenyto germination. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 87:2671-2674.
- Courey, A. J.; Jia, S. (2001). Transcriptional repression: the long and the short of it. Genes & development.15(21):2786-2796.
- Covington, M.F.; Maloof, J.N.; Straume, M.; Kay, S.A.; Harmer, S.L. (2008). Global transcriptome analysis reveals circadian regulation of key pathways in plantgrowth and development. Genome Biol. 9:R130.
- **Crevillén, P.; Dean, C.** (2011). Regulation of the floral repressor gene FLC: the complexity of transcription in a chromatin context. Current opinion in plant biology. 14: 38-44.
- Crevillén, P.; Sonmez, C.; Wu, Z.; Dean, C. (2013). A gene loop containing the floral repressor FLC is disrupted in the early phase of vernalization. EMBO J. 32(1):140-8.
- Curaba, J.; Moritz, T.; Blervaque, R.; Parcy, F.; Raz, V.; Herzog, M.; Vachon, G.(2004).AtGA3ox2, a key gene responsible for bioactive gibberellin biosynthesis, is regulated during embryogenesis by LEAFY COTYLEDON2 and FUSCA3 in Arabidopsis. Plant Physiol. 136:3660–3669.
- Curtis, M.; Grossniklaus, U. (2003). A gateway cloning vector set for high-throughput functional analysis of genes in planta.Plant physiology.133(2):462-469.
- Da Silva, E.A.A.; Toorop, P.E.; van Aelst, A.C.; Hilhorst, H.W.M. (2004). Abscisic acid controls embryo growth potential and endosperm capweakening during coffee (Coffea arabica cv. Rubi) seed germination. Planta. 220:251–261.
- Davière, J. M.; de Lucas, M.; Prat, S. (2008). Transcriptional factor interaction: a central step in DELLA function. Current opinion in genetics & development. 18(4):295-303.
- De Napoles, M.; Mermoud, J.E.; Wakao, R.; Tang, Y. A.; Endoh, M.; Appanah, R.; Nesterova, T.B.; Silva, J.; Otte, A.P.; Vidal, M.; Koseki, H.; Brockdorff, N. (2004). Polycomb group proteins Ring1A/B link ubiquitylation of histone H2A to heritable gene silencing and X inactivation. Dev. Cell. 7:663-676.
- Dean Rider, S. Jr.; Henderson, J.T.; Jerome, R.E.; Edenberg, H.J.; Romero-Severson, J.; Ogas,J. (2003). Coordinate repression of regulators of embrionic identity by PICKLE during germination in Arabidosis.Plant J. 35(1):33-43.
- Debeaujon, I.; Lepiniec, L.; Pourcel, L.; Routaboul, J.M. (2007). Seed coat development and dormancy. Seed Development, Dormancy and Germination, eds Bradford K, Nonogaki H (Blackwell, Oxford, UK), pp 25–43.

- **Debeaujon, I.; Koornneef, M.** (2000).Gibberellin requirement for Arabidopsis seed germination is determined both by testa characteristics and embryonic abscisic acid. Plant Physiol. 122(2):415-24.
- Debeaujon, I.; Léon-Kloosterziel, K.M.; Koornneef, M. (2000).Influence of the testa on seed dormancy, germination, and longevity in Arabidopsis. Plant Physiol. 122(2):403-14.
- Derkacheva, M.; Steinbach, Y.; Wildhaber, T.; Mozgová, I.; Mahrez, W.; Nanni, P.; Bischof, S.; Gruissem, W.; Hennig, L.(2013). Arabidopsis MSI1 connects LHP1 to PRC2 complexes. EMBO J. 32(14):2073-85.
- Derkx, M.P.M.; Karssen, C.M. (1993). Changing sensitivity to light and nitratebut not to gibberellins regulates seasonal dormancy patterns in Sisymbrium officinale seeds. Plant Cell Environ. 16:469–479.
- **Derkx, M.P.M.; Vermeer, E.; Karssen, C.M.** (1994). Gibberellins in seeds of Arabidopsis thaliana: Biological activities, identification and effects of light and chilling on endogenous levels. Plant Growth Regul. 15:223–234.
- Dill, A.; Jung, H-S.; Sun, T-P.(2001). The DELLA motif is essential for gibberellin-induced degradation of RGA. Proc. Natl. Acad. Sci. 98:14162–14167.
- Dodd, A.N.; Salathia, N.; Hall,A.; Kévei,E.; Tóth, R.; Nagy, F.; Hibberd, J.M.; Millar, A.J.; Webb, A.A. (2005). Plant circadianclocks increase photosynthesis,growth, survival, and competitive advantage. Science. 309:630–633.
- Donohue, K.; Dorn, L.; Griffith, C.; Kim, E.; Aguilera, A.; Polisetty, C.R.; Schmitt, J. (2005). Environmental and genetic influences on the germination of Arabidopsis thaliana in the field.Evolution. 59:740–757.
- Donohue, K.; Heschel, M. S.; Chiang, G. C.; Butler, C. M.; Barua, D. (2007). Phytochrome mediates germination responses to multiple seasonal cues.Plant, cell & environment.30(2):202-212.
- Donohue, K.; Heschel, M.S.; Butler, C.M.; Baura, D.; Sharrock, R.A.; Whitelam, G.C.; Chiang, G.C. (2008). Diversification of phytochrome contributionstogerminationasafunction of maturation environment. New Phytologist. 177:367–379.
- Dover, J.; Schneider, J.; Tawiah-Boateng, M.; Wood, A.; Dean, K.; Johnston, M.; Shilatifard, A. (2002). Methylation of histone H3 by COMPASS requires ubiquitination of histone H2B by Rad6. Journal Biol Chem. 277(32):28368-71.
- **El-Maarouf-Bouteau, H.; Bailly, C. (2008).** Oxidative signaling in seed germinationand dormancy.Plant Signal.Behav. 3:175–182.
- El-Maarouf-Bouteau, H.; Meimoun, P.; Job, C.; Job, D.; Bailly, C. (2013). Role of protein and mRNA oxidation in seed dormancy and germination. Frontiers in plant science.4, 77.
- Farrona, S.; Coupland, G.; Turck, F. (2008). The impact of chromatin regulation on the floral transition. In Seminars in cell & developmental biology. Academic Press. 19(6):560-573.
- Feinbaum, R.L.; Storz, G.; Ausubel, F.M.(1991). High intensity and blue light regulated expression of chimeric chalcone synthase genes in transgenic Arabidopsis thaliana plants.Mol Gen Genet. 226(3):449-56.
- Feinberg, A.P.; Vogelstein, B. (1983). A technique for radiolabeling DNA restriction endonuclease fragments to high specific activity. Anal Biochem. 132(1):6-13.
- Feurtado, J.; Huang, D.; Wicki-Stordeur, L.; Hemstock, L.; Potentier, M.; Tsang, E.; Cutler, A.(2011). The Arabidopsis C2H2 zinc finger INDETERMINATE DOMAIN1/ENHYDROUS promotes the transition to germination by regulating light and hormonal signaling during seed maturation. The Plant cell.23(5):1772-1794.
- Finch-Savage, W.; Leubner-Metzger, G.(2006).Seed dormancy and the control of germination.The New phytologist.171(3):501-523.

- Finch-Savage, W.E.; Cadman, C.S.; Toorop, P.E.; Lynn, J.R.; Hilhorst, H.W. (2007). Seed dormancy release in Arabidopsis Cvi by dry after-ripening, low temperature, nitrate and light shows common quantitative patterns of gene expression directed by environmentally specific sensing. Plant Journal. 51:60–78.
- Finkelstein, R.; Reeves, W.; Ariizumi, T.; Steber, C. (2008). Molecular aspects of seed dormancy. Annual review of plant biology. 59:387-415.
- Finkelstein, R.; Wang, M.; Lynch, T.; Rao, S. (1998). The Arabidopsis abscisic acid response locus ABI4 encodes an APETALA2 domain protein. The Plat Cell. 10:1043–1054.
- Finkelstein, R.R. (1994). Mutations at 2 New Arabidopsis Aba Response Loci Are Similar to the Abi3 Mutations. Plant J. 5:765–771.
- Finkelstein, R.R.; Somerville, C.R. (1990). Three classes of abscisic acid (ABA)-insensitive mutations of Arabidopsis define genes that control overlapping subsets of ABA responses. Plant Physiol. 94:1172–1179.
- Fischle, W.; Wang, Y.; Allis, C. D. (2003). Histone and chromatin cross-talk.Current opinion in cell biology, 15(2):172-183.
- Flintham, J. E. (2000). Different genetic components control coat-imposed and embryo-imposed dormancy in wheat. Seed Science Research. 10(1):43-56.
- Focks, N.; Sagasser, M.; Weisshaar, B.; Benning, C. (1999). Characterization of tt15, a novel transparent testa mutant of Arabidopsis thaliana (L.)Heynh.Planta. 208(3):352-7.
- Fode, B.; Siemsen, T.; Thurow, C.; Weigel, R.; Gatz, C. (2008). The Arabidopsis GRAS protein SCL14 interacts with class II TGA transcription factors and is essential for the activation of stress-inducible promoters. The Plant cell. 20(11):3122-3135.
- Footitt, S.; Douterelo-Soler, I.; Clay, H.; Finch-Savage, W. (2011).Dormancy cycling in Arabidopsis seeds is controlled by seasonally distinct hormone-signaling pathways.Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.108(50):20236-20241.
- Footitt, S.; Huang, Z.; Clay, H.; Mead, A.; Finch-Savage, W. (2013). Temperature, light and nitrate sensing coordinate Arabidopsis seed dormancy cycling, resulting in winter and summer annual phenotypes. The Plant journal: for cell and molecular biology. 74(6):1003-1015.
- Franklin, K.A.; Quail, P.H. (2010). Phytochrome functions in Arabidopsis development. J. Exp. Bot. 61(1):11-24.
- Fransz, P.; de Jong, H. (2011). From nucleosome to chromosome: A dynamic organization of genetic information. Plant J. 66:4–17.
- Frey, A.; Godin, B.; Bonnet, M.; Sotta, B.; Marion-Poll, A. (2004). Maternal synthesis of abscisic acid controls seed development and yield in Nicotiana plumbaginifolia. Planta. 218(6): 958-964.

Frey-Wyssling, A. (1976). The plant cell wall. No. Ed. 3.Gebruder Borntraeger.

- Fujii, H.; Zhu, J.K. (2009). Arabidopsis mutant deficient in 3 abscisic acid-activated proteinkinases revealscritical roles in growth, reproduction, and stress. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA. 106, 8380–8385.
- Gabriele, S.; Rizza, A.; Martone, J.; Circelli, P.; Costantino, P.; Vittorioso, P.(2010). The Dof protein DAG1 mediates PIL5 activity on seed germination by negatively regulating GA biosynthetic gene AtGA3ox1. The Plant journal: for cell and molecular biology. 61(2):312-323.
- Gallego-Bartolomé, J.; Minguet, E.; Marín, J. Prat, S; Blázquez, M.; Alabadí, D. (2010).Transcriptional diversification and functional conservation between DELLA proteins in Arabidopsis.Molecular biology and evolution. 27(6):1247-1256.

- Gao, H.; Brandizzi, F.; Benning, C.; Larkin, R.M. (2008). A membrane-tethered transcription factor defines a branch of the heat stress response in Arabidopsis thaliana. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 105(42):16398-403.
- Gentry, M.; Hennig, L.(2014). Remodelling chromatin to shape development of plants. Exp. Cell Res. 321(1):40-6.
- Ghassemian, M.; Nambara, E.; Cutler, S.; Kawaide, H.; Kamiya, Y.; McCourt, P.(2000).Regulation of abscisic acid signaling by the ethylene response pathway in Arabidopsis.PlantCell. 12(7):1117– 1126
- Giraudat, J.; Hauge, B.M.; Valon, C.; Smalle, J.; Parcy,F.; Goodman, H.M. (1992). Isolation of the Arabidopsis ABI3 gene by positional cloning. Plant Cell 4:1251–1261.
- Godfray, H.; Beddington, J.; Crute, I.; Haddad, L.; Lawrence, D.; Muir, J.; Pretty, J.; Robinson, S.; Thomas, S.; Toulmin, C. (2010). Food security: the challenge of feeding 9 billion people.Science.327(5967):812-818.
- Gomez-Mena, C; Piñeiro, M., Franco-Zorrilla, J.M.; Salinas, J; Coupland, G.; Martínez-Zapater, J.M. (2001). Early bolting in short days: An Arabidopsis Mutation That Causes Early Flowering and Partially Suppresses the Floral Phenotype of leafy. The Plant Cell.13:1011–1024.
- González, A.; Mendenhall, J.; Huo, Y.; Lloyd, A. (2009).TTG1 complexMYBs, MYB5 and TT2, control outer seed coat differentiation.Dev. Biol. 325:412–421.
- González-Guzman, M.; Pizzio, G. A.; Antoni, R.; Vera-Sirera, F.; Merilo, E.; Bassel, G. W.; Rodriguez, P. L. (2012). Arabidopsis PYR/PYL/RCAR receptors play a major role in quantitative regulation of stomatal aperture and transcriptional response to abscisic acid. The Plant Cell Online. 24(6):2483-2496.
- **Goodrich, J.; Tweedie, S.** (2002). Remembrance of things past: chromatin remodeling in plant development. Annual review of cell and developmental biology. 18(1):707-746.
- Graeber, K.; Linkies, A.; Müller,K.; Wunchova, A.; Rott,A.; Leubner-Metzger,G.(2010).Crossspeciesapproaches toseeddormancy and germination: Conservation and biodiversity of ABAregulated mechanisms and the Brassicaceae DOG1 genes. Plant Mol. Biol. 73:67–87.
- Graeber, K.; Nakabayashi, K.; Miatton, E.; Leubner-Metzger, G.; Soppe, W.J. (2012).Molecular mechanisms of seed dormancy.Plant, cell & environment. 35(10):1769-1786.
- Graeber, K.; Voegele, A.; Büttner-Mainik, A.; Sperber, K.; Mummenhoff, K.; Leubner-Metzger, G.(2013). Spatiotemporal seed development analysis provides insight into primary dormancy induction and evolution of the lepidium delay of germination1 genes.Plant physiology.161(4):1903-1917.
- Griffiths, J.; Barrero, J.; Taylor, J.; Helliwell, C.; Gubler, F. (2011). ALTERED MERISTEM PROGRAM 1 is involved in development of seed dormancy in Arabidopsis. PloS one.6 (5).
- Griffiths, J.; Murase, K.; Rieu, I.; Zentella, R.; Zhang, Z.L.; Powers, S.J.; Gong, F.; Phillips, A.L.; Hedden, P.; Sun, T.P. et al.(2006).Genetic characterization and functional analysis of the GID1 gibberellin receptors in Arabidopsis.Plant Cell.18:3399–3414.
- Grubert, M. (1981). Mucilage or gum in seeds and fruits of Angiosperms: a review. Minerva-Publikation.
- Grzenda, A.; Lomberk, G.; Zhang, J.S.; Urrutia, R. (2009). Sin3: Master scaffold and transcriptional corepressor. Biochim. Biophys. Acta. 1789:443–450.
- Gualberti, G.; Papi, M.M.; Bellucci, L.; Ricci, I.; Bouchez, D.; Camilleri, C.; Costantino, P.; Vittorioso,
 P. (2002). Mutations in the Dof Zinc Finger Genes DAG2 and DAG1 Influence with Opposite Effects the Germination of Arabidopsis Seeds. The plant cell.14:1253–1263.
- Gubler, F.; Millar, A.A.; Jacobsen, J. V. (2005).Dormancy release, ABA and pre-harvest sprouting.Current opinion in plant biology. 8(2):183-7.

- Gutiérrez, L.; Van Wuytswinkel, O.; Castelain, M.; Bellini, C. (2007). Combined networks regulating seed maturation. Trends in plant science. 12(7):294-300.
- Gutiérrez, R.A.; Stokes, T.L.; Thum, K.; Xu, X.; Obertello, M.; Katari, M.S.; Tanurdzic, M.; Dean, A.; Nero, D.C.; McClung, C.R.; Coruzzi, G.M. (2008). Systems approach identifies anorganic nitrogen-responsive gene network that is regulated by the master clock control gene CCA1. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 105:4939–4944.
- Gutterman, Y.; Shem-Tov, S. (1996). Structure and function of the mucilaginous seed coats of *Plantago* coronopus inhabiting the Negev desert of Israel. Israel Journal of Plant Sciences. 44(2/3):125-133.
- Haughn, G.; Chaudhury, A. (2005).Genetic analysis of seed coat development in Arabidopsis. Trends Plant Sci. 10(10):472-7.
- Hauvermale, A.L.; Ariizumi, T.; Steber, C,M. (2012). Gibberellin signaling: a theme and variations on DELLA repression. Plant Physiol. 160(1):83-92.
- He, H.; Lehming, N. (2003).Global effects of histone modifications. Briefings in functional genomics & proteomics. 2(3):234-243.
- He, Y. (2012). Chromatin regulation of flowering. Trends in plant science. 17(9):556-562.
- He, Y. (2012). Chromatin regulation of flowering. Trends Plant Sci. 17(9):556-62.
- Hedden, P.; Thomas, S. (2012).Gibberellin biosynthesis and its regulation.The Biochemical journal.444(1):11-25.
- Hennig, L.; Stoddart, W.; Dieterle, M.; Whitelam, G.; Schäfer, E. (2002). Phytochrome E controls lightinduced germination of Arabidopsis. Plant physiology. 128(1):194-200.
- Herzog, M.; Dorne, A.M.; Grellet, F. (1995). GASA, a gibberellin-regulated gene family from Arabidopsis thaliana related to the tomato GAST1 gene. Plant. Mol. Biol. 27:743-752.
- Hilhorst, H.W.M. (1995). A critical update on seed dormancy. I. Primary dormancy. Seed Science Research. 5:61–73.
- Hilhorst, H.W.M. (2007). Definitions and hypotheses of seed dormancy. pp. 50-71
- Hilhorst, H.W.M.; Derkx, M.P.M.; Karssen, C.M. (1995). An integratingmodel for seed dormancy cycling: characterization of reversible sensitivity. In G Lang, ed, Plant Dormancy: Physiology, Biochemistry and Molecular Biology. CAB International, Walling-ford, UK.
- Hilhorst, H.W.M.; Finch-Savage, W.E.; Buitink, J.; Bolingue, W.; Leubner-Metzger, G. (2010).Dormancy in Plant Seeds.Topics in Current Genetics. 21:43-67.
- Hilhorst, H.W.M.; Karssen, C.M. (1992). Seed dormancy and germination: the role of abscisic acid and gibberellins and the importance of hormone mutants. Plant Growth Regul. 11:225–238.
- Hilhorst,H.W.M. (1998).The regulation of secondary dormancy.The membrane hypothesis revisited. Seed Science Research. 8:77–90.
- Höfgen, R.; Willmitzer, L.(1988). Storage of competent cells for Agrobacterium transformation.Nucleic Acids Res. 16(20):9877.
- Holdsworth; M.J.; Bentsink, L.; Soppe, W.J. (2008). Molecular networks regulating Arabidopsis seed maturation, after-ripening, dormancy and germination. New Phytol. 179(1):33-54.
- Hollender, C.; Liu, Z. (2008). Histone deacetylase genes in Arabidopsis development. J. Integr. Plant Biol. 50(7):875-85.
- Hoppmann, V.; Thorstensen, T.; Kristiansen, P.E.; Veiseth, S.V.; Rahman, M.A.; Finne, K.; Aalen, R.B.; Aasland, R. (2011). The CW domain, a new histone recognition module in chromatin proteins. EMBO J. 18:1939–1952.

- Hou, X.; Lee, L. Y. C.; Xia, K.; Yan, Y.; Yu, H. (2010). DELLAs modulate jasmonate signaling via competitive binding to JAZs. Developmental cell. 19(6):884-894.
- **Ibarra,S.; Auge, G.; Sánchez, R.; Botto, J.**(2013).Transcriptional Programs Related to Phytochrome A Function in Arabidopsis Seed Germination.Molecular plant. 6(4):1261-73.
- **lizuka, M.; Smith, M.M.** (2003). Functional consequences of histone modifications.Curr.Opin.Genet. Dev. 13:154–160.
- Irizarry, R.A., Hobbs, B.; Collin, F.; Beazer-Barclay, Y.D.; Antonellis, K.J.; Scherf, U.; Speed, T.P. (2003). Exploration, normalization, and summaries of high density oligonucleotide array probe level data.Biostatistics. 4(2):249-64.
- Irizarry, R.A.; Hobbs, B.; Collin, F.; Beazer-Barclay, Y.D.; Antonellis, K.J.; Scherf, U.; Speed, T.P. (2003). Exploration, normalization, and summaries of high density oligonucleotide array probe level data. Biostatistics. (2):249-64.
- Irshad, M.; Canut, H.; Borderies, G.; Pont-Lezica, R.; Jamet, E. (2008). A new picture of cell wall protein dynamics in elongating cells of Arabodopsis thaliana: Confirmed actors and newcomers. BMC Plant Biol. 8: 94.
- Iuchi, S.; Suzuki, H.; Kim, Y.C.; Iuchi, A.; Kuromori, T., et al.(2007). Multiple loss-of-function of Arabidopsis gibberellin receptor AtGID1s completely shuts down a gibberellin signal. Plant J. 50:958–66
- Jackson, J.P.; Lindroth, A.M.; Cao, X.; Jacobsen, SE. (2002). Control of CpNpG DNA methylation by the KRYPTONITE histone H3 methyltransferase. Nature. 416:556–560
- Jacobsen, J.V.; Pearce, D.W.; Poole, A.T.; Pharis, R.P.; Mander, L.N.(2002). Abscisic acid, phaseic acid and gibberellin contents associated with dormancy and germination in barley. Physiol. Plant. 115:428–41.
- Jang, I.C.; Chung, P.J.; Hemmes, H.; Jung, C.; Chua, N.H. (2011). Rapid and reversible light-mediated chromatin modifications of Arabidopsis phytochrome A locus. Plant Cell. 23: 459–470.
- Janiak, A.; Piórko, S.; Matros, A.; Mock, H.; Kwaśniewski, M.; Chwiałkowska, K.; Chmielewska, B.; Szarejko, I. (2012). A comparative analysis of proteins that accumulateduring the initial stage of root hair development in barley root hair mutants and their parent varieties.J Appl Genetics. 53:363–376.
- Jarillo, J. A.; Piñeiro, M.; Cubas, P.; Martínez-Zapater, J. M. (2009). Chromatin remodeling in plant development.Int. J. Dev. Biol. 53(8-10):1581-96.
- Jeong, J.; Song, H.; Ko, j.; Jeong, Y.; Kwon, Y.E.; Seol, J.H.; Amasino, R.; Noh, B.; Noh, Y. (2009). Repression of FLOWERING LOCUS T Chromatin by Functionally Redundant Histone H3 Lysine 4 Demethylases in Arabidopsis.PLoS One. 4(11): e8033.
- Johnson, R.; Wagner, R.; Verhey, S.; Walker-Simmons, M. (2002). The abscisic acid-responsive kinase PKABA1 interacts with a seed-specific abscisic acid response element-binding factor, TaABF, and phosphorylates TaABF peptide sequences. Plant physiology. 130(2):837-846.
- Johnson, L.; Cao, X.; Jacobsen, S.(2002). Interplay between two epigenetic marks.DNA methylation and histone H3 lysine 9 methylation.Curr Biol. 12(16):1360-7.
- Jung, J.H.; Park, CM.(2014). HOS1-mediated activation of FLC via chromatin remodeling under cold stress.Plant Signal Behav. 8(12).
- Karssen, C.M.; Brinkhorst-van der Swan, D.L.C.; Breekland, A.E.; Koornneef, M. (1983). Induction of dormancy during seed development by endogenous abscisic acid: studies on abscisic acid deficient genotypes of Arabidopsis thaliana (L.) Heynh. Planta. 157:158–165.
- Karssen, C.M.; Lacka, E. (1986). A revisión of the hormone balance theory of seed dormancy: studies on gibberellin and/or abscisic acid-deficient mutants of Arabidopsis thaliana. pp. 315–323 in Bopp, M. (Ed.) Plant growth substances.Berlin, Springer-Verlag.
- Kasuga, M.; Liu, Q.; Miura, S.; Yamaguchi-Shinozaki, K.; Shinozaki, K. (1999). Improving plant drought, salt, and freezing tolerance by gene transfer of a single stress-inducible transcription factor. Nature biotechnology. 17(3):287-291.
- Kawakatsu, T.;Taramino, G.; Itoh, J.I.; Allen, J.; Sato, Y., Hong, S.K.; Yule, R.; Nagasawa, N.; Kojima, M.; Kusaba, M.; Sakakibara, H.; Sakai, H.; Nagato, Y. (2009). PLASTOCHRON3/GOLIATH encodes a glutamate carboxypeptidase required for proper development in rice. Plant J. 58:1028–1040.
- Kendall, S.; Hellwege, A.; Marriot, P.; Whalley, C.; Graham, I.; Penfield, S. (2011).Induction of dormancy in Arabidopsis summer annuals requires parallel regulation of DOG1 and hormone metabolism by low temperature and CBF transcription factors.The Plant cell.23(7):2568-2580.
- Kende, H.; Bradford, K.; Brummell, D.; Cho, H.T.; Cosgrove, D.; Fleming, A.; Gehring, C.; Lee, Y.; McQueen-Mason, S.; Rose, J.; Voesenek, L.A.(2004). Nomenclature for members of the expansin superfamily of genes and proteins.Plant Mol Biol. 55(3):311-4.
- Kilian, B.; Özkan, H.; Pozzi C.; Salamini, F. (2009). Domestication of the Triticeae in the fertile crescent. In Genetics and Genomics of the Triticeae. Plant Genetics and Genomics: Crops and Models 7(eds C. Feuillet & G.J. Muehlbauer), pp. 81–119. Springer Science+Business Media, LLC, New York.
- Kim, D.; Yamaguchi, S.; Lim, S.; Oh, E.; Park, J.; Hanada, A.; Kamiya, Y.; Choi, G. (2008).SOMNUS, a CCCH-type zinc finger protein in Arabidopsis, negatively regulates light-dependent seed germination downstream of PIL5.The Plant cell.20(5):1260-1277.
- Kim, J.; Guermah, M.; Roeder, R.G. (2010). The human PAF1 complex acts in chromatin transcription elongation both independently and cooperatively with SII/TFIIS. Cell 140: 491–503.
- Kim, S.; Lee, J.; Eshed-Williams, L.; Zilberman, D.; Sung, Z. (2012). EMF1 and PRC2 cooperate to repress key regulators of Arabidopsis development. PLoS genetics.8(3).
- Kim, S.Y.; He, Y.; Jacob, Y.; Noh, Y.S.; Michaels, S.; Amasino, R.(2005). Stablishment of the vernalization-responsive, winter-annual habit in Arabidopsis requiresaputative histone H3methyltransferase. PlantCell. 17:3301–3310.
- Kim, W.; Lee, Y.; Park, J.; Lee, N.; Choi, G. (2013). HONSU, a protein phosphatase 2C, regulates seed dormancy by inhibiting ABA signaling in Arabidopsis. Plant & cell physiology. 54(4):555-572.
- Ko, J.H.; Mitina, I.; Tamada, Y.; Hyun, Y.; Choi, Y.; Amasino, R.M.; Noh, B.; Noh, Y.S. (2010). Growth habit determination by the balance of histone methylation activities in Arabidopsis.EMBO J. 29:3208–3215.
- Ko, J.H.; Yang, S.H.; Han, K.H. (2006). Upregulation of an Arabidopsis RING-H2 gene, XERICO, confers drought tolerance through increased abscisic acid biosynthesis. Plant Journal. 47:343– 355.
- Kobayashi, Y.; Kaya, H.; Goto, K.; Iwabuchi, M.; Araki, T. (1999). A pair of related genes with antagonistic roles in mediating flowering signals. Science. 286:1960–1962.
- Koornneef, M.; Bentsink, L.; Hilhorst, H. (2002).Seed dormancy and germination.Current Opinion in Plant Biology.5(1):33–36.
- Koornneef, M.; Karssen, C.M. (1994). Seed dormancy and germination. In EM Meyerowitz, CR Somerville, eds, Arabidopsis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp. 313–334.
- Koornneef, M.; Reuling, G.; Karssen, C.M. (1984). Thelsolation and Characterization of Abscisic-Acid Insensitive Mutants of Arabidopsis-Thaliana. Physiol. Plantarum 61:377–383.
- Koornneef, M.; Vanderveen, J.H. (1980).Inductionand AnalysisofGibberellin Sensitive Mutants in Arabidopsis-Thaliana (L) Heynh. Theor. Appl. Genet. 58:257–263.

- Kotak, S.; Vierling, E.; Bäumlein, H.; von Koskull-Döring, Pascal.(2007). A novel transcriptional cascade regulating expression of heat stress proteins during seed development of Arabidopsis. The Plant cell. 19(1):182-195.
- Kucera, B.; Cohn, M.A.; Leubner-Metzger, G. (2005).Plant hormone interactions during seed dormancy release and germination. Seed Sci. Res. 15: 281-307.
- Kushiro, T.; Okamoto, M.; Nakabayashi, K.; Yamagishi, K.; Kitamura, S.; Asami, T.; Hirai, N.; Koshiba, T.; Kamiya, Y.; Nambara, E. (2004). The Arabidopsis cytochrome P450 CYP707A encodes ABA 8'-hydroxylases: key enzymes in ABA catabolism. EMBO J. 23(7):1647-56.
- Laherty, C.D.; Yang, W.M.; Sun, J.M.; Davie, J.R.; Seto, E.; Eisenman, R.N. (1997). Histone deacetylases associated with themSin3 corepressor mediate mad transcriptional repression. Cell. 89:349–356.
- Lázaro, A.; Gómez-Zambrano, A.; López-González, L.; Piñeiro, M.; Jarillo, J.A. (2008). Mutations in the Arabidopsis SWC6 gene, encoding a component of the SWR1 chromatin remodelling complex, accelerate flowering time and alter leaf and flower development. J Exp Bot. 59(3):653-66.
- Le, B.; Cheng, C.; Bui, A.; Wagmaister, J.; Henry, K.; Pelletier, J.; Kwong, L.; Belmonte, M.; Kirkbride, R.; Horvath, S.; Drews, G.; Fischer, R.; Okamuro, J.; Harada, J.; Goldberg, R. (2010).Global analysis of gene activity during Arabidopsis seed development and identification of seed-specific transcription factors.Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.107(18):8063-8070.
- Lee, J.S.; Shukla, A.; Schneider, J.; Swanson, S.K.; Washburn, M.P.; Florens, L.; Bhaumik, S.R.; Shilatifard, A. (2007). Histone crosstalk between H2B monoubiquitination and H3 methylation mediated by COMPASS.Cell. 131:1084–1096
- Lee, K.; Piskurewicz, U.; Turecková, V.; Carat, S.; Chappuis, R.; Strnad, M.; Fankhauser, C.; Lopez-Molina, L. (2012). Spatially and genetically distinct control of seed germination by phytochromes A and B. Genes & development. 26(17):1984-1996.
- Lee, K.; Piskurewicz, U.; Turecková, V.; Strnad, M.; Lopez-Molina, L. (2010). A seed coat bedding assay shows that RGL2-dependent release of abscisic acid by the endosperm controls embryo growth in Arabidopsis dormant seeds. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 107(44):19108-19113.
- Lee, S.; Cheng, H.; King, K.; Wang, W.; He, Y.; Hussain, A.; Lo, J.; Harberd, N.; Peng, J. (2002).Gibberellin regulates Arabidopsis seed germination via RGL2, a GAI/RGA-like gene whose expression is up-regulated following imbibition.Genes & development.16(5):646-658.
- Lee, Y.; Choi, D.; Kende, H. (2001). Expansins: ever-expanding numbers and functions. Curr.Opin. Plant Biol. 4(6):527-32.
- Lefebvre, V.; North, H.; Frey, A.; Sotta, B.; Seo, M.; Okamoto, M.; Nambara, E.; Marion-Poll, A. (2006). Functional analysis of Arabidopsis NCED6 and NCED9 genes indicates that ABA synthesized in the endosperm is involved in the induction of seed dormancy. The Plant journal: for cell and molecular biology. 45(3):309-319.
- Léon-Kloosterziel, K.M.; Keijzer, C.J.; Koornneef, M. (1994). A seed shape mutant of Arabidopsis that is affected in integument development. Plant Cell. 6:385-392.
- LePage-Degivry, M.T., Garello, G.(1992). In situ abscisic acid synthesis. A requirement for induction of embryo dormancy in Helianthus annus. Plant Physiol. 98:1386-1390.
- Leubner-Metzger, G. (2002). Seed after-ripening and over-expression of class I β-1, 3-glucanase confer maternal effects on tobacco testa rupture and dormancy release. Planta. 215(6):959-968.
- Leubner-Metzger, G. (2005). Beta-1,3-Glucanase gene expression in low-hydrated seeds as a mechanism for dormancy release during tobacco after-ripening. Plant J. 41:133-145.
- Leubner-Metzger, G.(2003). Functions and regulation of β-1,3-glucanases during seed germination, dormancy release and after-ripening. Seed Science Research. 13:17-34.

- Leubner-Metzger,G.(2001). Brassinosteroids and gibberellins promote tobacco seed germination by distinct pathways. Planta. 213:758–63.
- Leymarie, J.; Bruneaux, E.; Gibot-Leclerc, S.; Courbineau, F. (2007). Identification of transcripts potentially involved in barley seedgerminationanddormancyusingcDNA-AFLP. Journal of Experimental Botany. 58:425–437.
- Li, S.F.; Milliken, O.N.; Pham, H.; Seyit, R.; Napoli, R.; Preston, J.; Koltunow, A.M.;Parish, R.W. (2009). The Arabidopsis MYB5 transcription factorregulates mucilage synthesis, seed coat development, and trichome morphogenesis. Plant Cell. 21:72–89.
- Lim, S.; Park, J.; Lee, N.; Jeong, J.; Toh, S.; Watanabe, A.; Kim, J.; Kang, H.; Kim, D.; Kawakami, N.; Choi, G.(2013). ABA-INSENSITIVE3, ABA-INSENSITIVE5, and DELLAs Interact to Activate the Expression of SOMNUS and Other High-Temperature-Inducible Genes in Imbibed Seeds in Arabidopsis.The Plant Cell Preview (online).
- Linkies, A.; Leubner-Metzger, G. (2012).Beyond gibberellins and abscisic acid: how ethylene and jasmonates control seed germination.Plant cell reports.31(2):253-270.
- Linkies, A.; Müller, K.; Morris, K.; Tureckovac, V.; Cadman, C.S.C.; Corbineau, F.; Strnad, M.; Lynn, J.R.; Finch-Savage, W.E.; Leubner-Metzger, G. (2009). Ethylene interacts with abscisic acid to regulate endosperm rupture during germination: a comparative approach using Lepidium sativum and Arabidopsis thaliana. The Plant Cell. 21:3803–3822.
- Liu, A.; Gao, F.; Kanno, Y.; Jordan, M.; Kamiya, Y.; Seo, M.; Ayele, B. (2013). Regulation of wheat seed dormancy by after-ripening is mediated by specific transcriptional switches that induce changes in seed hormone metabolism and signaling. PloS one. 8(2):e56570.
- Liu, C.; Chen, H.; Er, H.L.; Soo, H.M.; Kumar, P.P.; Han, J.H.; Liou, Y.C.; Yu, H. (2008). Direct interaction of AGL24 and SOC1 integrates flowering signals in Arabidopsis. Development. 135(8):1481-91.
- Liu, C; Mehdy, M. (2007). A nonclassical arabinogalactan protein gene highly expressed in vascular tissues, AGP31, is transcriptionally repressed by methyl jasmonic acid in Arabidopsis. Plant physiology. 145(3):863-874.
- Liu, P.; Koizuka, N.; Martin, R.; Nonogaki, H. (2005). The BME3 (Blue Micropylar End 3) GATA zinc finger transcription factor is a positive regulator of Arabidopsis seed germination. The Plant journal: for cell and molecular biology. 44(6):960-971.
- Liu, X.; Chen, C.; Wang, K.; Luo, M.; Tai, R.; Yuan, L.; Zhao, M.; Yang, S.; Tian, G.; Cui, Y.; Hsieh, H.; Wu, K. (2013). PHYTOCHROME INTERACTING FACTOR3 Associates with the Histone Deacetylase HDA15 in Repression of Chlorophyll Biosynthesis and Photosynthesis in Etiolated Arabidopsis Seedlings. The Plant cell. 25(4):1258-1273.
- Liu, X.; Zhang, H.; Zhao, Y.; Feng, Z.; Li, Q.; Yang, H.; Luan, S.; Li, J.; He, Z. (2013). Auxin controls seed dormancy through stimulation of abscisic acid signaling by inducing ARF-mediated ABI3 activation in Arabidopsis. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 110(38):15485-90.
- Liu, Y.; Geyer, R.; Brambilla, V.; Nakabayashi, K.; Soppe; W.J. (2011). Chromatin Dynamics During Seed Dormancy. Methods in Molecular Biology. 773:239-57.
- Liu, Y.; Geyer, R.; van Zanten, M.; Carles, A.; Li, Y.; Hörold, A.; van Nocker, S.; Soppe, W.J. (2011). Identification of the Arabidopsis REDUCED DORMANCY 2 gene uncovers a role for the polymerase associated factor 1 complex in seed dormancy.PloS one.6(7).
- Liu, Y.; Koornneef, M.; Soppe, W.J. (2007). The absence of histone H2B monoubiquitination in the Arabidopsis hub1 (rdo4) mutant reveals a role for chromatin remodeling in seed dormancy. The Plant cell. 19(2):433-444.
- Liu, Y.; Shi, L.; Y e, N.; Liu, R.; Jia, W.; Zhang, J. (2009). Nitric oxide-induced rapid decrease of abscisic acid concentration is required in breaking seed dormancy in Arabidopsis. New Phytol. 183:1030–1042.

- Liu, Y.; Ye, N.; Liu, R.; Chen, M.; Zhang, J. (2010). H2O2 mediates the regulation of ABA catabolism and GA biosynthesisin Arabidopsis seed dormancy and germination. Journal of experimental botany. 61(11):2979-2990.
- Loidl, P. (2004). A plant dialect of the histone language. Trends in Plant Science. 9(2):84-90.
- Long, J.A.; Ohno, C.; Smith, Z.R.; Meyerowitz, E.M.(2006). TOPLESS regulates apical embryonic fate in Arabidopsis. Science. 312(5779):1520-3.
- López-González, L. (2010). Represión floral mediada por la cromatina en *Arabidopsis thaliana*: el papel de las proteínas homólogas ebs y shl. Tesis Doctoral.
- Lopez-Molina, L.; Mongrand, S.; Chua, N. H. (2001). A postgermination developmental arrest checkpoint is mediated by abscisic acid and requires the ABI5 transcription factor in Arabidopsis. Proceedings of the National Academy of Sciences. 98(8):4782-4787.
- Lopez-Molina, L.; Mongrand, S.; McLachlin, D. T.; Chait, B. T.; Chua, N. H. (2002). ABI5 acts downstream of ABI3 to execute an ABA-dependent growth arrest during germination. Plant J. 32:317–328.
- Lu, F.; Cui, X.; Zhang, S.; Liu, C.; Cao, X. (2010). JMJ14 is an H3K4 demethylase regulating flowering time in Arabidopsis. Cell research. 20(3):387-390.
- Ma, Y.; Szostkiewicz, I.; Korte, A.; Moes, D.; Yang,Y.; Christmann,A., et al. (2009). Regulators of PP2Cphosphatase activity function as abscisic acidsensors.Science. 324:1064–1068.
- Macquet, A.; Ralet, M.C.; Oudet, O.; Kronenberger, J.; Mouille, G.; Marion-Poll, A.; et al.(2007). A naturally occurring mutation in an Arabidopsis accession affects a beta-d-galactosidase that increases the hydrophilic potential of rhamnogalacturonan in seed mucilage. Plant Cell. 19:3990-4006.
- March-Díaz, R.; Reyes, J.C. (2009). The beauty of being a variant: H2A.Z and the SWR1 complex in plants. Mol Plant. 2(4):565-77.
- Marmorstein, R.; Roth, S.Y. (2001). Histoneacetyltransferases: Function, structure, and catalysis. Curr. Opin. Genet. Dev. 11:155–161.
- Martin-Trillo, M.; Lázaro, A.; Poethig, R.S.; Gómez-Mena, C.; Piñeiro, M.A.; Martinez-Zapater, J.M.; Jarillo, J.A. (2006). EARLY IN SHORT DAYS 1 (ESD1) encodes ACTIN-RELATED PROTEIN 6 (AtARP6), a putative component of chromatin remodelling complexes that positively regulates FLC accumulation inArabidopsis.Development. 133(7):1241-52.
- Matakiadis, T.; Alboresi, A.; Jikumaru, Y.; Tatematsu, K.; Pichon, O.; Renou, J. P. et al. (2009). The Arabidopsis abscisic acid catabolic gene CYP707A2 plays a key role in nitrate control of seed dormancy. Plant Physiol. 149:949–960.
- Matilla, A.J.; Matilla-Vázquez, M.A. (2008).Involvement of ethylene in seed physiology. Plant Sci. 175(1– 2):87–97.
- Mcabee, J.M.; Hill, T.A.; Skinner, D.J.; Izhaki, A.; Hauser, B.A.; Meister, R.J.; Reddy, G.V.; Meyerowitz, E.M.; Bowman, J.L.; Gasser, C.S. (2006). ABERRANT TEST A SHAPE encodes a Kanadi family member, linking polarity determination to separation and growth of Arabidopsis ovule integuments. Plant J. 46:522-531.
- McClung, C.R. (2006). Plant circadian rhythms. Plant Cel. 18:792-803.
- Meinke, D. W.; Franzmann, L. H.; Nickle, T. C.; Yeung, E. C. (1994).Leafy cotyledon mutants of Arabidopsis. The Plant Cell Online.6(8):1049-1064.
- Mersereau, M.; Pazour, G.J., Das, A.(1990). Efficient transformation of Agrobacterium tumefaciens by electroporation. Gene. 31, 90(1):149-51.

- Michael, T.P., Breton, G., Hazen, S.P., Priest, H., Mockler, T.C., Kay,S.A., and Chory, J. (2008). morning-specific phytohormone gene expression program underlying rhythmic plant growth. PLoS Biol. 6:e225.
- Michaels, S.D.; Amasino, R.M. (2001). Loss of FLOWERING LOCUS C activity eliminates the lateflowering phenotype of FRIGIDA and autonomous pathway mutations but not responsiveness to vernalization. Plant Cell. 13:935–941.
- Millar, A.A.; Jacobsen, J.V.; Ross, J.J.; Helliwell, C.A.; Poole, A.T.; Scofield, G.; Reid, J.B.; Gubler,
 F. (2006). Seed dormancy and ABA metabolism in Arabidopsis and barley: The role of ABA' 8hydroxylase. Plant J. 45:942–954.
- Miller, T.; Krogan, N.J.; Dover, J.; Erdjument-Bromage, H.; Tempst, P.; Johnston, M.; Greenblatt, J.F.; Shilatifard. A. (2001). COMPASS: A complex of proteins associated with a trithorax-related SET domain protein. Proc Natl Acad Sci USA. 98(23):12902-7.
- Mortensen, S.A.; Grasser, K.D.(2013). The seed dormancy defect of Arabidopsis mutants lacking the transcript elongation factor TFIIS is caused by reduced expression of the DOG1 gene. FEBS Letters (online).
- Movahedi, S.; Van Bel, M.; Heyndrickx, K.S.; Vandepoele, K. (2012). Comparative co-expression analysis in plant biology. Plant Cell Environ. 35(10):1787-98.
- Müller, K.; Bouyer, D.; Schnittger, A.; Kermode, A. (2012). Evolutionarily conserved histone methylation dynamics during seed life-cycle transitions. PloS one.7(12):e51532.
- Müller, K.; Job, C.; Belghazi, M.; Job, D.; Leubner-Metzger, G. (2010).Proteomics reveal tissue-specific features of the cress (Lepidium sativum L.) endosperm cap proteome and its hormone-induced changes during seed germination.Proteomics. 10(3):406-16.
- Müller, K.; Tintelnot, S.; Leubner-Metzger, G. (2006). Endosperm-limited Brassicaceae seed germination: abscisic acid inhibits embryo-induced endosperm weakening of Lepidium sativum (cress) and endosperm rupture of cress and Arabidopsis thaliana. Plant Cell Physiol. 47:864–877.
- Murase, K.; Hirano, Y.; Sun, T.; Hakoshima, T. (2008).Gibberellin-induced DELLArecognition by the gibberellin receptor GID1.Nature. 456:459–463.
- Murashige, T.; Skoog, F. (1062). A revised medium for rapid growth and bio assays with tobacco tissue cultures. Physiologia plantarum. 15: 473-497.
- Müssig, C.; Kauschmann, A.; Clouse, S.D.; Altmann, T. (2000). The Arabidopsis PHD-finger protein SHL is required for proper development and fertility. Mol. Gen. Genet. 264(4):363-70.
- Nakabayashi, K.; Bartsch, M.; Xiang, Y.; Miatton, E.; Pellengahr, S.; Yano, R.; Mitsunori; Soppe, W.J. (2012). The time required for dormancy release in Arabidopsis is determined by DELAY OF GERMINATION1 protein levels in freshly harvested seeds. The Plant cell.24(7):2826-2838.
- Nakajima, M.; Shimada, A.; Takashi, Y.; Kim, Y. C.; Park, S. H.; Ueguchi-Tanaka, M.; Yamaguchi, I. (2006). Identification and characterization of Arabidopsis gibberellin receptors. The Plant Journal. 46(5):880-889.
- Nakamura, S.; Abe, F.; Kawahigashi, H.; Nakazono, K.; Tagiri, A.; Matsumoto, T.; Utsugi, S.; Ogawa, T.; Handa, H.; Ishida, H.; Mori, M.; Kawaura, K.; Ogihara, Y.; Miura, H. (2011). A wheat homolog of MOTHER OF FT AND TFL1 acts in the regulation of germination. The Plant cell.23(9):3215-3229.
- Nakashima, K.; Fujita, Y.; Kanamori, N.; Katagiri, T.; Umezawa, T.; Kidokoro, S.; Maruyama, K.; Yoshida, T.; Ishiyama, K.; Kobayashi, M.; Shinozaki, K.; Yamaguchi-Shinozaki, K. (2009). Three Arabidopsis SnRK2 protein kinases, SRK2D/SnRK2.2, SRK2E/SnRK2.6/OST1 and SRK2I/SnRK2.3, involved in ABA signaling are essential for the control of seed development and dormancy.Plant & cell physiology.50(7):1345-1363.
- Nambara, E.; Marion-Poll, A. (2005). Abscisic acid biosynthesis and catabolism. Annu. Rev. Plant Biol. 56:165–185.

- Nambara, E.; Naito, S.; Mccourt, P.(1992). A Mutant of Arabidopsis Which IsDefective in Seed Development and Storage Protein Accumulation Is a New Abi3 Allele. Plant J. 2:435–441.
- Nambara, E.; Okamoto, M.; Tatematsu, K.; Yano, R.; Seo, M. et al. (2010). Abscisic acid and the control of seed dormancy and germination. Seed Sci. Res. 20:55–67.

Nambara, E.; Marion-Poll, A.(2003). ABA action and interactions in seeds. Trends Plant Sci. 8(5):213-7.

- Ng, D. W.; Wang, T.; Chandrasekharan, M. B.; Aramayo, R.; Kertbundit, S.; Hall, T. C. (2007).Plant SET domain-containing proteins: structure, function and egulation. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Structure and Expression. 1769(5):316-329.
- Nguyen, T.; Keizer, P.; van Eeuwijk, F.; Smeekens, S.; Bentsink, L. (2012). Natural variation for seed longevity and seed dormancy are negatively correlated in Arabidopsis. Plant physiology. 160(4):2083-2092.
- Nikolaeva, M.G. (1969). Physiology of deep dormancy in seeds. Leningrad, Russia, Izdatel'stvo 'Nauka'. (Translated from Russian by Z. Shapiro, National Science Foundation, Washington, DC.)
- Nishimura, N.; Sarkeshik, A.; Nito, K.; Park, S. Y.; Wang, A.; Carvalho, P. C.; Schroeder, J. I. (2010). PYR/PYL/RCAR family members are major in-vivo ABI1 protein phosphatase 2C-interacting proteins in Arabidopsis. The Plant Journal. 61(2):290-299.
- Nishimura, N.; Yoshida, T.; Kitahata, N.; Asami, T.; Shinozaki, K.; Hirayama, T. (2007). ABA-Hypersensitive Germination1 encodes a protein phosphatase 2C, an essential component of abscisic acid signaling in Arabidopsis seed. The Plant Journal. 50(6):935-949.
- Nishizawa, A.; Yabuta, Y.; Yoshida, E.; Maruta, T.; Yoshimura, K.; Shigeoka, S. (2006). Arabidopsis heat shock transcription factor A2 as a key regulator in response to several types of environmental stress. Plant Journal. 48(4):535-47.
- Noh, Y.S.; Amasino, R.M. (2003).PIE1, an ISWI family gene, is required for FLC activation and floral repression in Arabidopsis.Plant Cell. 15(7):1671-82.
- Nonogaki, H.; Bassel, G. W.; Bewley, J. D. (2010). Germination—still a mystery. Plant Science. 179(6):574-581.
- North, H.; Baud, S.; Debeaujon, I.; Dubos, C.; Dubreucq, B.; Grappin, P.; Jullien, M.; Lepiniec, L.; Marion-Poll, A.; Miquel, M.; Rajjou, L.; Routaboul, J.; Caboche, M.(2010). Arabidopsis seed secrets unravelled after a decade of genetic and omics-driven research. The Plant journal: for cell and molecular biology. 61(6):971-981.
- Nothnagel, E.A. (1997). Proteoglycans and related components in plant cells. Int. Rev. Cytol. 174:195-291.
- Ogawa, M.; Hanada, A.; Yamauchi, Y.; Kuwahara, A.; Kamiya, Y.; Yamaguchi, S. (2003). Gibberellin Biosynthesis and Response during Arabidopsis Seed Germination. The Plant Cell. 15:1591–1604.
- Oh, E.; Kang, H.; Yamaguchi, S.; Park, J.; Lee, D.; Kamiya, Y.; Choi, G. (2009). Genome-wide analysis of genes targeted by PHYTOCHROME INTERACTING FACTOR 3-LIKE5 during seed germination in Arabidopsis. The Plant cell.21(2):403-419.
- Oh, E.; Kim, J.; Park, E.; Kim, J.; Kang, C.; Choi, G. (2004). PIL5, a phytochrome-interacting basic helixloop-helix protein, is a key negative regulator of seed germination in Arabidopsis thaliana. The Plant cell. 16(11):3045-3058.
- Oh, E.; Yamaguchi, S.; Hu, J.; Yusuke, J.; Jung, B.; Paik, I.; Lee, H.; Sun, T.; Kamiya, Y.; Choi, G. (2007). PIL5, a phytochrome-interacting bHLH protein, regulates gibberellin responsiveness by binding directly to the GAI and RGA promoters in Arabidopsis seeds. The Plant cell. 19(4):1192-1208.
- Oh, E.; Yamaguchi, S.; Kamiya, Y.; Bae, G.; Chung, W.; Choi, G. (2006). Light activates the degradation of PIL5 protein to promote seed germination through gibberellin in Arabidopsis. The Plant journal: for cell and molecular biology. 47(1):124-139.

- Ohgishi, M.; Saji, K.; Okada, K.; Sakai, T. (2004).Functional analysis of each bluelight receptor,cry1,cry2, phot1, and phot2, by using combinatorial multiple mutants inArabidopsis. Proc. Natl. Acad.Sci. USA. 101:2223–2228.
- Okamoto, M.; Kuwahara, A.; Seo, M.; Kushiro, T.; Asami, T.; Hirai, N.; Kamiya, Y.; Koshiba, T.; Nambara, E.(2006). CYP707A1 and CYP707A2, which encode abscisic acid 8'-hydroxylases, are indispensable for proper control of seed dormancy and germination in Arabidopsis. Plant physiology. 141(1):97-107.
- Okamoto, M.; Kuwahara, A.; Seo, M.; Kushiro, T.; Asami, T.; Hirai, N.; Kamiya, Y.; Koshiba, T.; Nambara, E. (2008). CYP707A1 and CYP707A2, Which Encode Abscisic Acid 8'-Hydroxylases, Are Indispensable for Proper Control of Seed Dormancy and Germination in Arabidopsis. Plant Physiology. 141:97–107.
- Oliverio, K.A.; Crepy, M.; Martin-Tryon, E.L.; Milich, R.; Harmer, S.L.; Putterill, J., Yanovsky, M.J.; Casal, J.J.(2007). GIGANTEA regulatesphytochromeA-mediated photomorphogenesisindependently of its role in the circadian clock. Plant Physiol. 144:495–502.
- **Olszewski,N.; Sun, T.P.; Gubler, F.** (2002). Gibberellin signaling:Biosynthesis, catabolism and response pathways.Plant Cell.14:61–80.
- Oracz, K.; Bouteau, H. E. M.; Farrant, J. M.; Cooper, K.; Belghazi, M.; Job, C.; Bailly, C. (2007). ROS production and protein oxidation as a novel mechanism for seed dormancy alleviation. The Plant Journal. 50(3):452-465.
- Page-Degivry, M. L.; Bianco, J.; Barthe, P.; Garello, G.; Lang, G. A. (1996). Changes in hormone sensitivity in relation to onset and breaking of sunflower embryo dormancy. In Plant dormancy: physiology, biochemistry and molecular biology. (pp. 221-231). CAB INTERNATIONAL.
- Papi, M.; Sabatini, S.; Bouchez, D.; Camilleri, C.; Costantino, P.; Vittorioso, P. (2000). Identification and disruption of an Arabidopsis zinc finger gene controlling seed germination. Genes Dev. 14:28–33.
- Parcy, F.; Valon, C; Raynal, M.; Gaubier-Comella, P.; Delseny, M.; Giraudat, J.(1994). Regulation of gene expression programs during Arabidopsis seed development: roles of the ABI3 locus and of endogenous abscisic acid. The Plant cell.6(11):1567-1582.
- Park, J.; Lee, N.; Kim, W.; Lim, S.; Choi, G.(2011). ABI3 and PIL5 collaboratively activate the expression of SOMNUS by directly binding to its promoter in imbibed Arabidopsis seeds. The Plant cell.23(4):1404-1415.
- Park, J.; Nguyen, K.; Park, E.; Jeon, J.; Choi, G.(2013).DELLA proteins and their interacting RING Finger proteins repress gibberellin responses by binding to the promoters of a subset of gibberellin-responsive genes in Arabidopsis.The Plant cell.25(3):927-943.
- Park, S. Y.; Fung, P.; Nishimura, N.; Jensen, D. R.; Fujii, H.; Zhao, Y.; Cutler, S. R. (2009). Abscisic acid inhibits type 2C protein phosphatases via the PYR/PYL family of START proteins. Science. 324(5930):1068-1071.
- Pavri, R.; Zhu, B.; Li, G.; Trojer, P.; Mandal, S.; Shilatifard, A.; Reinberg, D. (2006). Histone H2B monoubiquitination functional cooperatively with FACT to regulate elongation by RNA polymerase II.Cell. 125:703–717.
- Pedersen, M. T.; Helin, K. (2010). Histone demethylases in development and disease. Trends in cell biology.20(11):662-671.
- Penfield, S.; Gilday, A.; Halliday, K.; Graham, I. (2006). DELLA-mediated cotyledon expansion breaks coat-imposed seed dormancy. Current biology. 16(23):2366-2370.
- Penfield, S.; Hall, A. (2009). A role for multiple circadian clock genes in the response to signals that break seed dormancy in Arabidopsis. The Plant cell. 21(6):1722-1732.
- Penfield, S.; Josse, E.; Halliday, K. (2010). A role for an alternative splice variant of PIF6 in the control of Arabidopsis primary seed dormancy. Plant molecular biology.73(1-2):89-95.

- Penfield, S.; Josse, E.; Kannangara, R.; Gilday, A.; Halliday, K.; Graham, I. (2005). Cold and light control seed germination through the bHLH transcription factor SPATULA. Current biology. 15(22):1998-2006.
- Penfield, S.; King, J. (2009). Towards a systems biology approach to understanding seed dormancy and germination. Proceedings. Biological sciences / The Royal Society. 276(1673): 3561-3569.
- Penfield, S.; Meissner, R. C.; Shoue, D. A.; Carpita, N. C.; Bevan, M. W. (2001). MYB61 is required for mucilage deposition and extrusion in the Arabidopsis seed coat. The Plant Cell Online.13(12):2777-2791.
- Peng, J.R.; Harberd, N.P. (1997). Gibberellin deficiency and response mutations suppress the stem elongation phenotype of phytochrome-deficient mutants of Arabidopsis. Plant Physiol. 113:1051– 1058.
- Pien, S.; Fleury, D.; Mylne, J.S.; Crevillen, P.; Inze, D.; Avramova, Z.; Dean, C.; Grossniklaus, U. (2008). ARABIDOPSIS TRITHORAX1 dynamically regulates FLOWERING LOCUS C activation via histone 3lysine 4 trimethylation. Plant Cell. 20:580–588.
- Piñeiro, M.; Gómez-Mena,C.; Schaffer, R.; Martínez-Zapater, J.M.; Coupland, G. (2003).EARLY BOLTING IN SHORT DAYS Is Related to Chromatin Remodeling Factors and Regulates Flowering in Arabidopsis by Repressing FT. The Plant Cell. 15:1552–1562.
- Piskurewicz, U.; Jikumaru, Y.; Kinoshita, N.; Nambara, E.; Kamiya, Y.; Lopez-Molina, L. (2008). The gibberellic acid signaling repressor RGL2 inhibits Arabidopsis seed germination by stimulating abscisic acid synthesis and ABI5 activity. The Plant cell. 20(10):2729-2745.
- Piskurewicz, U.; Lopez-Molina, L. (2009). The GA-signaling repressor RGL3 represses testa rupture in response to changes in GA and ABA levels. Plant Signal.Behav. 4:63–65.
- Piskurewicz, U.; Turecková, V.; Lacombe, E.; Lopez-Molina, L. (2009).Far-red light inhibits germination through DELLA-dependent stimulation of ABA synthesis and ABI3 activity.The EMBO journal.28(15):2259-2271.
- Provart, N.; Zhu, T. (2003). A browser-based functional classification SuperViewer for Arabidopsis genomics. Currents in Computational Molecular Biology.271-272.
- Pysh, L.D.; Wysocka-Diller, J.; Camilleri, C.; Bouchez, d.; Benfey, P. (1999). The GRAS gene family in Arabidopsis: sequence characterization and basic expression analysis of theSCARECROW-LIKE genes. The Plant Journal.18(1):111–119.
- Raghavendra, A. S.; Gonugunta, V. K.; Christmann, A.; Grill, E. (2010). ABA perception and signalling. Trends in plant science. 15(7):395-401.
- Rajjou, L.; Gallardo, K.; Debeaujon,I.; Vandekerckhove, J.; Job, C.; Job, D. (2004). The effect of alpha-amanitin on the Arabidopsis seed proteome highlights the distinct roles of stored and neosynthesized mRNAs during germination. Plant Physiol. 134:1598–1613.
- Rajjou, L.;Duval, M.; Gallardo, K.; Catusse, J.; Bally, J.; Job, C., Job, D.(2012). Seed germination and vigor.Annu. Rev. Plant Biol. 63:507–533.
- Raz, V.; Bergervoet, J.; Koornneef, M. (2001).Sequential steps for developmental arrest in Arabidopsis seeds.Development. 128(2):243-252.
- **Recasens, J.; Conesa, J.A.** (2009). Malas hierbas en plántulas. Guías de identificación. Edicions de la Universitat de Lleida.
- Reeves, W.M.; Lynch, T.J.; Mobin, R; Finkelstein, R.R. (2011). Direct targets of the transcription factors ABA-Insensitive(ABI)4 and ABI5 reveal synergistic action by ABI4 and several bZIP ABA response factors. Plant Mol Biol. 75:347–363.
- Riechmann, J. L.; Heard, J.; Martin, G.; Reuber, L.; Keddie, J.; Adam, L.; Yu, G. L. (2000). Arabidopsis transcription factors: genome-wide comparative analysis among eukaryotes. Science. 290(5499):2105-2110.

- Roeder, A.; Yanofsky, M. (2006). Fruit development in Arabidopsis. The Arabidopsis book / American Society of Plant Biologists. 4.
- Roguev, A.; Schaft, D.; Shevchenko, A.; Pijnappel, W.W.; Wilm, M.; Aasland, R.; Stewart, A.F. (2001). The Saccharomyces cerevisiae Set1 complex includes an Ash2 homologue and methylates histone 3 lysine 4. EMBO J. 20(24):7137-48.
- Rosa, S.; De Lucia, F.; Mylne, J.S.; Zhu, D.; Ohmido, N.; Pendle, A.; Kato, N.; Shaw, P.; Dean C. (2013). Physical clustering of FLC alleles during Polycomb-mediated epigenetic silencing in vernalization. Genes Dev. 27(17):1845-50.
- Roxrud, I.; Lid, S.; Fletcher, J.; Schmidt, E.; Opsahl-Sorteberg, H. (2007). GASA4, one of the 14member Arabidopsis GASA family of small polypeptides, regulates flowering and seed development. Plant & cell physiology. 48(3):471-483.
- Ruepp, A.; Zollner, A.; Maier, D.; Albermann, K.; Hani, J.; Mokrejs, M.; Tetko, I.; Guldener, U.; Mannhaupt, G.; Münsterkötter, M.; Mewes, W. (2004). The FunCat, a functional annotation scheme for systematic classification of proteins from whole genomes.Nucleic Acids Research.32(18):5539–5545.
- Saibo; N.J.M.; Vriezen, W.H.; De Grauwe, L.; Azmi, A.; Prinsen, E., et al. (2007). Acomparative analysis of the Arabidopsis mutant amp1-1 and a novel weak amp1allele reveals new functions of the AMP1 protein. Planta 225: 831–842.
- Saito, S.; Hirai, N.; Matsumoto, C.; Ohigashi, H.; Ohta, D.; Sakata, K.; Mizutani, M. (2004). Arabidopsis CYP707As encode (+)-abscisic acid 8'-hydroxylase, a key enzyme in the oxidative catabolism of abscisic acid. Plant Physiology. 134(4):1439-1449.
- Saleh, A.; Alvarez-Venegas, R.; Yilmaz, M.; Le, O.; Hou, G.; Sadder, M.; Al-Abdallat, A.; Xia, Y.; Lu, G.; Ladunga, I.; Avramova, Z. (2008). The highly similar Arabidopsis homologs of trithorax ATX1 and ATX2 encode proteins with divergent biochemical functions. The Plant cell. 20(3):568-579.
- Sambrook, J.; Fritsch, E.F.Y.; Maniatis T. (1989). Molecular cloning: A laboratory manual. Cold Spring Harbor, NY. Cold Spring Harbor Laboratory Press.

Sampedro, J.; Cosgrove, D.J.(2005). The expansin superfamily. Genome Biol. 6(12):242.

- Sanchez, R. A.; Mella, R. A. (2004). The exit from dormancy and the induction of germination: Physiological and molecular aspects. Handbook of seed physiology. Application to agriculture. New York, NY, USA: Food Product Press and The Haworth Press, Inc, 221-243.
- Sarath,G.; Bethke,P.C.; Jones, R.; Baird, L. M.; Hou, G.; Mitchell,R.B. (2006). Nitric oxide acceleratesseedgermination in warm-seasongrasses. Planta. 223:1154–1164.
- Schmitz, R. J.; Amasino, R. M. (2007). Vernalization: a model for investigating epigenetics and eukaryotic gene regulation in plants. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Structure and Expression. 1769(5):269-275.
- Schultz, C.J.; Gilson, P.; Oxley, D.; Youl, J.; Bacic, A. (1998). GPI anchors on arabinogalactan proteins: implications for signalling in plants. Trends Plant Sci. 3, 426-431.
- Seo, M.; Nambara, E.i; Choi, G.; Yamaguchi, S. (2009).Interaction of light and hormone signals in germinating seeds.Plant molecular biology.69(4):463-472.
- Shi, H.; Ye, T.; Wang, Y.; Chan, Z. (2013). Arabidopsis ALTERED MERISTEM PROGRAM 1 negatively modulates plant responses to abscisic acid and dehydration stress. Plant physiology and biochemistry: PPB / Societe francaise de physiologie vegetale. 67C: 209-216).
- Shimada, A.; Ueguchi-Tanaka, M.; Nakatsu, T.; Nakajima, M.; Naoe, Y.; Ohmiya, H.; Kato, H.; Matsuoka, M.(2008).Structural basis for gibberellin recognition by its receptor GID1.Nature. 456:520–523.

- Shinomura, T.; Nagatani, A.; Chory, J.; Furuya, M. (1994). The induction of seed germination in Arabidopsis thaliana is regulated principally by phytochrome B and secondarily by phytochrome A. Plant Physiol. 104:363–371.
- Shpak, E.D.; Berthiaume, C.T.; Hill, E.J.; Torii, K.U. (2004) Synergistic interaction of three ERECTAfamily receptor-like kinases controls Arabidopsis organ growth and flower development by promoting cell proliferation. Development. 131:1491–1501.
- Shu, Kai; Zhang, H.; Wang, S.; Chen, M.; Wu, Y.; Tang, S.; Liu, C.; Feng, Y.; Cao, X.; Xie, Qi. (2013). ABI4 Regulates Primary Seed Dormancy by Regulating the Biogenesis of Abscisic Acid and Gibberellins in Arabidopsis.PLoS genetics.9(6).
- Silverstone, A.L.; Ciampaglio, C.N.; Sun, T-P. (1998). The Arabidopsis RGA gene encodes a transcriptional regulator repressing the gibberellin signal transduction pathway. Plant Cell. 10:155–169.
- Sirova, J.; Sedlarova, M.; Piterkova, J.; Luhova, L.; Petrivalsky,M. (2011). The role of nitricoxide in the germination of plant seeds and pollen. Plant Sci. 181:560–572.
- Smaczniak, C.; Li, N.; Boeren, S.; America, T.; van Dongen, W.; Goerdayal, S.S., de Vries, S.; Angenent, G.C.; Kaufmann, K. (2012). Proteomics-based identification of low-abundance signaling and regulatory protein complexes in native plant tissues. Nat Protoc. 7(12):2144-58.
- Smyth, D.; Bowman, J.; Meyerowitz, E. (1990). Early flower development in Arabidopsis. The Plant cell. 2(8):755-767.
- Soderman, E.M.; Brocard, I.M.; Lynch, T.J.; Finkelstein, R.R. (2000).Regulation and function of the arabidopsis ABA-insensitive4 gene inseed and abscisic acid response signaling networks. Plant Physiol. 124:1752–1765.
- Sorcheng, L.; Hui, C.; Kathryn, E. K.; Weefuen, W.; Yawen, H.; Alamgir, H.; Jane, L.; Nicholas P. H.; Jinrong, P. (2002). Gibberellin regulates Arabidopsis seed germination via RGL2, a GAI/RGAlike gene whose expression is up-regulated following imbibition. Genes & Development. 16:646– 658.
- Sridhar, V.V.; Kapoor, A.; Zhang, K.; Zhu, J.; Zhou, T.; Hasegawa, P.M.; Bressan, R.A.; Zhu, J.K. (2007). Control of DNA methylation and heterochromatic silencing by histone H2Bdeubiquitination.Nature. 447: 735–738.
- Stamm, P.; Kumar, P. P. (2010). The phytohormone signal network regulating elongation growth during shade avoidance. Journal of experimental botany. 61(11):2889-2903.
- Stamm, P.; Ravindran, P.; Mohanty, B.; Tan, E.; Yu, H.; Kumar, P. (2012). Insights into the molecular mechanism of RGL2-mediated inhibition of seed germination in Arabidopsis thaliana.BMC plant biology.12, 179.
- Stone, S.L.; Kwong, L.W.; Yee, K.M.; Pelletier, J.; Lepiniec, L.; Fischer, R.L.; Goldberg, R.B.;Harada, J.J. (2001). LEAFY COTYLEDON2 encodes a B3 domain transcription factor that induces embryo development. Proc. Natl Acad. Sci. USA. 98:11806–11811.
- Sugimoto, K.; Takeuchi, Y.; Ebana, K.; Miyao, A.; Hirochika, H.; Hara, N.; Ishiyama, K.; Kobayashi,
 M.; Ban, Y.; Hattori, T.; Yano, M. (2010). Molecular cloning of Sdr4, a regulator involved in seed dormancy and domestication ofrice. Proc. Natl.Acad.Sci. USA. 107:5792–5797.
- Sun, T. P.; Gubler, F. (2004). Molecular mechanism of gibberellin signaling in plants. Annu. Rev. Plant Biol. 55:197-223.
- Sun, T.P., Kamiya, Y. (1994). The Arabidopsis Ga1 Locus Encodes the Cyclase Ent-Kaurene Synthetase-a of Gibberellin Biosynthesis. Plant Cell 6: 1509–1518.
- Sun, W.; Bernard, C.; van de Cotte, B.; Van Montagu, M.; Verbruggen, N. (2001). At-HSP17.6A, encoding a small heat-shock protein in Arabidopsis, can enhance osmotolerance upon overexpression. Plant Journal. 27(5):407-15.

- Sun, Z.W., Allis, C.D. (2002). Ubiquitination of histone H2B regulates H3 methylation and gene silencing in yeast. Nature. 418:104–108.
- Sung, D.Y.; Vierling, E.; Guy, C.L.(2001). Comprehensive expression profile analysis of the Arabidopsis Hsp70 gene family.Plant Physiol. 126(2):789-800.
- Suzuki, M.; Latshaw, S.; Sato, Y.; Settles, A.M.; Koch, K.E.; Hannah, L.C.; Kojima, M.; Sakakibara, H.; McCarty, D.R. (2008). The maize Viviparous8 locus, encoding a putative ALTERED MERISTEM PROGRAM1-like peptidase, regulates abscisic acid accumulation and coordinates embryo and endosperm development. Plant Physiol. 146: 1193–1206.
- Swain, S.M.; Tseng, T.S.; Olszewski, N.E.(2001). Altered expression of SPINDLY affects gibberellin response and plant development.Plant Physiol. 126(3):1174-85.
- Tai, H.H.; Tai, G.C.; Beardmore, T. (2005).Dynamic histone acetylation of late embryonic genes during seed germination. Plant Mol. Biol. 59: 909–925.
- Tamada, Y.; Yun, J.; Woo, S.; Amasino, R. (2009). ARABIDOPSIS TRITHORAX-RELATED7 is required for methylation of lysine 4 of histone H3 and for transcriptional activation of FLOWERING LOCUS C.The Plant cell.21(10):3257-3269.
- Tanaka, M.; Kikuchi, A.; Kamada, H. (2008). The Arabidopsishistone deacetylases HDA6 and HDA19 contribute to the repression of embryonic properties after germination. Plant Physiol. 146:149–161.
- Tang, X.; Lim, M.; Pelletier, J.; Tang, M.; Nguyen, V.; Keller, W.; Tsang, E.; Wang, A.; Rothstein, S.; Harada, J.; Cui, Y. (2012).Synergistic repression of the embryonic programme by SET DOMAIN GROUP 8 and EMBRYONIC FLOWER 2 in Arabidopsis seedlings.Journal of experimental botany.63(3):1391-1404.
- Tariq, M.; Paszkowski, J. (2004).DNA and histone methylation in plants.TRENDS in Genetics. 20(6):244-251.
- Tessadori, F.; Driel, R.; Fransz, P. (2004).Cytogenetics as a tool to study gene regulation. Trends in plant science. 9(3):147-153.
- Thomas, S. G.; Sun, T. P. (2004). Update on gibberellin signaling. A tale of the tall and the short. Plant Physiology. 135(2):668-676.
- Thorstensen, T.; Grini, P.; Aalen, R. (2011).SET domain proteins in plant development.Biochimica et biophysica acta. 1809(8):407-420.
- Tian, L.; Chen, Z. J. (2001). Blocking histone deacetylation in Arabidopsis induces pleiotropic effects on plant gene regulation and development. Proceedings of the National Academy of Sciences. 98(1):200-205.
- Tian, L.; Fong, M.P; Wang, J.J.; Wei, N.E.; Jiang, H.; Doerge, R.W.; Chen, J.Z. (2005). Reversible histone acetylation and deacetylation mediate genome-wide, promoter-dependent and locus-specific changes in gene expression during plant development.Genetics. 169:337–345.
- Tian, L.; Wang, J.; Fong, M. P.; Chen, M.; Cao, H.; Gelvin, S. B.; Chen, Z. J. (2003). Genetic control of developmental changes induced by disruption of Arabidopsis histone deacetylase 1 (AtHD1) expression. Genetics.165(1):399-409.
- Torres-Galea, P.; Huang, L.; Chua, N.;Bolle, C. (2006). The GRAS protein SCL13 is a positive regulator of phytochrome-dependent red light signaling, but can alsomodulate phytochrome A responses. Mol Gen Genomics. 276: 13–30
- Toyomasu, T.; Kawaide, H.; Mitsuhashi, W.; Inoue, Y.; Kamiya, Y.(1998). Phytochrome regulates gibberellin biosynthesis during germination of photoblastic lettuce seeds. Plant Physiol. 118:1517–1523.

- Tyler, L.; Thomas, S.; Hu, J.; Dill, A.; Alonso, J.; Ecker, J.; Sun, T. (2004). Della proteins and gibberellin-regulated seed germination and floral development in Arabidopsis.Plant physiology.135(2):1008-1019.
- Udvardi, M.K.; Kakar, K.; Wandrey, M.; Montanari, O.; Murray, J.; Andriankaja, A.; Zhang, J.Y.; Benedito, V.; Hofer, J.M.; Chueng, F.; Town, C.D. (2007). Legume transcription factors: global regulators of plant development and response to the environment. Plant Physiol. 144(2):538-49.
- Vaistij, F.; Gan, Y.; Penfield, S.; Gilday, A.; Dave, A.; He, Z.; Josse, E.; Choi, G.; Halliday, K.; Graham, I.(2013).Differential control of seed primary dormancy in Arabidopsis ecotypes by the transcription factor SPATULA.Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.110(26):10866-10871.
- Van Hengel, A.J; Roberts, K. (2003). AtAGP30, an arabinogalactan-protein in the cell walls of the primary root, plays a role in root regeneration and seed germination. The Plant Journal. 36, 256-270
- Van Zanten, M.; Koini, M.; Geyer, R.; Liu, Y.; Brambilla, V.; Bartels, D.; Koornneef, M.; Fransz, P.; Soppe, W.J. (2011). Seed maturation in Arabidopsis thaliana is characterized by nuclear size reduction and increased chromatin condensation. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 108(50):20219-20224.
- Vanneste, S.; Friml, J. (2009). Auxin: A trigger for change in plant development. Cell. 136(6):1005–1016.
- Vethantham, V.; Yang, Y.; Bowman, C.; Asp, P.; Lee, J.; Skalnik, D.; Dynlacht, B. (2012). Dynamic loss of H2B ubiquitylation without corresponding changes in H3K4 trimethylation during myogenic differentiation.Molecular and cellular biology. 32(6):1044-1055.
- Vicente-Carbajosa, J.; Carbonero, P. (2005). Seed maturation: developing an intrusive phase to accomplish a quiescent state. Int. J. Dev. Biol. 49:645-651.
- Wang, L.; Brown, J.L.; Cao, R.; Zhang, Y.; Kassis, J.A.; Jones, R.S. (2004). Hierarchical recruitment of polycomb group silencing complexes. Mol. Cell. 14:637-646.
- Wang, M.; Heimovaara-Dijkstra, S.; Van Duijn, B. (1995). Modulation of germination of embryos isolated from dormant and nondormant barley grains by manipulation of endogenous abscisic acid. Planta.195(4):586-592.
- Wang, Z.; Cao, H.; Sun, Y.; Li, X.; Chen, F.; Carles, A.; Li, Y.; Ding, M.; Zhang, C.; Deng, X.; Soppe, W.J.; Liu, Y. (2013). Arabidopsis paired amphipathic helix proteins SNL1 and SNL2 redundantly regulate primary seed dormancy via abscisic acid-ethylene antagonism mediated by histone deacetylation. The Plant cell.25(1):149-166.
- Waterborg, J. H. (2002). Dynamics of histone acetylation in vivo.A function for acetylation turnover? Biochemistry and cell biology. 80(3):363-378.
- Weake, V.M.; Workman, J.L. (2008). Histone ubiquitination: Triggering gene activity. Mol. Cell 29: 653–663.
- Wehmeyer, N.; Hernandez, L.D.; Finkelstein, R.R.; Vierling, E. (1996). Synthesis of small heat-shock proteins is part of the developmental program of late seed maturation. Plant Physiol. 112(2):747-57.
- Wehmeyer, N.; Vierling, E. (2000). The Expression of Small Heat Shock Proteins in Seeds Responds to Discrete Developmental Signals and Suggests a General Protective Role in Desiccation Tolerance. Plant Physiol. 122(4):1099–1108.
- Weitbrecht, K.; Müller, K.; Leubner-Metzger, G. (2011). First off the mark: early seed germination.Journal of experimental botany.62(10):3289-3309.
- Western, T.; Burn, J; Tan, W; Skinner, D.; Martin-McCaffrey, L.; Moffatt, B.; Haughn, G. (2001). Isolation and characterization of mutants defective in seed coat mucilage secretory cell development in Arabidopsis.Plant physiology.127(3):998-1011.

- Western, T.L.; Young, D.S.; Dean, G.H.; Tan, W.L.; Samuels, A.L.; Haughn, G.W. (2004).MUCILAGE-MODIFIED4 encodes a putative pectin biosynthetic enzyme developmentally regulated by APETALA2, TRANSPARENT TESTA GLABRA1, and GLABRA2 in the Arabidopsis seed coat. Plant Physiol. 134(1):296-306.
- Willige, B.C.; Ghosh, S.; Nill, C.; Zourelidou, M.; Dohmann, E.M.N.; Maier, A.; Schwechheimer, C. (2007). The DELLA domain of GA INSENSITIVE mediatesthe interaction with the GA INSENSITIVE DWARF1A gibberellin receptor of Arabidopsis. Plant Cell. 19:1209–1220.
- Winkel-Shirley, B. (2002). Biosynthesis of flavonoids and effects of stress.Current opinion in plant biology. 5(3):218-223.
- Wood, A.; Krogan, N.J.; Dover, J.; Schneider, J.; Heidt, J.; Boateng, M.A.; Dean, K.; Golshani, A.; Zhang, Y.; Greenblatt, J.F.; Johnston, M.; Shilatifard, A. (2003). Bre1, an E3 ubiquitin ligase required for recruitment and substrate selection of Rad6 at a promoter. Mol. Cell. 11:267–274.
- Wu, K.; Tian, L.; Malik, K.; Brown, D.; Miki, B. (2000).Functional analysis of HD2 histone deacetylase homologues in Arabidopsis thaliana. The Plant Journal. 22(1):19-27.
- Xi, W.; Liu, C.; Hou, X.; Yu, H. (2010). MOTHER OF FT AND TFL1 regulates seed germination through a negative feedback loop modulating ABA signaling in Arabidopsis. The Plant cell. 22(6):1733-1748.
- Xu, L.; Zhao, Z.; Dong, A.; Soubigou-Taconnat, L.; Renou, J.; Steinmetz, A.; Shen, W. (2008). Di- and tri- but not monomethylation on histone H3 lysine 36 marks active transcription of genes involved in flowering time regulation and other processes in Arabidopsis thaliana.Molecular and cellular biology.28(4):1348-1360.
- Xu, L.;Ménard, R.; Berr, A.; Fuchs, J.; Cognat, V.; Meyer, D.; Shen, W. H. (2009). The E2 ubiquitin-conjugating enzymes, AtUBC1 and AtUBC2, play redundant roles and are involved in activation of FLC expression and repression of flowering in Arabidopsis thaliana. The Plant Journal. 57(2):279-288.
- Yamagishi, K.; Tatematsu, K.; Yano, R.; Preston, J.; Kitamura, S.; Takahashi, H.; McCourt, P.; Kamiya, Y.; Nambara, E. (2009). CHOTTO1, a double AP2 domain protein of Arabidopsis thaliana, regulates germination and seedling growth under excess supply of glucose and nitrate. Plant & cell physiology. 50(2):330340.
- Yamaguchi, S. (2008).Gibberellin metabolism and its regulation.Annual Review of Plant Biology. 59:225–251.
- Yamaguchi, S.; Kamiya, Y. (2000). Gibberellin biosynthesis: its regulation by endogenous and environmental signals. Plant Cell Physiol. 41(3):251-7.
- Yamauchi, Y.; Ogawa, M.; Kuwahara, A.; Hanada, A.; Kamiya, Y.;Yamaguchi,S. (2004). Activation of gibberellin biosynthesis and response pathways by low temperature during imbibition of Arabidopsis thaliana seeds. Plant Cell. 16:367–378.
- Yamauchi, Y.; Takeda-Kamiya, N.; Hanada, A.; Ogawa, M.; Kuwahara, A.; Seo, M.; Kamiya, Y.; Yamaguchi, S.(2007). Contribution of gibberellin deactivation by AtGA2ox2 to the suppression of germination of dark-imbibed Arabidopsis thaliana seeds. Plant Cell Physiol. 48:555–561.
- Yano, R.; Kanno, Y.; Jikumaru, Y.; Nakabayashi, K.; Kamiya, Y.; Nambara, E.(2009). CHOTTO1, a putative double APETALA2 repeat transcription factor, is involved in abscisic acid-mediated repression of gibberellin biosynthesis during seed germination in Arabidopsis.Plant physiology.151(2):641-654.
- Yano, R.; Takebayashi, Y.; Nambara, E.; Kamiya, Y.; Seo, M. (2013). Combining association mapping and transcriptomics identify HD2B histone deacetylase as a genetic factor associated with seed dormancy in Arabidopsis thaliana. The Plant journal: for cell and molecular biology. 74(5):815-828.
- Yun, J.; Tamada, Y.; Kang, Y.; Amasino, R. (2012). Arabidopsis trithorax-related3/SET domain GROUP2 is required for the winter-annual habit of Arabidopsis thaliana. Plant & cell physiology.53(3):834-846.

- Zentella, R.; Zhang, Z.L.; Park, M.; Thomas, S.G.; Endo, A.; Murase, K.; Fleet, C.M.; Jikumaru, Y.; Nambara, E.; Kamiya, Y.; Sun, T.P. (2007). Global analysis of della direct targets in early gibberellin signaling in Arabidopsis. Plant Cell. 19:3037–3057.
- Zhang, H.; Ogas, J. (2009). An epigenetic perspective on developmental regulation of seed genes. Molecular plant. 2(4):610-627.
- Zhang, S.; Yang, C.; Peng, J.; Sun, S.; Wang, X. (2009). GASA5, a regulator of flowering time and stem growth in Arabidopsis thaliana. Plant Mol. Biol. 69:745–759.
- Zhang, X.; Germann, S.; Blus, B. J.; Khorasanizadeh, S.; Gaudin, V.; Jacobsen, S. E.(2007). The Arabidopsis LHP1 protein colocalizes with histone H3 Lys27 trimethylation. Nature structural & molecular biology.14(9):869-871.
- Zhang, Z. L.; Ogawa, M.; Fleet, C. M.; Zentella, R.; Hu, J.; Heo, J. O.; Sun, T. P. (2011). Scarecrow-like 3 promotes gibberellin signaling by antagonizing master growth repressor DELLA in Arabidopsis. Proceedings of the National Academy of Sciences. 108(5):2160-2165.
- Zhao, Y.; Zhou, D.X.(2012). Epigenomic modification and epigenetic regulation in rice.J. Genet. Genomics. 39(7):307-15.
- Zhao, Z.; Yu, Y.; Meyer, D.; Wu, C.; Shen, W.(2005). Prevention of early flowering by expression of FLOWERING LOCUS C requires methylation of histone H3 K36. Nat. Cell Biol. 7:1256–1260.
- Zheng, B.; Chen, X.(2011).Dynamics of histone H3 lysine 27 trimethylation in plant development.Current opinion in plant biology.14(2):123-129.
- Zheng, J.; Chen, F.; Wang, Z.; Cao, H.; Li, X.; Deng, X.; Soppe, W.J; Li, Y.; Liu, Y.(2012). A novel role for histone methyltransferase KYP/SUVH4 in the control of Arabidopsis primary seed dormancy. The New phytologist. 193(3):605-616.
- Zhou, J.; Neale, J.H.; Pomper, M.G.; Kozikowski, A.P. (2005).NAAG peptidase inhibitors and their potential for diagnosis and therapy.Nat Rev Drug Discov. 4:1015–1026.
- Zhou, Y.; Tan, B.; Luo, M.; Li, Y.; Liu, C.; Chen, C.; Yu, C.; Yang, S.; Dong, S.; Ruan, J.; Yuan, L.; Zhang, Z.; Zhao, L.; Li, C.; Chen, H.; Cui, Y.; Wu, K.; Huang, S. (2013). HISTONE DEACETYLASE19 interacts with HSL1 and participates in the repression of seed maturation genes in Arabidopsis seedlings. The Plant cell.25(2):134-148.
- Zhu, B.; Zheng, Y.; Pham, A.D.; Mandal, S.S.; Erdjument-Bromage, H.; Tempst, P.; Reinberg, D. (2005). Monoubiquitination of human histone H2B: The factors involved andtheirroles in HOX gene regulation. Mol. Cell. 20:601–611.
- **Zuo, J.; Niu, Q.W.; Chua, NH.** (2000). Technical advance: An estrogen receptor-based transactivator XVE mediates highly inducible gene expression in transgenic plants. Plant J. 24(2):265-73.
- Zwieniecki, M.A.; Melcher, P.J; Michele Holbrook, N.M.(2001). Hydrogel control of xylem hydraulic resistance in plants. Science. 291(5506):1059-62.



Tabla 9. Genes desregulados en el mutante *ebs* con con valores de FC 2 y pval \leq 0,05 para los sobreexpresados y de FC \leq -2 y pval \leq 0,05 para los reprimidos.

Fold Change	pval (LiMMA)	ProbeID	Transcript ID	Gene Symbol Gene Description
11,92	0,00026324	260859_at	At1g43780	scpl44 scpl44 (serine carboxypeptidase-like 44); serine-type carboxypeptidase
9,63	0,00088364	259009_at 251372_at	At3g09260	PYK10 PYK10; beta-glucosidase/ copper ion binding / fucosidase/ hydrolase
8,11	0,00303172	260130_s_at	At1g66280	BGLU21 BGLU21; catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
8,08	0,00031408	259382_s_at	At3g16430	JAL31 JAL31 (JACALIN-RELATED LECTIN 31); copper ion binding
7,45	0,00509622	260221_at	At1g74670	GAST1-like protein similar to GAST1 protein precursor
6.72	0.00096234	245688_at 259878_at	At1g28290 At1g76790	AGP31 AGP31 (arabinogalactan-protein 31) [Vanilla planifolia]:supported by full-length cDNA: Ceres:9016.
6,29	0,00014945	257673_at	At3g20370	unknown protein
5,87	0,00000525	248912_at	At5g45670	GDSL-motif lipase/hydrolase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:18389.
5,7	0,00000208	263016_at	At1g23410	ubiquitin extension protein, putative similar to ubiquitin extension protein (UBQ5)
5,64	0,01422715	254791 at	At/19/0410 At/4912910	scpl20 scpl20 (serine carboxypeptidase-like 20); serine-type carboxypeptidase
5,55	0,0080322	250780_at	At5g05290	ATEXPA2 ATEXPA2 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A2)
5,52	0,0003187	261826_at	At1g11580	PMEPCRA PMEPCRA (METHYLESTERASE PCR A); enzyme inhibitor/ pectinesterase
5,41	0,00001261	262875_at 257809_at	At1g64970 At3g27060	G-IMT G-IMT (GAMMA-LOCOPHEROL METHYLTRANSFERASE)
5,08	0,00000272	264262_at	At1g09200	Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 10388.
4,8	0,00547824	247210_at	At5g65020	ANNAT2 ANNAT2 (Annexin Arabidopsis 2); calcium ion binding
4,75	0,00055886	262181_at	At1g78060	xylosidase, putative similar to xylosidase GI:2102655 from [Aspergillus niger]
4,60	0.00073211	267158_at 256589_at	At2g37640 At3g28740	EXP3 EXP3 CYP81D1 CYP81D1: electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase
4,54	0,0043591	246250_at	At4g36880	CP1 CP1 (CYSTEINE PROTEINASE1); cysteine-type endopeptidase/ cysteine-type peptidase
4,53	0,00048409	263404_s_at	At2g04100	hypothetical protein similar to hypothetical protein GB:AAC27412
4,5	0,00066168	250214_at	At5g13870	EXGT-A4 EXGT-A4 (ENDOXYLOGLUCAN TRANSFERASE A4); hydrolase
4,44	0,00002258	203431_at 248427 at	At5q51750	ATSBT1.3 (ARABIDOPSIS THALIANA SUBTILASE 1.3); identical protein binding
4,36	0,00008241	257197_at	At3g23800	SBP3 SBP3 (selenium-binding protein 3); selenium binding
4,34	0,00128572	247097_at	At5g66460	mannan endo-1,4-beta-mannosidase
4,34	0,0154998	253534_at	At4g31500	CYP83B1 CYP83B1 (CYTOCHROME P450 MONOOXYGENASE 83B1); oxidoreductase,
4,32	0,00235212	202733_s_at 249817 at	At5q23820	putative protein similar to unknown protein (pir T00970)
4,16	0,00088876	262230_at	At1g68560	XYL1 (ALPHA-XYLOSIDASE 1); alpha-N-arabinofuranosidase/ hydrolase
4,03	0,00015892	255666_at	At4g00390	putative protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:157614.
4,02	0,03226489	246855_at	At5g26280	putative protein various predicted proteins, Arabidopsis thaliana
3,97	0,00060702	266588_at	At2g14890	AGP9 AGP9 (ARABINOGALACTAN PROTEIN 9)
3,91	0,00001497	261080_at	At1g07370	PCNA1 (PROLIFERATING CELLULAR NUCLEAR ANTIGEN); DNA binding
3,87	0,00280291	257798_at	At3g15950	NAI2 NAI2
3,84	0.00045116	263153_s_at 253947 at	At1g54010 At4g26760	myrosinase-associated protein MAP65-2 MAP65-2
3,79	0,00202232	258369_at	At3g14310	ATPME3 ATPME3; pectinesterase
3,71	0,00004857	247136_at	At5g66170	senescence-associated protein
3,71	0,00001283	263730_at	At1g60090	BGLU4 (BETA GLUCOSIDASE 4); catalytic/ cation binding / hydrolase
3,62	0,0012924	262958_at	At1g54410	water stress-induced protein, putative similar to water stress-induced protein
3,61	0,00037827	256125_at	At1g18250	ATLP-1 ATLP-1
3,59	0,00138915	256302_at	At1g69526	Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 33120.
3,55	0.00056201	249121_at 253255_at	At5g43830 At4g34760	aluminum-induced protein-like; supported by full-length CDINA: Ceres: 12484.
3,45	0,01117477	265990_at	At2g24280	putative prolylcarboxypeptidase
3,43	0,00424798	259935_at	At1g71250	putative GDSL-motif lipase/acylhydrolase
3,41	0,00223127	248551_at	At5g50200	WR3 WR3 (WOUND-RESPONSIVE 3); nitrate transmembrane transporter
3,38	0,00000084	247346_at 264774 at	At1g22890	unknown protein
3,35	0,03254712	249495_at	At5g39100	GLP6 GLP6 (GERMIN-LIKE PROTEIN 6); manganese ion binding / nutrient reservoir
3,35	0,000401	261129_at	At1g04820	TUA4 TUA4; structural constituent of cytoskeleton
3,33	0,00040398	261745_at	At1g08500	unknown protein schl35 schl35 (serine carbovonentidase-like 35); serine-type carbovonentidase
3,23	0,00002969	246585_at	At5g14750	ATMYB66 (MYB DOMAIN PROTEIN 66); DNA binding / protein binding / transcription factor
3,19	0,04220432		At5g01040	LAC8 LAC8 (laccase 8); laccase
3,16	0,00333928	253600_at	At4g30810	scpl29 scpl29 (serine carboxypeptidase-like 29); serine-type carboxypeptidase
3,15	0,00337624	245270_at 257574_at	At4g14960 At3g20710	IUA6; IUA6; structural constituent of cytoskeleton
3,06	0,00077438	256970_at	At3g21090	ABC transporter
3,06	0,00021832	258857_at	At3g02110	scpl25 scpl25 (serine carboxypeptidase-like 25); serine-type carboxypeptidase
3,05	0,00104462	263426_at	At2g31570	ATGPX2 ATGPX2 (GLUTATHIONE PEROXIDASE 2); glutathione peroxidase
3,03	0,00253266	260568 at	At1g07890 At2a43570	endochitinase isolog
2,98	0,01844124	260097_at	At1g73220	AtOCT1 (Arabidopsis thaliana ORGANIC CATION/CARNITINE TRANSPORTER1)
2,97	0,00003417	247988_at	At5g56910	putative protein similar to unknown protein (pir C71422)
2,97	0,00092128	259384_at	At3g16450	putative lectin contains Pfam profile: PF01419 jacalin-like lectin domain
2,95	0,00026874	204087_at 256597 at	At 1g23120 At 3g28500	anknown protein similar to ripering-mouced protein, gppsu001449/2465015 and major latex protein acidic ribosomal protein P2b (rpp2b)
2,91	0,00907411	245325_at	At4g14130	XTR7 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLYCOSYLASE 7); hydrolase, acting on glycosyl bonds
2,91	0,00071195	246184_at	At5g20950	beta-D-glucan exohydrolase - like protein beta-D-glucan exohydrolase, Nicotiana tabacum
2,91	0,00288347	260914_at	At1g02640	BXL2 BXL2 (BETA-XYLOSIDASE 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
2,9	0,00013395	253421_at	At4g32340	putative protein predicted proteins, Arabidopsis thaliana

2.0	0.00264576	267259 ot	A+2~20800	PPOT4 (PPOLINE TRANSPORTER 1): L proline transmembrane transporter
2,9	0,00204576	207330_at	Alzy39690	PROTI (PROLINE TRANSPORTER I), E-prome transmembrane transporter
2,88	0,0000936	249055_at	At5g44460	calmodulin-like protein
2,88	0,00003818	251919_at	At3g53800	putative protein Hsp70 binding protein
2.88	0.00114669	261023 at	At1g12200	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF34848 GI:6997186 from [Arabidopsis thaliana]
2,00	0.00208045	260272 of	A+1g72120	L humathetical protein predicted by coopfinder
2,00	0,00398045	202373_al	ALIG/3120	Typothetical protein predicted by generinden
2,86	0,00440003	256832_at	At3g22880	DMC1 (DISRUPTION OF MEIOTIC CONTROL 1); ATP binding / DNA binding
2,86	0,00627602	266865_at	At2g29980	FAD3 FAD3 (FATTY ACID DESATURASE 3); omega-3 fatty acid desaturase
2.85	0.00078213	250752 at	At5a05690	CPD (CONSTITUTIVE PHOTOMORPHOGENIC DWARF); electron carrier/ heme binding
2.85	0.00260971	251065 at	At5g01870	Linid-transfer protein-like linid-transfer protein - Nicotiana glauca EMBI -AE151214
2,00	0,00200071	201000_01	A10. 10570	inde danse process me inde danse process for a state of the state of t
2,84	0,00004976	263496_at	At2g42570	Unknown protein ', supported by full-length cDNA: Ceres: 17752.
2,82	0,0012402	245612_at	At4g14440	HCD1 (3-HYDROXYACYL-COA DEHYDRATASE 1); carnitine racemase/ catalytic
2,81	0,00023271	266928_at	At2g45790	PMM PMM (PHOSPHOMANNOMUTASE); phosphomannomutase
2.79	0.00008269	246550 at	At5a14920	putative protein predicted protein. Arabidopsis thaliana
2 70	0.00012313	248610 at	At5g/0630	AAR6 (MINO ACID DEDMEASE 6); solidis amino acid transmombrane transporter
2,75	0,00012313	240019_di	Al3943030	
2,77	0,00005343	253008_at	At4g38210	ATEXPA20 ATEXPA20 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A20)
2,74	0,0000461	263741_at	At2g20620	hypothetical protein predicted by genscan
2,74	0,00058329	266421_at	At2g38540	LP1 LP1; calmodulin binding
2.73	0.00008276	266426 x at	At2a07140	I hypothetical protein predicted by genscan and genefinder
2 72	0.00006588	262539 at	At1a17200	unknown protein Location of est 136A23T7 (dblT45563)
0.74	0,00000000	202000_ut	Att = 17010	
2,71	0,00259035	260506_at	AL1947210	CrCA3/2 Cyclin ramily protein
2,7	0,01831317	249895_at	At5g22500	FAR1 (FATTY ACID REDUCTASE 1); fatty acyl-CoA reductase (alcohol-forming)/ oxidoreductase
2,7	0,0000855	257938_at	At3g19820	DWF1 DWF1 (DWARF 1); calmodulin binding / catalytic
2,69	0,00343151	247191_at	At5g65310	ATHB5 (ARABIDOPSIS THALIANA HOMEOBOX PROTEIN 5); transcription factor
2.69	0,00311517	252348 at	At3a48140	B12D-like protein B12D protein - Hordeum vulgare.PIR2:S60284
2.68	0.00010192	264462 at	At1a10200	WI IM1 WI IM1: transcription factor/ zinc ion binding
2,00	0,00010102	2011102_dl	A40:00570	DOMAG /DDOLLEEDATING CELL NUCLEAD ANTICENCO, DNA 15 Pro
2,68	0,0005904	266297_at	At2g29570	PONAZ (PROLIFERATING GELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding
2,68	0,02332274	267154_at	At2g30870	GSTF10 (HALIANA GLUTATHIONE S-TRANSFERASE PHI 10); glutathione binding
2,67	0,00377663	246098_at	At5g20400	ethylene-forming-enzyme-like dioxygenase-like protein ethylene-forming-enzyme-like dioxygenase
2.65	0,00022536	261639 at	At1a50010	TUA2 TUA2; structural constituent of cytoskeleton
2.6	0.00120401	26/260 at	At1c00210	CRT2 calraticulin 2 (CRT2)
2,0	0,00120491	204200_at	ALIGU9210	
2,59	0,00032262	247600_at	At5g60890	MYB34 (MYB DOMAIN PROTEIN 34); DNA binding / kinase/ transcription activator
2,58	0,0012753	265374_at	At2g06520	PSBX PSBX (photosystem II subunit X)
2,57	0,03937868	253073_at	At4g37410	CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding
2.57	0.0115316	255578 at	At4q01450	predicted protein of unknown function
2.56	0.04764649	246825 at	At5g26260	Latitus protein various predicted proteins. Arabidopsis thaliana
2,50	0,04704049	240025_di	Allg20200	Potente protein various predicted proteins, Arabidopsis trialiana
2,56	0,00008443	255590_at	At4g01610	cathepsin B-like cysteine protease
2,55	0,01505912	262784_at	At1g10760	SEX1 SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase
2,54	0,00017525	261368_at	At1g53070	protein kinase, putative similar to many predicted protein kinases
2.54	0.00020279	263373 at	At2g20515	Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 24343.
2,52	0.00055902	252622 of	At2g45210	
2,53	0,00055893	252622_at	Al3g45310	cysteme proteinase AALP
2,52	0,00885676	260986_at	At1g53580	GLY3 GLY3 (GLYOXALASE II 3); hydrolase/ hydroxyacylglutathione hydrolase
2,51	0,00119996	266229_at	At2g28840	putative RING zinc finger ankyrin protein
2,5	0,00077264	259366_at	At1g13280	AOC4 AOC4 (ALLENE OXIDE CYCLASE 4); allene-oxide cyclase
2 48	0.00641736	267266 at	At2g23150	NRAMP3 (NATURAL RESISTANCE-ASSOCIATED MACROPHAGE PROTEIN 3)
2,10	0.02244020	247027_ct	A+Eg67070	An in a contract and the set of t
2,47	0,02244929	247037_at	Al3967070	RALFL34 RALFL34 (infinite 34), signal transouce
2,47	0,00080043	262826_at	At1g13080	CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ iron ion binding / monooxygenase
2,45	0,00911874	250496_at	At5g09650	AtPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase
2,45	0,00060167	260528_at	At2g47260	WRKY23 WRKY23; transcription factor
2.45	0.0021448	266119 at	At2g02100	LCR69 LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69): peptidase inhibitor
2.43	0.0004969	245401 at	At/g17670	- Legenerance-associated protein-related
2,43	0,0004909	240401_dt	Al4g17070	
2,43	0,00002981	261831_at	At1g10630	ATARFATE (ARABIDOPSIS THALIANA ADP-RIBOSYLATION FACTOR ATF); GTP binding
2,42	0,00002444	247192_at	At5g65360	histone H3 (sp P05203) ; supported by cDNA: gi_13926210_gb_AF370577.1_AF370577
2,42	0,01218698	253608_at	At4g30290	XTH19 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLUCOSYLASE/HYDROLASE 19); hydrolase
2,42	0,00570764	262575 at	At1g15210	PDR7 (PLEIOTROPIC DRUG RESISTANCE 7); ATPase
2 42	0.01133976	266070 at	At2n18660	EXLB3 EXLB3 (EXPANSIN-LIKE B3 PRECURSOR)
2,72	0.02074742	255070_4	At2=40640	
2,41	0,036/4/43	200622_at	At2940610	ATEARAO ATEARAO (AKADIDUROIO TITALIANA EARANOIN AO)
2,41	0,01382747	264052_at	At2g22330	CYP/9B3; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding
2,4	0,00237226	255479_at	At4g02380	SAG21 SAG21 (SENESCENCE-ASSOCIATED GENE 21)
2,39	0,00117672	248614_at	At5g49560	putative protein similar to unknown protein (pir T08406)
2,39	0.00225839	250000 at	At5q18650	putative protein PGPD14 - Petunia x hybrida, EMBL:AF049930
2,00	0.00063477	250131 at	At3q02180	SP113 SP113 (SPIRAL 1-1 IKE3)
2,57	0.00450110	203101_dl	ALE=00050	
2,30	0,00453112	∠4/450_at	At5g62350	I npening-related protein - like ripening-related protein, vitis vinifera, EMBL:VVI23/985
2,35	0,00056628	248419_at	At5g51550	EXL3 EXL3 (EXORDIUM LIKE 3)
2,34	0,00221478	251846_at	At3g54560	HTA11 HTA11; DNA binding
2,33	0,00889753	250992 at	At5g02260	ATEXPA9 ATEXPA9 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A9)
2.32	0.00241989	246831 at	At5a26340	MSS1: carbohydrate transmembrane transporter/ hexose:hydrogen symporter
2,02	0.00072000	254700	At/a12000	
2,32	A REAL PROPERTY OF MADE			Lorde copper-binding protein, rore (ramin), supported by full-length CDIVA: Ceres:41510.
2,31	0,00010000	234769_at	A14912000	
	0,01496973	252024_at	At3g52880	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative
2,31	0,01496973 0,00115153	252024_at 257911_at	At3g52880 At3g25530	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase
2,31 2,31	0,01496973 0,00115153 0,00391013	252024_at 257911_at 261330_at	At3g52880 At3g25530 At1g44900	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase
2,31 2,31 2,3	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0.01227593	252024_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at	At3g52880 At3g25530 At1g44900 At5g20250	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDI/CIBLE 10); bydrolase, bydrolyzing O-chycosyl compounds
2,31 2,31 2,3	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593	254765_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at	At3g52880 At3g52880 At3g25530 At1g44900 At5g20250	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds Livencown protein, supported by fullworth cDN2 (Corce: 777)
2,31 2,31 2,3 2,3	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,03133619	254763_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 258641_at	Atig12000 Atig52880 Atig25530 At1g44900 At5g20250 Atig08030 Atig08030	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:27471.
2,31 2,31 2,3 2,3 2,29	0,001496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,03133619 0,00398405	254759_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 258641_at 267175_s_at	At3q52880 At3q52880 At3q25530 At1g44900 At5q20250 At3q08030 At2q37620	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing 0-glycosyl compounds unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton
2,31 2,31 2,3 2,3 2,29 2,28	0,0033003 0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,03133619 0,00398405 0,01154683	252024_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 268641_at 268641_at 267175_s_at 245944_at	Attg12000 Att3g52880 Att3g25530 Att1g44900 Att5g20250 Att3g08030 Att2g37620 Att5g19520	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9)
2,31 2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,03133619 0,00398405 0,01154683 0,00176067	204769_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 258641_at 267175_s_at 245944_at 250455_at	At3g52880 At3g52880 At3g25530 At1g44900 At5g20250 At3g08030 At2g37620 At5g19520 At5g09980	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor)
2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,28	0,001496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,03133619 0,00398405 0,01154683 0,00176067 0,00207233	204769_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 267175_s_at 245944_at 250455_at 250455_at 258151_at	Attgr22000 Attgr22000 Attgr22000 Attgr20250 Attgr20250 Attgr20250 Attgr2020 Attgr2020 Attgr2020 Attgr2020 Attgr2020 Attgr2020	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amvadalin beta-glucosirtase
2,31 2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,28 2,28	0,001496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,03133619 0,00398405 0,01154683 0,00176067 0,00207233	204765_at 252024 at 257911_at 261330_at 246114_at 268641_at 267175_s_at 245944_at 250455_at 250455_at 250151_at 252184_at	At3g52880 At3g52830 At1g425530 At1g44900 At5g20250 At3g08030 At2g37620 At5g19520 At5g19520 At5g09880 At3g18080 At3g18080	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWE4 DWE4 (DWARE 4): steroid 22-alpha bydroxydase
2,31 2,3 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,28 2,28 2,27	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,0313619 0,00398405 0,01154683 0,00176067 0,00207233 0,00133523	204705_at 252024 at 257911_at 261330_at 246114_at 267175_s_at 245944_at 250455_at 258151_at 252184_at	At3g5280 At3g5280 At3g52530 At1g44900 At5g20250 At3g08030 At2g37620 At5g19520 At5g09980 At3g18080 At3g50660	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWF4 DWR4 (DWARF 4); steroid 22-alpha hydroxylase
2,31 2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,28 2,28 2,27 2,27	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,03133619 0,00398405 0,01154683 0,00176067 0,00207233 0,0013523 0,00114553	254763_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 256641_at 256641_at 256455_at 250455_at 255151_at 252184_at 252184_at 2524201_at	At3g52880 At3g52830 At1g44900 At5g20250 At3g08030 At2g37620 At5g19520 At5g19520 At3g18080 At3g18080 At3g50660 At4g24130	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWF4 DWF4 (DWARF 4); steroid 22-alpha hydroxylase putative protein predicted proteins
2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,28 2,27 2,27 2,27	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,0313619 0,00398405 0,01154683 0,00176067 0,00207233 0,0013523 0,00114553 0,00129354	259705_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 258641_at 267775_s_at 245944_at 250455_at 250151_at 252184_at 252184_at 252420_at	At3q52880 At3q52880 At3q5280 At1q44900 At5q20250 At3q08030 At3q37620 At5q19520 At5q19520 At5q9980 At3q50860 At3q50660 At4q24130 At3q16560	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing 0-glycosyl compounds unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWF4 DWF4 (DWARF 4); steroid 22-alpha hydroxylase putative protein protein contains protein phosphatase 2C domain
2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,28 2,27 2,27 2,27 2,27	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,0313619 0,00398405 0,01154683 0,00176067 0,00207233 0,0013523 0,00114553 0,001129354 0,00305163	254705_at 2527024_at 257911_at 261330_at 246114_at 26641_at 267175_s_at 245944_at 250455_at 255154_at 255164_at 2554201_at 255437_at 266461_at	Attagt2880 Attag52880 Attag52830 Attag4900 Attsg20250 Attag0830 Attag97620 Attsg19520 Attsg19520 Attsg19520 Attag19800 Attag19800 Attag16560 Attag10960	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWF4 DWF4 (DWARF 4); steroid 22-alpha hydroxylase unknown protein ontains protein phosphatase 2C domain ATFD1 (FERREDOXIN 1); 2 iron, 2 sulfur cluster binding / electron carrier
2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,27 2,27 2,27 2,27 2,27	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,003133619 0,00398405 0,001154683 0,00176067 0,00207233 0,00113523 0,00113523 0,00129354 0,00029523	254763_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 258641_at 267775_at 258641_at 259455_at 259455_at 259455_at 259455_at 259451_at 2594201_at 2594201_at 26437_at 266333_s_at	Attagt2200 Attagt2880 Attagt28530 Attg44900 Attsg20250 Attagt98030 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9800 Attagt8080 Attagt660 Attagt680	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-głycosyl compounds unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWF4 DWF4 (DWARF 4); steroid 22-alpha hydroxylase unknown protein contains protein phosphatase 2C domain ATFD1 (FERREDOXIN 1); 2 uron, 2 sulfur cluster binding / electron carrier PIP2;8 PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel
2,31 2,31 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,28 2,28 2,27 2,27 2,27	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,0313619 0,00398405 0,01154683 0,00176067 0,00207233 0,0013523 0,00114553 0,00129354 0,00305163 0,0000523	2094705_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 258641_at 267175_s_at 245944_at 250455_at 255151_at 255184_at 255201_at 255201_at 255201_at 256481_at 2566481_at 2566481_at	At3q52880 At3q52880 At3q52880 At3q25530 At1q44900 At3q08030 At3q08030 At3q37620 At5q19520 At5q09980 At3q50660 At3q50660 At4q24130 At3q16560 At1q10960 At1q10960 At4q24130	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing 0-glycosyl compounds unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWF4 DWF4 (DWARF 4); steroid 22-alpha hydroxylase unknown protein contains protein phosphatase 2C domain ATFD1 (FERREDOXIN 1); 2 iron, 2 sulfur cluster binding / electron carrier PIP2,8 PIASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 28); water channel (B LI (B 11 (GLNB1 HOMOLOG): acetality finance regulatore
2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,28 2,27 2,27 2,27 2,27	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,0313619 0,00398405 0,01154683 0,00176067 0,00207233 0,0013523 0,00114553 0,00129354 0,00305163 0,0026123 0,0024173 0,0024173	254703_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 261755_at 245944_at 250455_at 255154_at 255164_at 2554201_at 256437_at 266633_s_at 266533_s_at 265558_at	Attagt2800 Attagt2880 Attagt2530 Attg44900 Att5g20250 Att3g08030 Att2g37620 Att5g09980 Att3g19520 Att5g09980 Att3g19660 Att3g16560 Att4g24130 Att3g16560 Att4g01900 Att2g16850 Att4g01906	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWF4 (DWARF 4); steroid 22-alpha hydroxylase putative protein predicted proteins unknown protein contains protein phosphatase 2C domain ATFD1 (FERREDOXIN 1); 2 iron, 2 sulfur cluster binding / electron carrier PIP2;8 PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel GLB1 GLB1 (GLNB1 HOMOLOG); acetylglutamate kinase regulator
2,31 2,3 2,3 2,29 2,28 2,28 2,28 2,27 2,27 2,27 2,27 2,27	0,01496973 0,00115153 0,00391013 0,01227593 0,03133619 0,00398405 0,001154683 0,00176067 0,00207233 0,00133523 0,00113523 0,00129354 0,00129354 0,00080523 0,0024173 0,00207758	254763_at 252024_at 257911_at 261330_at 246114_at 258641_at 245944_at 250455_at 250455_at 252184_at 252184_at 2524201_at 256433_at 266431_at 265558_at 266533_s_at	Attagt2880 Attagt2880 Attagt28530 Attg44900 At5g20250 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt9520 Attagt6850 Attagt6850 Attag1990 Attagt01900 Attag02130	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative GLYR1 (GLYOXYLATE REDUCTASE 1); 3-hydroxybutyrate dehydrogenase MCM2 ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase DIN10 DIN10 (DARK INDUCIBLE 10); hydrolase, hydrolyzing O-głycosyl compounds unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:27471. ACT1 ACT1 (ACTIN 1); structural constituent of cytoskeleton MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9) PROPEP4 PROPEP4 (Elicitor peptide 4 precursor) BGLU44 (B-S GLUCCSIDASE 44); (R)-amygdalin beta-glucosidase DWF4 DWF4 (DWARF 4); steroid 22-alpha hydroxylase unknown protein contains protein phosphatase 2C domain ATFD1 (FERREDOXIN 1); 2 uing, 2 sulfur cluster binding / electron carrier PIP2;8 PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel GLB1 GLB1 (GLNB1 HOMOLOG); acetylglutamate kinase regulator LCR68 LCR68 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 68); peptidase inhibitor

2,25	0,00902217	252927_at	At4g39090	RD19 (RESPONSIVE TO DEHYDRATION 19); cysteine-type endopeptidase
2,25	0,00017067	256744 at	At3q29350	AHP2 (HISTIDINE-CONTAINING PHOSPHOTRANSMITTER 2); protein binding
2.24	0.00090375	246784 at	At5a27430	I signal pentidase - supported by cDNA: oi 3044217, ob AE057144 1 AE057144
2,21	0,00040700	200001 at	At0=20040	
2,24	0,00012728	263264_al	ALZG36610	n 1 A6 (n 1 A 6 (n 1 S 1 ONE n 2 A 6); DNA binding
2,22	0,0025168	249049_at	At5g44340	TUB4 TUB4; structural constituent of cytoskeleton
2,22	0,00290208	250366_at	At5g11420	putative protein predicted proteins in castor bean, Arabidopsis thaliana and alfalfa
2,22	0,00207353	252316 at	At3q48700	ATCXE13 ATCXE13 (ARABIDOPSIS THALIANA CARBOXYESTERASE 13); hydrolase
2.22	0.02098198	263758 s at	At2g21260	M6PR mannose 6-phosphate reductase (NADPH-dependent) putative
2,22	0,02000100	200700_0_4t	AtE = E 4070	
2,21	0,00132797	246139_at	Albg54970	putative protein similar to unknown protein (pir) 104619)
2,21	0,00188768	249775_at	At5g24160	SQE6 SQE6 (SQUALENE MONOXYGENASE 6); FAD binding / oxidoreductase
2,21	0,00006257	266838_at	At2g25980	similar to jasmonate-inducible proteins from Brassica napus
2,2	0,00136739	248511 at	At5q50375	CPI1 CPI1 (CYCLOPROPYL ISOMERASE); cycloeucalenol cycloisomerase
22	0.01496084	258750 at	At3d05910	Loutative pertinanetylesterase similar to CR:CAA67728 from [Vigna radiata]
2,2	0,01430004	200700_01	AU5 - 40000	parative pedinacelytesterase similar to GE-O/V67/2010/in [Nght haida]
2,19	0,00577445	249147_at	At5g43330	Cytosolic malate denydrogenase ;supported by full-length CDINA: Ceres:40174.
2,18	0,00002373	247651_at	At5g59870	HTA6 HTA6; DNA binding
2,18	0,00270049	264590_at	At2g17710	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:1011.
2.17	0.00095663	250208 at	At5g14000	anac084 anac084 (Arabidopsis NAC domain containing protein 84): transcription factor
2,17	0.02910620	252022 of	A+2=E2020	
2,17	0,03610039	232022_di	Al3g52930	nuclose displosphate adolase - like protein nuclose displosphate adolase, garden pea
2,17	0,01520281	260274_at	At1g80460	NHO1 NHO1 (nonhost resistance to P. s. phaseolicola 1); carbohydrate kinase/ glycerol kinase
2,17	0,00037026	261912_s_at	At1g66000	unknown protein
2,16	0,01708161	247627_at	At5g60360	AALP AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase
2.16	0.00964544	253437 at	At4q32460	putative protein mRNAs from Ricinus communis and Medicago sativa. Z81012 and L36159
2,16	0.00270700	257674 of	A+2g20200	I translational inhibitor protein, putative similar to CP:ND, 005927 from [Jama appian]
2,10	0,00270799	237074_at	Al3y20390	transrational initiation protein, potative similar to Gb.IVF_000627 from [Homo sapiens]
2,16	0,00296285	263896_at	At2g21930	nypotnetical protein predicted by genscan
2,15	0,00629003	253609_at	At4g30190	AHA2 AHA2; ATPase/ hydrogen-exporting ATPase, phosphorylative mechanism
2,15	0,0059714	264204_at	At1g22710	SUC2 (SUCROSE-PROTON SYMPORTER 2); carbohydrate transmembrane transporter
2.15	0.00000963	267349 at	At2a40010	I 60S acidic ribosomal protein P0
2,10	0.00200205	246494+	AtE a1 5000	
2,13	0,00380225	∠40401_S_at	Alog 15960	
2,13	0,0044381	250125_at	At5g16390	CAC1 (CHLOROPLASTIC ACETYLCOENZYME A CARBOXYLASE 1); acetyl-CoA carboxylase
2,12	0,00463439	258368_at	At3g14240	subtilisin-like serine protease
2,12	0,01790374	262749 at	At1g28580	lipase, putative contains Pfam profile: PF00657 Lipase/Acylhydrolase with GDSL-like motif
2 11	0.00653096	245044 at	At2a26500	petM cytochrome b6f complex subunit (petM), putative
2,11	0,00000000	2450044 _dl	Attaco 110	bunchatical control of complex subcarte (pow), putative
2,11	0,00481165	245388_at	At4g16410	hypothetical protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:2505.
2,11	0,00116724	251109_at	At5g01600	FER1 ATFER1; ferric iron binding / iron ion binding
2,11	0,00747259	254110_at	At4g25260	putative protein pectinesterase - Citrus sinensis, PID:g2098705
2.11	0.01336082	254971 at	At4q10380	NIP5:1 NIP5:1: arsenite transmembrane transporter/ boron transporter/ water channel
2,1	0.00707078	250274 ot	A+Eq11E20	ENELLENEL (instruction forum 1) transportation conjunctor, which channels
2,1	0,00797978	250374_at	Albg11530	EMFT EMFT (emplyonic nower 1); transcription regulator
2,1	0,03705063	266166_at	At2g28080	putative glucosyltransferase ; supported by full-length cDNA: Ceres: 13761.
2,09	0,01659326	256516_at	At1g66150	TMK1 (TRANSMEMBRANE KINASE 1); transmembrane receptor protein serine/threonine kinase
2,09	0,02682237	258276 at	At3q15710	putative signal peptidase 21kDa subunit
2.00	0.00266828	259613 at	At3c02870	VTC/1: 2(2) 5-bischorschate publicitidase/L-galactose-1-phosphate phosphatese
2,00	0,00200020	200010_01	Aug 17000	
2,09	0,00066447	259616_at	At1g47960	C/VIF1 (CELL WALL / VACUOLAR INHIBITOR OF FRUCTOSIDASE 1); enzyme inhibitor
2,09	0,00243889	260884_at	At1g29240	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09	0,00243889 0,00551615	260884_at 264217_at	At1g29240 At1g60190	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm
2,09 2,09 2,09	0,00243889 0,00551615 0,00060345	260884_at 264217_at 265998 at	At1g29240 At1g60190 At2g24270	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3: 3-chloroallvl aldehvde dehvdrogenase/ glvceraldehvde-3-phosohate dehvdrogenase
2,09 2,09 2,09 2,09	0,00243889 0,00551615 0,00060345	260884_at 264217_at 265998_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenaseundeparted by full-aparts chWA: Caree:21415
2,09 2,09 2,09 2,09 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415.
2,09 2,09 2,09 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 251487_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase
2,09 2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 251487_at 255942_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THICL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553 0,02136447	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 251487_at 255942_at 257339_s_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 251487_at 255942_at 257339_s_at 260551_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI1 1 ATTI1: serine-type endopentidase inhibitor
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 251487_at 255942_at 257339_s_at 260551_at 260551_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g43510	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTII [ATTII: serine-type endopeptidase inhibitor I (ATD) (CALC) action phosenel (and) a cysteine (and) a cystei
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482 0,0037941	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 251487_at 255942_at 257339_s_at 260551_at 260551_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI1 ATTI1; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 251487_at 255942_at 257339_s_at 260551_at 263777_at 263787_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g25760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46420	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 251487_at 255942_at 260551_at 260551_at 263777_at 263777_at 263787_at 246919_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46420 At5g25460	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI1 ATTI1; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel unknown protein ; supported by CDNA: gi_ 15450510_gb_AY062357.1 putative protein hypothetical protein - Ricinus communis, EMBL:Z81012
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00960345 0,00983527 0,00215133 0,0215633 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 2551487_at 255942_at 265939_at 260551_at 263777_at 263777_at 263767_at 246919_at 246919_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46420 At5g25460 At5g57090	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosy) transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI1 ATTI1; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNCC12 ATCNCC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel unknown protein ; supported by cDNA; gi_15450510_gb_AY052357.1 putative protein hypothetical protein - Ricinus communis, EMBL:281012 EIR1 (ETHYLENE INSENSITIVE ROOT 1); auxin efflux transmembrane transporter
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00980345 0,00983527 0,00215133 0,0212653 0,02126447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046774	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 255942_at 255942_at 260551_at 260751_at 263787_at 246919_at 247947_at 253218_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46450 At5g25460 At5g257090 At4c34980	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (0-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI1 ATTI1; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel unknown protein ; supported by cDNA: gi_15450510_gb_AY052357.1 putative protein hypothetical protein - Ricinus communis, EMBL:Z81012 EIR1 (ETHYLENE INSENSITIVE ROOT 1); auxin efflux transmembrane transporter SLP2 SLP2: serine-type pedidase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 251487_at 255942_at 2657339_s_at 260551_at 263767_at 263767_at 246919_at 247947_at 25258_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g55760 At1g22360 mitochondria At2g453510 At2g46450 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g34980	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00960345 0,00983527 0,00215133 0,0215133 0,02136447 0,02060482 0,0237941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00060504	260884 at 264217_at 265998_at 245626_at 255447_at 255942_at 265951_at 263777_at 263777_at 246919_at 246919_at 247947_at 253218_at 255513_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46450 At5g25460 At5g25460 At4g34980 At4g02060	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosy) transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI11 [ATTI1]; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel unknown protein ; supported by cDNA; gi_15450510_gb_AY052357.1
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482 0,037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00060504	260884_at 264217_at 265998_at 245626_at 255942_at 255942_at 260551_at 263787_at 263787_at 247947_at 255218_at 255513_at 264439_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46450 At2g46420 At5g25460 At5g57690 At4g34980 At4g02060 At1g27450	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00046704 0,00046504	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 251487_at 255942_at 260551_at 260551_at 263767_at 246919_at 247947_at 255218_at 255513_at 266439_at 264439_at 264842_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g258760 At1g22360 mitochondria At2g453510 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI1 ATTI1; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel putative protein ; supported by CDNA: gi_ 15450510_gb_AY052357.1 putative protein hypothetical protein - Ricinus communis, EMBL:Z81012 EIR1 (ETHYLENE INSENSITIVE ROOT 1); auxin efflux transmembrane transporter SLP2 SLP2; serine-type peptidase PRL (PROLIFERA); ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase/ nucleotide binding ATTI (ADENINE PHOSPHORIBOSYL TRANSFERASE 1); adenine phosphoribosyltransferase Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 30174.
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00960345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00046504 0,00143343 0,00185104 0,000388	260884 at 264217_at 265998_at 245626 at 255447_at 255942_at 260551_at 263777_at 263777_at 246919_at 246919_at 246919_at 245919_at 245913_at 255513_at 264439_at 246842_at 25513_at 264842_at 251183_at 251183_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46450 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At3g26731 At3g62630	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THICL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI1 [ATTI1; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel unknown protein ; supported by cDNA; gi _15450510_gb_AY052357.1 putative protein hypothetical protein - Ricinus communis, EMBL:281012 EIR1 (ETHYLENE INSENSITIVE ROOT 1); auxin efflux transmembrane transporter SLP2 SLP2; serine-type peptidase PRL (PROLIFERA); ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase/ nucleotide binding APT1 (ADENINE PHOSPHORIBOSYL TRANSFERASE 1); adenine phosphoribosyltransferase Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 30174 putative protein j supported by full-length cDNA: Ceres: 30174.
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,0096345 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482 0,02060482 0,023741 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00015014 0,00046704 0,000155104 0,000388	260884 at 264217_at 26598 at 245626_at 255942_at 255942_at 263767_at 263767_at 263767_at 246919_at 247947_at 255218_at 255513_at 264439_at 246842_at 256153_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46420 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046504 0,00145104 0,000398 0,00395636	260884_at 264217_at 26598_at 25598_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263787_at 246919_at 247947_at 255218_at 255513_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 265426_at 261183_at 26225_at 26255_	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At5g57090 At4g34980 At4g246420 At5g57090 At4g34980 At4g27450 At3g26731 At3g26731 At3g2630 At2g14210	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (0-ACETYLSERINE [THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00145104 0,00080504 0,00185104 0,000388 0,00305636 0,00285467	260884 at 264217_at 265998_at 245626 at 255487_at 255942_at 26551_at 263777_at 263777_at 247947_at 247947_at 253218_at 255513_at 264439_at 264439_at 246842_at 265183_at 263295_at 263295_at 253606_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46450 At2g46420 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At4g30530	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THICL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATT11 [ATT11; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel unknown protein ; supported by cDNA; gi_15450510_gb_AY052357.1 putative protein hypothetical protein - Ricinus communis, EMBL281012 EIR1 (ETHYLENE INSENSITIVE ROOT 1); auxin efflux transmembrane transporter SLP2] SLP2; serine-type peptidase PRL (PROLIFERA); ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase/ nucleotide binding APT1 (ADENINE PHOSPHORIBOSYL TRANSFERASE 1); adenine phosphoribosyltransferase putative protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 30174 putative protein ; auxin efflux transcription factor putative protein new rotein At2g15760 - Arabidopsis thaliana, EMBL:AC006438 AGL44 AGL44 (AGAMOUS-LIKE 44); DNA binding / transcription factor
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00963527 0,00215133 0,0412553 0,02136447 0,02060482 0,0236447 0,01302935 0,02114618 0,0015016 0,00046704 0,00015014 0,00046704 0,00015014 0,000388 0,00365164 0,000365467 0,03873908	260884_at 264217_at 26598_at 245626_at 255942_at 255942_at 263767_at 263767_at 263767_at 246919_at 246919_at 247947_at 255513_at 255513_at 264439_at 255113_at 264439_at 251183_at 263295_at 253606_at 2550444_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g44510 At2g46450 At2g46420 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At4g30530 At5g10560	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00045014 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00143343 0,00185104 0,00398 0,00385467 0,03873908 0,00114667	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 255487_at 255942_at 2657339_s_at 260551_at 263767_at 246919_at 247947_at 255218_at 255513_at 266449_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 265265_at 255066_at 255044_at 250317_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46450 At2g46420 At5g25460 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At4g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At4g30550 At5g10560 At5g10250	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (0-ACETYLSERINE [THIOL) LYASE ISOPORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,0015016 0,00046704 0,000398 0,00398 0,0035636 0,00285467 0,03873908 0,0014667	260884 at 264217_at 265998_at 245626 at 251487_at 255942_at 265942_at 260551_at 260551_at 2603777 at 263787_at 246949_at 247947_at 253218_at 265513_at 264439_at 263295_at 253606_at 250444_at 250046_at 250046_at 250046_at 250046_at 25006_at 250046_at 25006_at 250046_at 25006_a	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46450 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At4g30530 At5g12250 At5g12250	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATTI1 ATTI1; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel unknown protein ; supported by cDNA: gj _15450510_gb_AY052357.1
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02126447 0,02060482 0,0037441 0,01302935 0,02114618 0,00045016 0,00045014 0,0004504 0,000388 0,00385104 0,000385467 0,003873908 0,00214667 0,00942507	260884_at 264217_at 26598_at 245626_at 255942_at 255942_at 2657339_s_at 260777_at 263767_at 263767_at 246919_at 247947_at 252518_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 26444_at 253066_at 2500444_at 25307_at 240066_at 24006_at 24006_at 24006_at 24006_at 24006_at 24006_at 24006_at 24006_	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g56700 At1g22360 mitochondria At2g4650 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g2630 At5g2630 At5g2630 At5g1250 At5g1250 At5g1250 At5g2650 At5g2650 At5g6250	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00045014 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,0035633 0,00285467 0,03873908 0,00114667 0,00942507 0,0094281	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 255487_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263767_at 246949_at 247947_at 255218_at 265439_at 264499_at 264499_at 264499_at 264499_at 26449_at 265265_at 255066_at 250044_at 250317_at 26006_at 248006_at 242627_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46450 At2g46420 At5g25460 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At3g10560 At5g10560 At5g12250 At5g41600	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (0-ACETYLSERINE [THIOL) LYASE ISOPORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02136447 0,00395 0,0214618 0,00015016 0,00046704 0,00145104 0,000398 0,00398 0,00398636 0,00285467 0,003984 0,003984 0,003984 0,0036366 0,00285467 0,00373908 0,00114667 0,0094981 0,0094981	260884 at 264217_at 265998_at 245626 at 255447_at 265942_at 265942_at 260551_at 260551_at 263777_at 246919_at 247947_at 253218_at 255513_at 264439_at 2555513_at 264439_at 255666_at 253066_at 253066_at 253044_at 253044_at 253044_at 253046_at 253044_at 253046_at 253046_at 253046_at 249267_at 249267_at 267092_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At2g46420 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At4g30530 At5g12550 At5g12250 At5g12250 At5g41600 At2g38120	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THICL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase ATP synthase subunit 9 ATT11 ATT11; serine-type endopeptidase inhibitor ATCNGC12 ATCNGC12; cation channel/ cyclic nucleotide binding / ion channel unknown protein ; supported by cDNA: gj _15450510_gb_AY052357.1
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02126447 0,02060482 0,0037841 0,01302935 0,02114618 0,00045016 0,00045016 0,00045704 0,000388 0,000385 0,00285467 0,003873908 0,00285467 0,003873908 0,00214667 0,00942807 0,00942807	260884 at 264217_at 265983 at 245626 at 251487_at 255942_at 2657339_s_at 263777_at 263787_at 263787_at 246919_at 247947_at 253218_at 255513_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 26439_at 263295_at 253606_at 253006_at 253006_at 253006_at 26307_at 266707_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g4650 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26531 At3g62630 At5g1250 At5g1250 At5g1250 At5g41600 At2g38120 At2g38120 At2g26250	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00045014 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,00145104 0,00385467 0,03873908 0,00314467 0,00942507 0,0094881 0,00144468	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 255487_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263767_at 246949_at 247947_at 255218_at 255513_at 264499_at 264499_at 264499_at 264499_at 265295_at 255066_at 255044_at 250347_at 26066_at 248066_at 249267_at 267377_at 267377_at 267377_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 2637777_at 26377777_at 26377777_at 26377777_at 263777777777777777777777777777777777777	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46450 At2g46420 At5g25460 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At3g10560 At5g10560 At5g10560 At5g12250 At5g41600 At2g26250 At5g40950	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02136447 0,003935 0,0214618 0,00015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000398 0,0036566 0,00285467 0,003985 0,0036566 0,00285467 0,003988 0,0036566 0,00285467 0,003988 0,0014467 0,0094981 0,00144468 0,00340933 0,00465332 0,00465332	260884 at 264217_at 265988_at 245626 at 251487_at 255942_at 265942_at 260551_at 260551_at 260777_at 246919_at 247947_at 255218_at 255513_at 264439_at 2555513_at 264439_at 25666 at 250444_at 25006 at 250444_at 25006 at 250444_at 263095_at 26044_at 263095_at 26044_at 263095_at 26044_at 263095_at 26044_at 263095_at 26044_at 263095_at 26044_at 26006_at 26092_at 267377_at 248645_s_at 267377_at 248645_s_at 267377	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At4g30550 At5g41600 At2g38120 At2g26250 At5g41600 At2g38120 At2g26250 At5g50950 At4g30650	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THICL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,0212553 0,02136447 0,02060482 0,0037841 0,01302935 0,02114618 0,00045016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,00036564 0,000385467 0,00325467 0,00325467 0,00942507 0,00942507 0,0094281 0,00114667 0,00042533 0,001465332 0,0045233 0,0045233	260884 at 264217_at 265988_at 245626_at 2551487_at 255942_at 255942_at 263777_at 263787_at 263787_at 246919_at 247947_at 255513_at 2469439_at 245513_at 264439_at 264439_at 264439_at 26506_at 255066_at 250444_at 253066_at 250044_at 26307_at 248006_at 246006_at 246006_at 246006_at 246006_at 2467377_at 248461_s_at 267377777777777777777777777777777777777	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46420 At2g46420 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At3g10260 At5g12250 At5g10560 At5g12250 At5g41600 At2g48120 At2g4820 At5g05950 At5g05050 At2g0700	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [Lnypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THICL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02006482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00045704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000398 0,003285467 0,03873908 0,0032543 0,00325467 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,0094881 0,00144468 0,003426332 0,00452333 0,003248	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 255487_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263787_at 246949_at 247947_at 255218_at 255513_at 264499_at 264499_at 264499_at 264499_at 264499_at 264493_at 265066_at 250066_at 249267_at 26006_at 249267_at 267377_at 267377_at 263777_at 263627_at 2	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g24620 At5g57090 At4g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At3g10560 At5g10560 At5g12250 At5g41600 At2g28120 At2g28250 At5g50950 At4g30650 At4g30650 At2g39700	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,0215133 0,0215133 0,021253 0,02136447 0,02060482 0,003741 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000385 0,00285467 0,003873908 0,0014667 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942503 0,00465332 0,00465333 0,003248 0,003248 0,003248	260884 at 264217_at 265988_at 265988_at 255487_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 260577_at 246919_at 247947_at 255218_at 255513_at 2642949_at 2555513_at 264439_at 25666_at 25066_at 25066_at 25066_at 25066_at 25066_at 25066_at 267092_at 267092_at 267092_at 267377_at 26827_at 26557_at 26557_at 26567_at 25567_at 255	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46450 At2g46450 At2g46450 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At4g30530 At5g12250 At5g12250 At5g12250 At5g41600 At2g38120 At2g28120 At2g2850 At5g40050 At4g30650 At4g30650 At4g30700 At4g34120	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [Inknown protein supported by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein supported by full-ength cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THIOL) LYASE ISOFORM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00045016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,0035636 0,00255467 0,00325467 0,00942507 0,00942507 0,0094281 0,0014468 0,00340935 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00619582 0,0069582	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 255147_at 255942_at 255942_at 265777_at 263787_at 246919_at 247947_at 246919_at 247947_at 255218_at 255513_at 264439_at 255606_at 255066_at 255066_at 255066_at 255044_at 248006_at 253006_at 267077_at 248006_at 267077_at 248006_at 267077_at 248006_at 267077_at 248267_at 267070_at 267070_at 267070_at 267070_at 267002_at 267000_at 253000_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46420 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g6731 At3g62630 At2g14210 At3g6260 At5g12250 At5g10560 At5g12250 At5g41600 At2g38120 At2g38120 At2g38120 At2g39700 At4g34120 At3g60970	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana] [hypothetical protein predicted by genemark.hmm ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:21415. OASC (O-ACETYLSERINE (THICL) LYASE ISOFOM C); ATP binding / cysteine synthase AtUGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2); UDP-glycosyltransferase/ glucuronosyltransferase
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02080482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046504 0,00285467 0,00385467 0,00385467 0,00385467 0,00385467 0,00385467 0,00385467 0,00342507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,0094281 0,00144468 0,003426332 0,00465332 0,0032348 0,00452333 0,003248 0,00619582 0,006691 0,0015213	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 2551487_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263787_at 246919_at 247947_at 253218_at 264399_at 264399_at 264349_at 264349_at 264349_at 264349_at 25513.at 263265_at 25006_at 249267_at 26006_at 249267_at 267377_at 26377_at 263627_at 263	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At3g26630 At5g10560 At5g10560 At5g41600 At5g412250 At5g50950 At4g30650 At2g39700 At4g345210	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00963357 0,0215133 0,0215133 0,021253 0,02136447 0,02060482 0,003741 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,0003650 0,0003650 0,0036536 0,0025467 0,003873908 0,0014667 0,00342507 0,00342507 0,00342507 0,00342503 0,0045333 0,0045233 0,0045233 0,0045233 0,0045233 0,0045233 0,003248 0,0066991 0,0019582 0,0066991 0,0019213 0,00197213	260884 at 264217_at 265988_at 265988_at 255487_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 260777_at 246919_at 247947_at 253218_at 255513_at 264499_at 2555513_at 264493_at 2565613_at 263295_at 253606_at 253606_at 253606_at 250444_at 253017_at 248040_at 267397_at 267397_at 267397_at 267397_at 267397_at 267397_at 267397_at 267397_at 267397_at 263282_at 25462_at 2567382_at 2567382_at 2567382_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 256748_at 257748_at 257748_at 257748_at 257748_at 257748_	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At3g10560 At5g12250 At5g12250 At5g41600 At2g38120 At2g38120 At2g38120 At2g39700 At4g30650 At4g30650 At4g30650 At4g30650 At3g50970 At3g50970 At2g45210 At2g43500	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,0130235 0,02114618 0,00045016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,0035636 0,0035636 0,0035636 0,0035636 0,0035637 0,00942507 0,00942507 0,0094281 0,003248 0,003248 0,0045332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,0045532 0,0066691 0,00157213 0,0075713	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 255147_at 255942_at 255942_at 2657339_s_at 260571_at 263787_at 246919_at 247947_at 253218_at 255513_at 264439_at 264439_at 255066_at 255066_at 250444_at 250317_at 248006_at 246906_at 24907_at 248461_s_at 267377_at 248461_s_at 263627_at 263627_at 26377_at 248461_s_at 253627_at 253628_at 253627_at 253628_at 253627_at 253628_at 253627_at 253628_at 253640_at 2656640_at 2656640_at 2656640_at 2656640_at 2656640_at 2656640_at 2656640_at 2656640_at 26566640_at 26566640_at 26566640_at 2656666666666666666666666666666666	At1g29240 At1g20190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46420 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g6731 At3g62630 At2g14210 At4g3050 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g41600 At2g38120 At2g38120 At2g38120 At2g38120 At2g39700 At4g30970 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,002060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,0015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00145104 0,00388 0,0032636 0,00285467 0,03873908 0,00326546 0,0034532 0,00452333 0,003248 0,00452333 0,003248 0,00452333 0,003248 0,00452332 0,04052333 0,003248 0,006691 0,00157213 0,0194116 0,00085542	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 255942_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263787_at 247947_at 253218_at 25513_at 264399_at 264399_at 264399_at 26439_at 264649_at 264649_at 264649_at 25066_at 25066_at 260062_at 267377_at 26790_at 253282_at 253282_at 267590_at 253282_at 267590_at 263282_at 265290_at 263282_at 265290_at 263282_at 265290_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265290_at 265282_at 265290_at 265290_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 265290_at 26529	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g25460 At5g257090 At4g24620 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g41600 At5g12250 At5g6550 At5g41600 At2g38120 At5g50950 At4g30650 At2g39700 At4g345210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g4520	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,0096345 0,00215133 0,021533 0,02126447 0,02060482 0,02060482 0,02014414 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00036514 0,00365467 0,00342507 0,00342507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,0094251 0,00045532 0,0066531 0,003248 0,00157213 0,0157213 0,0157213 0,0194116 0,000382	260884 at 264217_at 265983 at 245626_at 255942_at 255942_at 265051 at 263777_at 263767 at 246919_at 246919_at 247947_at 253218_at 255513_at 264439_at 246842_at 25513_at 264449_at 255013_at 264449_at 253066_at 250444_at 253066_at 249267_at 249267_at 249267_at 249267_at 249267_at 249267_at 249267_at 253262_at 253262_at 2552900_at 2552900at 255290	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g25760 At1g25800 mitochondria At2g46420 At2g46420 At2g46420 At5g57090 At2g46420 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At5g12250 At5g1250 At5g41600 At5g41600 At2g48120 At5g95050 At5g95050 At4g39700 At4g34120 At3g50970 At2g45210 At2g4520 At2g4520 At3g50970 At2g452	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,0130235 0,02144618 0,00045016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,0035636 0,0032636 0,0032636 0,0014468 0,00342807 0,0094981 0,00342807 0,0094981 0,0045332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465333 0,003248 0,003248 0,00157213 0,001954116 0,000382 0,000382	260884 at 264217_at 265988_at 245626_at 255942_at 255942_at 255942_at 265777_at 263787_at 246919_at 247947_at 253218_at 2469439_at 246943_at 255513_at 264439_at 264439_at 25066_at 25066_at 25066_at 25066_at 25066_at 26377_at 248461_s_at 26327_at 26327_at 26327_at 26327_at 263267_at 26327_at 263267_at 26327_at 263267_at 26367_at 26367_at 26367_at 2	At1g29240 At1g20190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46420 At2g46420 At5g25460 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At4g30950 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g41600 At2g38120 At2g38120 At2g38120 At2g39700 At4g30970 At2g45210 At2g4520 At2g4550 At2g4550 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450 At2g450	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,002060482 0,0037941 0,01302935 0,02114618 0,00045704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,00385467 0,00285467 0,00385467 0,00385467 0,00385467 0,00382467 0,00385467 0,00382467 0,00382467 0,00382467 0,00382467 0,00382467 0,00382467 0,00382467 0,00382467 0,00382467 0,0038248 0,00466931 0,0015213 0,0038248 0,0066911 0,0015713 0,0038542 0,0003824 0,00038242 0,0003824	260884 at 264217_at 265988_at 245626_at 2551487_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263787_at 246919_at 247947_at 253218_at 264399_at 264399_at 264399_at 264349_at 264399_at 264399_at 264449_at 250317_at 25006_at 25006_at 249267_at 26006_at 249267_at 26377_at 263627_at 26377_at 263627_at 263627_at 263528_at 265590_at 255282_at 265290_at 265292_at 265292_at 265292_at 265292_at 2552	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g24620 At5g25731 At3g62630 At2g14210 At3g26731 At3g62630 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g41600 At5g412250 At5g50950 At4g30650 At2g39700 At4g345210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50460	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00960345 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,003741 0,01302935 0,02114618 0,00045014 0,0004504 0,0004504 0,0004504 0,00155164 0,000388 0,0035636 0,0025467 0,0038981 0,0036366 0,0024507 0,00942607 0,00942607 0,00942617 0,00942617 0,00942617 0,00942617 0,00942617 0,00942617 0,00942617 0,0045233 0,0045233 0,0045233 0,0045233 0,0045233 0,0045233 0,0045233 0,00057213 0,003248 0,0003824 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,00038242 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,000382 0,00038 0,00038 0,00038 0,00038 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,0004500 0,000450000000000	260884 at 264217_at 26598 at 245626 at 255982 at 255942_at 255942_at 2657339 s_at 260767_at 263767_at 263767_at 263767_at 263767_at 263767_at 263767_at 263767_at 264439_at 255513_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 265406_at 250347_at 263066_at 267367_at 267367_at 267369_at 267369_at 265222_at 262527_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g56700 At1g2360 mitochondria At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At3g2750 At5g2731 At3g62630 At5g12250 At5g1250 At5g41600 At2g38120 At5g5050 At5g4120 At2g45210 At2g43200 At2g43200 At2g43200 At2g43200 At2g43200 At3g50970 At2g43200 At3g50970 At2g43200 At3g50970 At2g43200 At3g50970 At2g43200 At3g50970 At2g43200 At3g50970 At2g43200 At3g50970 At2g43200 At3g50970 At2g4320 At3g50970 At3g50970 At3g50970 At3g50970 At2g4320 At3g50 At3g50970 At2g4320 At3g50970 At2g4320 At3g50970 At2g4320 A	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,0130235 0,02114618 0,0015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,0035636 0,0025547 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,0094251 0,001465332 0,0045533 0,00452333 0,003248 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,000382 0,0003524 0,0003524 0,000382	260884 at 264217_at 265988_at 245626_at 255942_at 255942_at 255942_at 265777_at 263787_at 246919_at 247947_at 246919_at 247947_at 255513_at 266439_at 264439_at 264439_at 264439_at 25066_at 25066_at 25066_at 26077_at 248066_at 26377_at 248461_s_at 26367_at 26367_at 26367_at 26377_at 248461_s_at 253627_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 26367_at 263677_at 26360_at 26367_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26360_at 26367_at 26360_at 26367_at 26360_at 26360_at 26367_at 26360_at	At1g29240 At1g20190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46420 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02660 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At3g62630 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g41600 At2g38120 At2g38120 At2g38120 At2g39700 At2g39700 At2g45210 At2g4520 At2g4540 At2g4520 At2g45	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,002060482 0,0037941 0,0130235 0,02114618 0,00045704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,003285467 0,00385467 0,00385467 0,00385467 0,00385467 0,0038248 0,00328467 0,0038248 0,00328348 0,00328348 0,0066951 0,00452333 0,0032248 0,0066951 0,0015213 0,0038542 0,000382 0,0038545 0,0038545 0,0038545 0,0038545 0,0038545 0,0038545 0,0038545 0,0038545 0,0038545 0,0038545 0,00385 0,00	260884_at 264217_at 265988_at 2454265_at 255942_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263787_at 246919_at 247947_at 255218_at 264399_at 264399_at 264399_at 264399_at 264399_at 264499_at 264499_at 264499_at 264499_at 264499_at 264205_at 250317_at 263205_at 250317_at 263205_at 250317_at 263205_at 250327_at 263267_at 265282_at 255282_at 255282_at 255282_at 255282_at 265290_at 255282_at 265290_at 265290_at 265292_at 265290_at 265292_at 265290_at 265292_at 265290_at 265292_at 265293_at	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At5g25460 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At3g26730 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g10250 At5g41600 At5g412250 At5g45250 At5g41600 At2g38120 At2g38120 At2g38120 At3g50950 At4g30650 At2g39700 At4g345210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g330460 At3g30460 At5g66110 At5g36160	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,0096345 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,003741 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000388 0,00038636 0,000285467 0,003898 0,0036363 0,000465333 0,000465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,00465333 0,0006691 0,003248 0,003248 0,00038542 0,000382 0,000382 0,0003824 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,003248 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,0027773	260884 at 264217_at 265988 at 245626 at 2551487_at 255942_at 255942_at 263777_at 263777_at 263767_at 246919_at 247947_at 253218_at 255513_at 264439_at 255513_at 264439_at 264439_at 255513_at 26444_at 253066_at 250444_at 253066_at 25006_at 25006_at 267377_at 248461_s_at 267390_at 267390_at 253262_at 267300_at 253262_at 267300_at 26527_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26520a_at 26520a_at 26520a_at 26520a_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26527_at 26520a_at 26520a_at 26520a_at 26520a_at 26550a_at 26557_at 26520a_at 26557_at 265563_at 26557_at 26557_at 265563_at 26557_at 26557_at 265563_at 26557_at 26557_at 26557_at 265563_at 26557_at 265563_at 26557_at 265563_at 26557_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 265563_at 26557_at 265563_at 26557_at 265563_at 26557_at 265563_at 26557_at 26557_at 265563_at 26557_at 265563_at 26557_at 265563_at 265563_at 2655663_at 2655	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g25760 At1g25800 mitochondria At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At5g57090 At4g27450 At5g57090 At4g27450 At5g26731 At3g62630 At5g12750 At5g12750 At5g1250 At5g1250 At5g1250 At5g41600 At2g38120 At5g41250 At5g41600 At2g38120 At5g50950 At5g50950 At2g39700 At2g45210 At2g45210 At2g4520 At2g4520 At2g45210 At2g45210 At2g4520 At2g4520 At2g45210 At2g45210 At2g4520 At2g45210 At2g4520 At2g45210 At2g45210 At2g4520 At2g45210 At2g4520 At1g19540 At1g17010 At3g51420 At3g56160 At3g58200	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,0130235 0,02114618 0,00045016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,000385 0,00145104 0,0032536 0,0032536 0,0032536 0,0032537 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,00942507 0,0094251 0,001465332 0,00452333 0,003248 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00157213 0,00085542 0,00085542 0,00085542 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,000382 0,00075245 0,022455 0,022455 0,02277734 0,003673	260884_at 264217_at 265988_at 245626_at 2551487_at 255942_at 255942_at 265777_at 263787_at 246919_at 247947_at 255218_at 246949_at 247947_at 255513_at 264399_at 264399_at 264399_at 26439_at 255066_at 250444_at 250317_at 248066_at 25044_at 26377_at 248066_at 253627_at 26377_at 248461_s_at 253627_at 26377_at 26377_at 26377_at 26377_at 263702_at 26377_at 263627_at 26327_at 263627_at 263262_at 253627_at 263627_at 263627_at 263627_at 263627_at 263627_at 263627_at 263627_at 263620_at 253627_at 263620_at 253627_at 263620_at 253627_at 263620_at 253620_at 253620_at 253620_at 253620_at 253620_at 253620_at 253620_at 253620_at 253620_at 253620_at 2637600_at 2637760_at 26376	At1g29240 At1g20190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g46420 At2g46420 At5g25460 At5g25460 At5g57090 At4g34980 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At2g14210 At3g62630 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g10560 At5g41600 At2g38120 At2g39700 At2g39700 At2g39700 At2g3500 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50970 At3g50970 At3g51420 At3g51420 At3g51420 At3g51420 At3g58200 At1g68570	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07 2,07	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,0021353 0,02136447 0,02060482 0,0037941 0,003995 0,02114618 0,0015016 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00046704 0,00388 0,00385467 0,03873908 0,0036536 0,00285467 0,03873908 0,00342507 0,03873908 0,0034532 0,00452333 0,0032846 0,0032846 0,0032846 0,0032846 0,0032848 0,00452333 0,003248 0,006691 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,000371442 0,00037142	260884 at 264217_at 265988_at 2454265_at 255942_at 255942_at 255942_at 260551_at 260551_at 263787_at 247947_at 253218_at 264399_at 247947_at 255218_at 255218_at 264399_at 26439_at 264439_at 264439_at 264439_at 264649_at 265051_at 263265_at 25066_at 263265_at 263265_at 26327_at 26377_at 263709_at 253282_at 263282_at 263282_at 263282_at 263282_at 263282_at 263282_at 263282_at 263282_at 263282_at 26329_at 263282_at 263282_at 265290_at 263282_at 265290_at 265282_at 265290_at 265282_at 26527_at 260560_at 26527_at 260560_at 26527_at 260560_at 26527_at 26527_at 265282_at 265290_at 255282_at 265290_at 255282_at 265290_at 255282_at 265290_at 255282_at 265291_at 265291_at 2570826_at 2570804_at 2570804_at 2570804_at 2570804_at 2570	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At3g59760 At1g22360 mitochondria At2g43510 At2g46420 At2g46420 At5g25460 At5g57090 At4g246420 At5g57090 At4g246420 At5g25460 At5g57090 At4g246420 At5g26731 At3g26630 At2g14210 At5g10560 At2g14210 At5g10560 At5g10250 At5g612250 At5g6100 At2g38120 At5g50950 At4g30650 At2g38700 At4g345210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50970 At2g45210 At3g50460 At1g17010 At3g50460 At3g50460 At3g50460 At3g50460 At3g5070 At5g70 At5g7070At3g7070 At5g7070 At5g7070 At5g7070 At5g7070 At5g7070At5g7070 At5g7070 At5g7070At5g7070 At5g7070	unknown protein smillar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,09 2,09 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08 2,08	0,00243889 0,00551615 0,00060345 0,00983527 0,00215133 0,02136447 0,02060482 0,003741 0,01302935 0,02114618 0,00015016 0,00046704 0,0015016 0,00046704 0,0015016 0,00046704 0,000388 0,00385467 0,00385467 0,003873908 0,0014667 0,00942607 0,00942607 0,00942607 0,00942633 0,00455332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00465332 0,00455332 0,0045532 0,000157213 0,0094582 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0003824 0,0026542 0,000382 0,0026545 0,002777734	260884 at 264217_at 265988_at 245626_at 2551487_at 255942_at 255942_at 265777_at 263777_at 263787_at 246919_at 247947_at 253218_at 2469439_at 245943_at 246842_at 25513_at 264439_at 264439_at 264439_at 264439_at 2652613_at 264630_at 250444_at 250317_at 246906_at 250444_at 250317_at 246906_at 256760_at 256760_at 256760_at 256760_at 256760_at 256727_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267390_at 255262_at 267377_at 2673737_at 2673747_at 267374757_at 267374757_at 26737475757_at 267374757575757575757575757575757575757575	At1g29240 At1g60190 At2g24270 At1g56700 At1g25760 At1g22360 mitochondria At2g4620 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At2g46420 At5g57090 At4g34980 At4g02060 At1g27450 At5g26731 At3g62630 At3g10560 At5g12250 At5g12050 At5g41600 At2g38120 At5g41600 At2g38120 At5g41600 At2g38120 At5g50950 At2g39700 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g45210 At2g4520 At5g66110 At3g56820 At1g68200	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]

-2,07	0.01696404	252542 of	A+2a4E790	PHOT1 (PHOTOTPODIN 1); ENNI binding (blue light photorecenter (kingse) protein binding
	0,01000404	202043_dl	Al3945760	PHOTE (PHOTOTROPHET), Pland binding / blue light photoneceptor/kinase/ protein binding
-2,07	0,00048442	259782_at	At1g29680	unknown protein
-2,08	0,00014702	249212_at	At5g42690	putative protein strong similarity to unknown protein (emb CAB16786.1)
-2.08	0.003393	250938 at	At5g03180	putative protein various predicted proteins. Arabidopsis thaliana
2.09	0.02400000	252492 of	A+2a46670	
-2,08	0,03422393	252482_al	Al3g46670	UG176ETT (UDP-GLUCOSTE TRAINSPERASE 76ETT)
-2,09	0,00154335	247074_at	At5g66590	putative protein contains similarity to pathogenesis-related protein
-2,1	0,0035542	248138_at	At5g54960	PDC2 (pyruvate decarboxylase-2); carboxy-lyase/ catalytic/ pyruvate decarboxylase
-21	0.00075428	256159 at	At1a30135	JAZ8 L JAZ8 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 8)
2,1	0,00070420	200100_ut	741900100	
-2,1	0,01048281	265913_at	At2g25625	Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 465.
-2,11	0,00705286	245749_at	At1g51090	proline-rich protein, putative similar to proline-rich protein GI:3242079 from [Capsicum annuum]
-2.11	0.00032788	262977 at	At1a75490	transcription factor, putative similar to DREB2A GB:BAA33794 GI:3738230 from At
2.11	0.00010462	266126 of	A+2g4E040	Lateria metallasetainasa - ausported by aDNA: ai 2129476, ab AE062640.1 AE062640
-2,11	0,00019403	200120_at	Al2940040	putative metalloproteinase , supported by cDNA. gi_s126476_gb_AP062640.1_AP062640
-2,12	0,00560028	245807_at	At1g46768	RAP2.1 RAP2.1 (related to AP2 1); DNA binding / transcription factor
-2,12	0,00791773	258923_at	At3g10450	SCPL7 SCPL7 (SERINE CARBOXYPEPTIDASE-LIKE 7); serine-type carboxypeptidase
-2.12	0.00013748	260309 at	At1g70580	AOAT2 (ALANINE-2-OXOGLUTARATE AMINOTRANSFERASE 2)
2,12	0.00250527	264052 of	At1g77120	
-2,12	0,00350527	204955_at	ALIG//120	ADHT ADHT (ALCOHOL DEHT DROGENASE 1), alcohol denydrogenase
-2,12	0,00534269	267026_at	At2g38340	DREB-like AP2 domain transcription factor DRE binding protein
-2,13	0,00067752	250826_at	At5g05220	unknown protein ; supported by cDNA: gi_15450646_gb_AY052691.1_
-2.13	0.00746394	253177 s at	At4q35150	O-methyltransferase - like protein caffeic acid O-methyltransferase. Pinus taeda, gb:U39301
-2.15	0.01067243	25/306 at	At/g21680	
-2,15	0,01007243	204390_at	A14921060	peptide transporter - like protein peptide transporter (ptr.) - Hordeum vulgare, AF023472
-2,17	0,00785969	262656_at	At1g14200	zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein
-2,17	0,00035601	263985_at	At2g42750	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein
-2.19	0,00076134	251066 at	At5a01880	zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein
	0.00276617	262635 -+	At1:006E70	
-2,2	0,002/001/	202030_dl	Augu0370	
-2,2	0,00016199	266321_at	At2g46660	CYP/8A6; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding
-2,22	0,00052669	249038_at	At5g44280	RING1A RING1A (RING 1A); protein binding / zinc ion binding
-2.23	0,00377344	252825 at	At4a39890	AtRABH1c AtRABH1c (Arabidopsis Rab GTPase homolog H1c): GTP binding / protein binding
	0.00873030	255550 ot	At/a01070	AtSTS (Arabidonsis thaliana stachyoso synthese); bydrolass
-2,23	0,00072838	∠0000U_at	At4901970	nono (niandupele indiana statityuse synthäse); nyutolase
-2,23	0,00047345	258263_at	At3g15780	unknown protein
-2,23	0,00306849	258322_at	At3g22740	HMT3 HMT3; homocysteine S-methyltransferase
-2.23	0.00470791	258939 at	At3n10020	unknown protein predicted by genefinder, multiple est matches
2,20	0.004.44054	250000_at	A+2=47040	
-2,24	U,UU141851	252415_at	At3g47340	AONT (GLUTAMINE-DEPENDENT AOPAKAGINE SYNTHASE 1); asparagine synthase
-2,24	0,0100159	258880_at	At3g06420	ATG8H ATG8H (autophagy 8h); microtubule binding
-2,25	0,00026486	259911 at	At1g72680	CAD1 cinnamyl-alcohol dehydrogenase, putative
-2.26	0.00312726	250350 at	At3q05140	PBK2 (Pop Binding protein Kingson 2): ATP binding / kingso/ protein kingso
-2,20	0,00312720	209300_at	Al3g05140	KbK2 (Kop binding protein kinases 2), ATP binding / kinase/ protein kinase
-2,27	0,00022232	251202_at	At3g63040	putative protein predicted protein, C.elegans
-2,27	0,01129205	259528_at	At1g12330	hypothetical protein
-2.28	0.00377599	259410 at	At1a13340	I hypothetical protein predicted by genemark hmm
2,20	0,000077600	200 110_at	At0=00770	
-2,28	0,00182596	265425_at	At2g20770	GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic
-2,28	0,00253257	265675_at	At2g32120	HSP70T-2 HSP70T-2 (HEAT-SHOCK PROTEIN 70T-2); ATP binding
-2,29	0,0002245	264821_at	At1g03470	hypothetical protein predicted by genefinder
-2.31	0.00371979	248544 at	At5q50240	PIMT2 (PROTEINLI JISOASPARTATE METHYI TRANSFERASE 2)
2,01	0,00011575	240044_0	A10-00500	
-2,31	0,00023574	255787_at	At2g33590	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.37
-2,31	0,00033544	265099_at	At1g03990	unknown protein Location of EST 248L9T7, gb AA713296
-2.35	0.03444627	246018 at	At5a10695	Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 103171.
-2.38	0.00307343	245501 at	At/g15620	
-2,30	0,00397343	240001_at	A(4915620	The grain memorane ranning protein
0.00			At/a36600	late embryogenesis abundant domain-containing protein / LEA domain-containing protein
-2,39	0,00801122	246242_at	A14930000	
-2,39 -2,39	0,00801122 0,00047948	246242_at 265567_at	At2g05580	unknown protein predicted by genefinder
-2,39 -2,39 -2,43	0,00801122 0,00047948 0,00664737	246242_at 265567_at 245243 at	At2g05580 At1g44414	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm
-2,39 -2,39 -2,43	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at	At2g05580 At1g44414	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17 4 ATHSP17 4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at	At2g05580 At1g44414 At3g46230	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at	At2g05580 At1g44414 At3g46230 At1g80160	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: Ceres:21663.
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,48	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at	Attg30000 Att2g05580 Att1g44414 Att3g46230 Att1g80160 Att4g36900	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,48 -2,51	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at	At42005580 At1244414 At3246230 At1280160 At4236900 At5265550	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,48 -2,51 -2,51	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 265269_at	At42005580 At1244414 At3246230 At1280160 At4236900 At5265550 At2042950	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genescan
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,48 -2,51 -2,51 -2,51	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00336629	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 265269_at	At4g05000 At2g05580 At1g44414 At3g46230 At1g80160 At4g36900 At5g65550 At2g42950 At2g42950	unknown protein predicted by genefinder upknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genesan
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,48 -2,51 -2,51 -2,52	0,00801122 0,00047948 0,00064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,0036629 0,00009578	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 265269_at 266901_at	Att205500 Att205580 Att194414 Att3946230 Att1980160 Att4936900 Att5965550 Att2942950 Att2942950	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genscan JAZ7 JAZ7 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7)
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,48 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,0036629 0,00009578 0,02269525	246242_at 265567_at 245243_at 2652515_at 262047_at 246222_at 247172_at 265269_at 266901_at 260978_at	At2g05580 At1g44414 At3g46230 At1g80160 At4g36900 At5g65550 At2g42950 At2g42950 At2g34600 At1g53540	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genexan JA27 JA27 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7) 17.6 kDa heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana)
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,0036629 0,00009578 0,02269525 0,01457271	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 265269_at 266901_at 260978_at 254339_at	Att205580 Att205580 Att244414 At3246230 Att280160 At4236900 At5g65550 At2242950 At2242950 At2234600 At1253540 At4222100	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00038629 0,00009578 0,02269525 0,01457271 0,001457271	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 262247_at 246222_at 247172_at 266269_at 266901_at 266901_at 266901_at 26639_at 256434_at	Artg05580 Artg05580 At1g44414 Artgg6580 Artgg86580 Artgg865850 Artgg42950 Artgg34600 Art1g53540 Artgg5280	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,48 -2,51 -2,51 -2,52 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00038629 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915	246242 at 265567 at 252515 at 252515 at 262047 at 246222 at 247172 at 2665901 at 2665901 at 2669901 at 266991 at 266991 at 266454 at	Att205580 Att205580 Att24414 At3246230 Att280160 At4236900 At5265550 At2242950 At2242950 At2242950 At2242950 At125540 Att25540 Att275280	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm,supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genscan JAZ7 JAZ7 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7) 17.6 kDa heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana) BGLU3 (BETA GLUCOSIDASE 2); catalytic/ cation binding / hydrolase NADPH oxidorductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] DPA L PL PL ATATINLI (KE EPOTEIN 4)
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,0036629 0,00009578 0,02209525 0,01457271 0,00178915 0,01000017	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 266269_at 266901_at 266901_at 266978_at 256339_at 2563454_at 266441_at	Att205580 Att205580 Att294414 At3246230 Att294200 At4236900 At5265550 At2242950 At2242950 At2234600 At1253540 At422100 At1275280 At4237050	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,55 -2,56 -2,56 -2,62	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,000154352 0,00154352 0,00154352 0,00336629 0,00009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,01000017 0,00800493	246242 at 265567 at 245243_at 252515 at 262047_at 246222_at 266290_at 266290_at 266901_at 266901_at 266978_at 256454_at 246241_at 24524563_at	Art205580 Art205580 At1944414 Art3946230 Art1980160 Art4936900 Art5965550 Art2942950 Art2942950 Art2942950 Art2934600 Art1953540 Art4922100 Art1975280 Art4927050 Art3945970	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,000194572 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00019282	246242 at 265567 at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 2665901_at 2665901_at 2669901_at 2669901_at 265933_at 256454_at 256454_at 252563_at 252563_at	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg46230 Artg80160 Artg65550 Artg42950 Artg324600 Artg53540 Artg22100 Artg75280 Artg37050 Artg426740	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm.supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genscan JA27 JA27 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7) 17.6 kDa heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana) BGLU3 (BETA GLUCOSIDASE 2); catalytic/ cation binding / transcription factor NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] PLP4 PL44 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir ATEXLA1 (ARABIDOPSIS THALIANA SEED GENE 1); calcium ion binding
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,55 -2,55 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66 -2,67	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,0036629 0,00009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00017392	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 266269_at 266901_at 266901_at 266978_at 256434_at 256454_at 246241_at 25563_at 255330_at 255930_at	At4g305580 At1g4414 At3g46230 At1g80160 At4g36900 At5g65550 At2g42950 At2g34600 At1g5340 At1g5340 At4g22100 At1g75280 At4g37050 At4g37050 At4g26740 At5g05600	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,55 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,67 -2,69	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,000154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00017892 0,00017392	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 266290 at 266290 at 266290 at 266901 at 266290 at 256339 at 256454 at 246241 at 252563 at 252563 at 250793 at	Artg05580 Artg05580 At1g44414 At3g46230 At1g80160 Artgg65550 At2g42950 At2g42950 At2g34600 At1g53540 At4g22100 At1g75280 At4g2700 At4g2700 At4g2770 At4g26740 At5g05600	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66 -2,67 -2,51 -2,51 -2,55 -2,56	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154362 0,00038629 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00019282 0,00019282	246242 at 265567 at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 265269_at 266901_at 266901_at 266901_at 266901_at 26644_at 256454_at 256454_at 25663_at 255930_at 250793_at 248332_at	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg96580 Artg46230 Artg80160 Artg65550 Artg42950 Artg42950 Artg42950 Artg22100 Artg5240 Artg750 Artg45970 Artg26740 Artg52640	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 (Related to AP2 10); DNA binding / transcription factor
-2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,55 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,67 -2,69 -2,77	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,0036629 0,00009578 0,02299525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00010382 0,00289838 0,00010371	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 266901_at 266901_at 266901_at 266978_at 254339_at 256454_at 25563_at 255930_at 255930_at 250793_at 260793_at 251350_at	Art2g05580 Art2g05580 Art1g4414 Art3g46230 Art1g80160 Art4g36900 Art5g65550 Art2g42950 Art2g34600 Art1g53540 Art4g22100 Art4g22100 Art4g27050 Art4g26740 Art4g26740 Art5g05600 Art5g05600 Art5g52640 Art3g61040	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,52 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,67 -2,69 -2,69 -2,77 -2,77	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,00019371 0,0082762	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 266299 at 266299 at 266299 at 266291 at 266291 at 266291 at 254339 at 256454 at 256454 at 252563 at 250793 at 250793 at 261065 at	Art205580 Art205580 At1944414 At3946230 At1980160 At4936900 At5965550 At2942950 At2942950 At2942950 At2942950 At1953540 At1975280 At492700 At4926740 At4926740 At5955600 At5952640 At3961040 At1907500	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,55 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66 -2,67 -2,69 -2,67 -2,69 -2,77 -2,81	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154362 0,00038629 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,000192838 0,000192838 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019285 0,00019585	246242 at 265567 at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 265269_at 266901_at 266901_at 266901_at 266901_at 266951_at 255434_at 255435_at 25563_at 25563_at 255930_at 255930_at 255930_at 261065_at 261065_at 247866_at	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg95580 Artg4230 Artg80160 Artg65550 Artg42950 Artg42950 Artg42950 Artg42950 Artg22100 Artg5240 Artg2750 Artg45970 Artg52640 Art5g52640 Artg67550	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,67 -2,68 -2,68 -2,68 -2,68 -2,68 -2,68 -2,51 -2,51 -2,55 -2,56 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,56 -2,56 -2,57	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,000154352 0,00154352 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,00100017 0,00800493 0,00017392 0,00017392 0,0001371 0,0082762 0,00115856 0,00115856	246242_at 265567_at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 247172_at 266969_at 266901_at 266901_at 266978_at 2563454_at 256454_at 25563_at 25563_at 255930_at 255733_at 251350_at 251350_at 251350_at 251465_at 251464_at	Art205580 Art205580 Art1944414 Art3946230 Art1980160 Art4936900 Art5965550 Art2942950 Art2934600 Art1953540 Art4922100 Art492700 Art492700 Art4926740 Art4926740 Art595560 Art3961040 Art1907500 Art190770 Art1	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,69 -2,69 -2,77 -2,77 -2,77 -2,81 -2,85	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0015452 0,0015452 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,00019371 0,0082762 0,00115856 0,00018112	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 246222 at 246222 at 247172 at 266901 at 266901 at 266901 at 254339 at 256454 at 246241 at 252563 at 250793 at 248332 at 251350 at 261065 at 247866 at 247866 at 247866 at	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg46230 Artg46230 Artg46230 Artg65550 Artg42950 Artg34600 Artg53540 Artg22100 Artg53540 Artg422100 Artg7580 Artg42740 Artg205600 Artg65600 Artg65600 Artg97550 Artg97550 Artg17840	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66 -2,67 -2,66 -2,67 -2,69 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00038629 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,00178915 0,00100017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,000192838 0,0001928838 0,00019282 0,00015856 0,00115856 0,00198112 0,00008714	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 247172 at 265269 at 266901 at 266901 at 255454 at 255454 at 255454 at 25563 at 255930 at 255930 at 255930 at 251350 at 261055 at 264691 at 266265 at	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg95580 Artg4230 Artg80160 Artg65550 Artg42950 Artg42950 Artg24950 Artg24950 Artg22100 Artg5540 Artg2700 Artg4970 Artg4570 Artg252640 Art5g52640 Art5g57550 Artg17840 Artg29340	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,69 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85 -2,89	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,000154352 0,000154352 0,00038629 0,00009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00017392 0,00019282 0,0001371 0,0082762 0,00115856 0,00198112 0,00098714 0,0008714	246242 at 265567 at 245243_at 245243_at 245245_at 246222_at 246222_at 266290_at 266290_at 266290_at 266901_at 266978_at 256454_at 256454_at 246241_at 252563_at 2525930_at 26793_at 261065_at 247866_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 254691_at 264695_at 248959_at 248959_at 248959_at 248959_at 248959_at 25557_at 248959_at 25557_at 2	Art2g05580 Art2g05580 Art1g44414 Art3g46230 Art1g80160 Art4g36900 Art2g42950 Art2g34600 Art1g53540 Art2g34600 Art1g53540 Art4g27100 Art4g2770 Art4g26740 Art5g05600 Art5g05600 Art3g61040 Art5g57550 Art4g17840 Art2g29340 Art5g25630	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,69 -2,77 -2,77 -2,77 -2,81 -2,85 -2,89 -2,95	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0015452 0,00109578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,000192838 0,00010371 0,0082762 0,000198112 0,00008714 0,000894496 0,01209667	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 246222 at 247172 at 266209 at 266901 at 266901 at 266901 at 254339 at 256454 at 25563 at 255733 at 250793 at 251350 at 251350 at 251350 at 251350 at 251350 at 254691 at 266265 at 248959 at 266294 at	Art205580 Art205580 Art1944414 Art3946230 Art1980160 Art3965550 Art2942950 Art2942950 Art2942950 Art4922100 Art1953540 Art4922100 Art4922100 Art397550 Art492740 Art5955600 Art5955600 Art595550 Art4917840 Art595550 Art4917840 Art592550	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,69 -2,67 -2,69 -2,67 -2,69 -2,67 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00038629 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,00178915 0,00178915 0,0019282 0,00019282 0,00019282 0,000192838 0,0001928838 0,0001928838 0,00019282 0,00015856 0,00115856 0,00115856 0,00198112 0,0008714 0,00884496 0,01209667 0,001209667	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 247172 at 266901 at 266901 at 266901 at 266901 at 255439 at 255439 at 255454 at 255454 at 255930 at 255330 at 251350 at 251350 at 261055 at 264691 at 266265 at 248959 at 266294 at 266294 at	At4205580 At124414 At3246230 At134414 At3246230 At1360160 At43265550 At2242950 At2242950 At2242950 At2242950 At422400 At125280 At422100 At1325280 At422700 At426740 At5252640 At326500 At5252640 At3261040 At525550 At4217840 At529340 At529340 At529340 At529340 At529340	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,55 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,95	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,0001212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,001457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,00019371 0,0082762 0,0019838 0,00010371 0,0082762 0,00198112 0,00019714 0,00894496 0,01209667 0,00212532	246242 at 265567 at 245243 at 245243 at 245243 at 245245 at 246222 at 246292 at 266290 at 266290 at 266290 at 266290 at 254339 at 256345 at 255330 at 255330 at 255330 at 26733 at 26691 at 261065 at 248332 at 254691 at 26691 at 266295 at 26655 at 266555 at 26655555555555555555555555555555555555	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg95580 Artg44230 Artg965550 Artg42950 Artg42950 Artg34600 Artg55550 Artg429500 Artg242950 Artg2740 Artg25740 Artg25740 Artg25740 Artg25740 Artg25740 Artg25750 Artg2740 Artg27500 Artg27500 Artg27500 Artg2740 Artg27500 Artg27500 Artg29500 Artg29500 Artg29500 Artg29500	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,67 -2,69 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85 -2,88 -2,88 -2,95 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95 -2,96 -2,95	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0015452 0,0015452 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00019282 0,00017392 0,00229838 0,000115856 0,00198112 0,00082762 0,00115856 0,00198112 0,0008714 0,0082762 0,00198112 0,0008714 0,00894496 0,0122532 0,00212532 0,000358865	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 246222 at 247172 at 266269 at 266901 at 266901 at 266901 at 256454 at 256454 at 256454 at 25563 at 25573 at 250793 at 260793 at 260793 at 261065 at 247866 at 254691 at 266265 at 248959 at 2662264 at 248359 at 2662264 at 248359 at 2662264 at 248359 at 2662264 at 265049 at	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg95580 Artg4414 Artg46230 Artg65550 Artg42950 Artg42950 Artg42950 Artg42950 Artg42950 Artg42740 Artg97500 Artg426740 Artg97500 Artg97500 Artg97550 Artg49750 Artg49750 Artg29340 Artg29340 Artg29500 Artg45970 Artg45630 Artg45630 Artg29500 Artg95607 Artg95607 Artg97500 Artg9700 A	unknown protein predicted by genefinder upknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,67 -2,69 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,96 -3,13 -3,15	0,00801122 0,00047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0015855 0,01457271 0,00178915 0,00178915 0,00178915 0,0019282 0,00019282 0,00019283 0,00019283 0,000192812 0,000188112 0,00028838 0,000188112 0,00089714 0,0082967 0,00212532 0,000212532 0,0002031	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 246222 at 247172 at 266201 at 266901 at 266901 at 266901 at 255439 at 256454 at 25563 at 25530 at 25330 at 25330 at 251350 at 261065 at 248362 at 248366 at 256691 at 266294 at 266294 at 265049 at 265049 at 266094 at 261007 at	Art2g05580 Art2g05580 Art1g4414 Art3g46230 Art1g80160 Art4g36900 Art5g65550 Art2g42950 Art2g34600 Art1g53540 Art4g22100 Art4g22100 Art4g27050 Art4g27050 Art4g27050 Art4g26740 Art5g05600 Art5g05560 Art3g61040 Art5g57550 Art4g17840 Art2g29340 Art5g45630 Art2g29500 Art2g29500 Art4g09610 Art4g09610 Art1g26400	unknown protein predicted by genefinder unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,62 -2,66 -2,67 -2,69 -2,67 -2,69 -2,77 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,13 -2,51 -2,51 -2,51 -2,51 -2,51 -2,51 -2,55 -2,56 -2,66 -2,67 -2,67 -2,69 -2,77 -2,77 -2,77 -2,81 -2,85 -2,51 -2,51 -2,55 -2,56 -2,67 -2,69 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,56 -2,56 -2,67 -2,69 -2,77 -2,77 -2,81 -2,85 -2,95 -2,15	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,000212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,001789 0,00269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,00019285	246242 at 265567 at 245243 at 245243 at 262047 at 246222 at 246222 at 266299 at 266299 at 266290 at 266291 at 256330 at 256330 at 256330 at 250793 at 250793 at 261065 at 24630 at 254691 at 26699 at 26690 at 26790 at 26690 at 26790 at 26690 at 26790 at 26690 at 26790 at 26690 at 26790 at 26690 at 26790 at 26690 at 26690 at 26790 at 26690 at 26790 at 26690 at 26600 at 26600 at 26600 at 26600 at 26600 at 26600 at	Art2g05580 Art2g05580 Art1g44414 Art3g46230 Art1g80160 Art4g36900 Art5g65550 Art2g42950 Art2g42950 Art2g34600 Art1g53540 Art4g22100 Art4g2700 Art4g27200 Art4g2740 Art5g05600 Art5g52640 Art5g52640 Art5g5750 Art4g17840 Art5g5750 Art4g17840 Art5g45630 Art2g29300 Art5g54070 Art5g54070 Art5g54070 Art5g54070 Art5g54070 Art5g54070 Art5g54070 Art5g54070 Art5g670 Art5g670 Art5g70 A	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 [RAP2.10 [related to AP2 10; DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosy/transferase hypothetical protein predicted by genscan JAZ7 JAZ7 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7) 17.6 kDa heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana) GGLU3 (BETA GLUCOSIDASE 2); catalytic/ cation binding / hydrolase NAPDH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] PLP4 PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir ATEXLA1 ATEXLA1 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN-LIKE A1) ATS1 LATS1 (ARABIDOPSIS THALIANA SEED GENE 1); calcium ion binding leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:13012. ATHSP90.1 ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,66 -2,67 -2,69 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,89 -2,96 -3,13 -3,15 -3,15 -3,15 -3,22	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0015452 0,0015452 0,00178915 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00019282 0,00017392 0,00289838 0,00019282 0,000212532 0,000221532	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 247172 at 266269 at 266901 at 266901 at 266901 at 266901 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 253930 at 250793 at 261065 at 248332 at 261065 at 247866 at 266265 at 266265 at 266264 at 266294 at 266294 at 266294 at 26107 at 26	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg95580 Artg4414 Artg96580 Artg4230 Artg65550 Artg42950 Artg42950 Artg22100 Artg53540 Artg22100 Artg37050 Artg437050 Artg45970 Artg95600 Artg95600 Artg97550 Artg97550 Artg17840 Artg29340 Artg29300 Artg29500 Artg29500 Artg951070 Artg9610 Artg9610 Artg9610 Artg927310	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,85 -2,96 -2,17 -2,17 -2,85 -2,96 -2,17 -2,17 -2,17 -2,17 -2,17 -2,18 -2,15	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,000124823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00017892 0,00017392 0,00019282 0,0001371 0,0082762 0,00015856 0,00198112 0,0002838 0,00010371 0,0082762 0,0015856 0,00129667 0,00212532 0,000358865 0,00002031 0,00092156 0,00032136	246242 at 265567 at 245243_at 245243_at 245245_at 246222_at 246222_at 246290_at 266290_at 266290_at 266290_at 256454_at 246241_at 246241_at 246241_at 246241_at 246332_at 246332_at 246360_at 247866_at 247866_at 248969_at 266265_at 248969_at 266294_at 246324_at 26609_at 26609_at 266294_at 26609_at 26609_at 26609_at 266294_at 26609_at 266000_at 266000_	Artq05580 Artq05580 Artq05580 Artq4414 Ar3g46230 Artq80160 Artq965550 Ar2g42950 Artq92500 Artq95550 Ar2g34600 Artq95550 Artq92100 Artq9700 Artq9700 Artq9700 Artq97500 Artq9777 Artq9777 Artq97777 Artq9777777777777777777777777777777777777	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,67 -2,69 -2,67 -2,69 -2,77 -2,77 -2,77 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,96 -2,96 -2,95 -2,96 -3,13 -3,15 -3,15 -3,22 -3,23	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,001789 0,0028983 0,00017 0,00800493 0,00017392 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,00019285 0,00188112 0,00028988 0,00010371 0,0082762 0,00188112 0,000289496 0,00188112 0,0008714 0,00824496 0,01209667 0,00212532 0,00358865 0,00002031 0,00092156 0,0035136	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 246222 at 266269 at 266269 at 266269 at 266269 at 266269 at 266269 at 266269 at 254339 at 256454 at 256733 at 250733 at 250733 at 261065 at 247866 at 254691 at 266265 at 246265 at 266264 at 266294 at 266075 at 266075 at 26607 at	Art205580 Art205580 Art1944414 Art3946230 Art1980160 Art4936900 Art5965550 Art2942950 Art2942950 Art2934600 Art1953540 Art4922100 Art492700 Art492700 Art4926740 Art5905600 Art5952640 Art3961040 Art5957550 Art4917840 Art5957550 Art4917840 Art5954630 Art5954630 Art5954630 Art5954070 Art5	unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,66 -2,67 -2,69 -2,67 -2,69 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,96 -3,13 -3,15 -3,15 -3,22 -3,23 -3,23	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0015452 0,0015452 0,00178915 0,01457271 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,00017392 0,00289838 0,000192812 0,000198112 0,00082762 0,000198112 0,00082762 0,00012552 0,000212532 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 247172 at 266269 at 266901 at 266901 at 266901 at 266901 at 266905 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 25566 at 248332 at 261056 at 248056 at 248056 at 266265 at 248691 at 266265 at 248691 at 266265 at 248692 at 266265 at 248692 at 266265 at 248692 at 266264 at 266294 at 2661755 at 2661755 at 266288 at 260288 at 260288 at 260288 at 260291 s at	At4205580 At124414 At3246230 At1380160 At436900 At4365550 At2342950 At234600 At125580 At234600 At125280 At422100 At135580 At437050 At4327050 At4327050 At4326500 At5352640 At5352640 At535750 At4317840 At5345630 At5354070 At5354070 At5354070 At1328400 At1328800 At1328	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,95 -2,13 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,51 -2,51 -2,52 -2,56 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,56 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,57 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,59 -2,52	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,000124823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00017892 0,00017892 0,00017892 0,00019282 0,0001371 0,0082762 0,0001371 0,0082762 0,00115856 0,00198112 0,00028838 0,00010371 0,0082762 0,00115856 0,00198112 0,00035126 0,00035136 0,00035136 0,0035328 0,00269342 0,0035328	246242 at 265567 at 245243_at 245243_at 245245_at 246222_at 246222_at 266290_at 266290_at 266290_at 266290_at 254339_at 256454_at 246241_at 246241_at 246241_at 246245_at 246332_at 247866_at 246365_at 246265_at 246365_at 246265_at 246364_at 246364_at 24646	Artq05580 Artq05580 Artq05580 Artq4414 Artq26580 Artq4230 Artq865550 Artq42950 Artq242950 Artq242950 Artq242950 Artq234600 Artq55260 Artq2740 Artq2740 Artq26740 Artq26740 Artq26740 Artq26740 Artq26740 Artq26740 Artq2740 Artq2740 Artq27500 Artq27500 Artq27500 Artq29340 Artq20340 Artq204	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,66 -2,67 -2,69 -2,69 -2,69 -2,77 -2,77 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,96 -3,15 -3,15 -3,15 -3,22 -3,23 -3,23 -3,25 -2,25 -3,25 -2,25	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,00019283 0,00019283 0,00019838 0,00019838 0,000198312 0,000289438 0,00115856 0,00198112 0,000894496 0,01299667 0,00212532 0,00358865 0,00092156 0,00092156 0,0035136 0,00363298 0,00269342 0,01321398	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 247172 at 266990 at 266901 at 266901 at 266901 at 266901 at 266901 at 266263 at 246241 at 25563 at 25563 at 250793 at 261065 at 247866 at 247866 at 248359 at 266294 at 266294 at 266294 at 266294 at 266294 at 266107 at 266107 at 266294 at 266107 at 266107 at 266294 at 266107 at 26	Artg05580 Artg05580 Artg44414 Artg95580 Artg44414 Artg46230 Artg95580 Artg42950 Artg95550 Artg42950 Artg34600 Artg53540 Artg37050 Artg42700 Artg97500 Artg97500 Artg95600 Artg95750 Artg97550 Artg97500 Artg97550 Artg97500 Artg9770 Artg9	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,57 -2,81 -2,85 -2,96 -2,96 -2,96 -2,95	0,00801122 0,000047948 0,00664737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00038629 0,0009578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00019282 0,00017392 0,00289838 0,00019282 0,00017392 0,00289838 0,000115856 0,00015856 0,00015856 0,00015856 0,00015856 0,00015856 0,00015856 0,00015856 0,0002715 0,0002715 0,0002715 0,0002715 0,0002715 0,0002715 0,0002715 0,0002215 0,00035136 0,00035136 0,00035138 0,000363298 0,000363298	246242 at 265567 at 245243_at 252515_at 262047_at 246222_at 2471772_at 265296_at 266901_at 266901_at 266901_at 265930_at 255454_at 255454_at 25563_at 255930_at 251350_at 261065_at 261065_at 261065_at 264995_at 266264_at 266264_at 266204_at	At4g205580 At1g4414 At3g46230 At1g4606 At4g36900 At5g65550 At2g42950 At2g34600 At1g5550 At2g42950 At4g37050 At4g22100 At1g75280 At4g2700 At4g2700 At4g27050 At3g45970 At4g26740 At5g55600 At5g55600 At5g55600 At5g55600 At5g5750 At4g17840 At5g45630 At2g29300 At5g45630 At2g29300 At5g45630 At2g29300 At5g45630 At2g29300 At5g45630 At1g26400 At1g08170 At1g6400 At1g6400 At1g58860 At1g52560 At1g52560 At1g52560	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,85 -3,13 -3,15 -3,15 -3,35	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,0001242823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00109578 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0100017 0,00800493 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,00019283 0,00010371 0,0082762 0,00115856 0,00198112 0,000289838 0,00010371 0,0082762 0,00115856 0,00198149 0,0002894496 0,01209667 0,0002156 0,00032156 0,00032156 0,00035136 0,00363298 0,00269342 0,00036606 0,00023184	246242 at 265567 at 245243 at 245243 at 245243 at 245245 at 246292 at 266299 at 266299 at 266299 at 266291 at 266291 at 254339 at 256345 at 255330 at 246241 at 255263 at 246241 at 246241 at 246241 at 246263 at 247866 at 247866 at 246891 at 26699 at 26699 at 266294 at 266294 at 26609 at 26107 at 26107 at 26107 at 26118 at 26107 at 26118 at 26118 at 26118 at 26118 at 26118 at 261294 at 26118 at 26118 at 26118 at 26118 at 261294	Art2g05580 Art2g05580 Art1g44414 Art3g46230 Art1g80160 Art4g36900 Art5g65550 Art2g42950 Art2g42950 Art2g34600 Art1g53540 Art4g22100 Art4g22700 Art4g22700 Art4g22740 Art5g05600 Art5g52640 Art3g61040 Art5g57550 Art4g17840 Art5g57550 Art4g17840 Art5g57550 Art4g17840 Art5g54530 Art2g29300 Art5g54630 Art2g29300 Art5g54070 Art5g54070 Art5g54070 Art1g26400 Art1g26400 Art1g5860 Art1g52660 Art1g52660 Art1g52660 Art1g52660 Art1g52660 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260 Art1g5260	 unknown protein predicted by genemark.hmm H>PD174 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genscan JAZ7 JAZ7 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7) 17.6 kDa heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana) BGLU3 (BETA GLUCOSIDASE 2); catalytic/ cation binding / hydrolase NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] PLP4 PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir ATEXLA1 ATEXLA1 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN-LIKE A1) ATS1 LAT1 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN-LIKE A1) ATS1 LAT1 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN-LIKE A1) ATHSP90.1 ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding CYP76C7; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:13012. ATHSP90.1 ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding CYP76C7; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding hypothetical protein is supported by full-length cDNA: Gense: 38412. putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi : 14334839 gb _AY035093.1 putative tropinone inductase : supported by cDNA: gi : 14334839 gb _AY035093.1 putative protein isimilar to unknown protein (FiPI1765035) hsp17.6B-C1 17.6 kDa class I small heat shock protein GB:CAB45849 GI:5262223 from At histone H2B, putative simi
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,53 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,66 -2,67 -2,69 -2,69 -2,69 -2,69 -2,69 -2,85 -2,95	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0015452 0,0015452 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00017892 0,00017392 0,00289838 0,00019282 0,00017392 0,00289838 0,000198112 0,000894496 0,01299667 0,00212532 0,00035136 0,00036136 0,00035136 0,00036136 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136 0,00035136	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 247172 at 266269 at 266901 at 266901 at 266901 at 266901 at 266303 at 256454 at 253930 at 255733 at 253930 at 250793 at 261065 at 247866 at 247866 at 247866 at 247866 at 248359 at 266294 at 266294 at 266294 at 266107 at 266294 at 266107 at 266294 at 266107 at 266107 at 266294 at 266107 at	Art205580 Art205580 Art1944414 Art3946230 Art1980160 Art3965550 Art2942950 Art2942950 Art2942950 Art2942950 Art2942950 Art4922100 Art1975280 Art492740 Art5955600 Art3945970 Art3945970 Art395750 Art4917840 Art3957550 Art4917840 Art3945630 Art2929300 Art5945630 Art2929500 Art5945630 Art3945070 Art4909610 Art1926400 Art19274310 Art19274310 Art1952860 Art1954050 Art1954050 Art3945050 Art5939520	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,52 -2,55 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,56 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,67 -2,85 -3,13 -3,15 -3,22 -3,35 -3,37 -3,38 -3,37 -3,38 -3,37	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,000212823 0,00154352 0,00154352 0,0026525 0,01457271 0,00178915 0,02269525 0,01457271 0,00178915 0,0010977 0,0080743 0,00017392 0,00017392 0,000198838 0,00010371 0,0082762 0,00018856 0,00198112 0,00028748 0,000205136 0,000358865 0,00035136 0,000362156 0,00035136 0,000362156 0,000362156 0,000362156 0,000362156 0,000362156 0,000362136 0,00036 0,00036 0,00036 0,00036 0,00036 0,00036 0,00036 0,00036 0,000036 0,0000000000	246242 at 265567 at 245243_at 245243_at 245245_at 246222_at 246222_at 265269 at 266269 at 266269 at 266269 at 256339 at 256454_at 246241_at 255263 at 246241_at 246241_at 246322_at 246326_at 246360_at 247866_at 248369_at 266294_at 266294_at 266294_at 266294_at 266107_at 261755_at 260248 at 26195_at 26195_at 26195_at 26195_at 26195_at 26195_at 26294_at 26195_at 26295_a	Artq05580 Artq05580 Artq05580 Artq4414 Ar3g46230 Artq8066 Artq365550 Ar2g42950 Ar2g34600 Artq55550 Ar2g34600 Artq5550 Ar4g2100 Artq2100 Artq2100 Artq22100 Artq22100 Artq22500 Artq22700 Artq26740 Artq26740 Artq29340 A	unknown protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,56 -2,56 -2,56 -2,66 -2,67 -2,66 -2,67 -2,69 -2,67 -2,69 -2,77 -2,81 -2,58 -2,56 -2,69 -2,69 -2,77 -2,81 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,85 -2,96 -3,13 -3,15 -3,15 -3,22 -3,23 -3,35 -3,37 -3,38 -3,67 -3,71 -2,71 -2,71 -2,71 -2,71 -2,71 -2,71 -2,95 -3,71 -3,71 -2,71 -2,71 -2,71 -2,71 -2,95 -3,71 -3,71 -2,71 -2,71 -2,71 -2,72 -3,23 -3,23 -3,27	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,001789 0,0028935 0,001789 0,000177 0,00800493 0,0001782 0,00017392 0,00019282 0,00019282 0,00019282 0,00019285 0,00019371 0,0082762 0,0018556 0,0018556 0,0018556 0,00029314 0,00082156 0,00035136 0,00026574 0,00029687 0,00028184 0,00029687 0,00028749	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 262047 at 246222 at 246222 at 265269 at 266269 at 266269 at 266269 at 266269 at 266269 at 254339 at 256454 at 256733 at 250733 at 250733 at 250733 at 261065 at 247866 at 254691 at 266265 at 246265 at 246265 at 246265 at 246265 at 266264 at 266264 at 266264 at 266264 at 266264 at 266264 at 266264 at 266244 at 266175 at 266244 at 2661838 at 26211 s at 266244 at 266148 at 263100 at 263160 at 263650 at	Artq05580 Artq05580 Artq05580 Artq4414 Art3g46230 Artq80160 Art4g36900 Art5g65550 Art2q42950 Art2q34600 Art1g53540 Artq2100 Art1g75280 Art4g2700 Art4g2700 Art4g2740 Art5g05600 Art5g52640 Art5g52640 Art5g57550 Art4g17840 Art5g57550 Art4g17840 Art5g57550 Art4g17840 Art5g57550 Art4g17840 Art5g5750 Art4g17840 Art5g5750 Art4g17840 Art5g5750 Art4g198170 Art5g54070 Art5g54070 Art1g28400 Art1g28400 Art1g5360 Art1g5360 Art1g53520 Art4g36360 Art1g53520 Art5g39520 Art5	 unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genscan JAZ7 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7) 17.6 kDa heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana) BGLU3 (BETA GLUCOSIDASE 2); catalytic/ cation binding / hydrolase NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir ATEXLA1 ATEXLA1 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN-LIKE A1) ATS1 ATS1 (ARABIDOPSIS THALIANA SEED GENE 1); calcium ion binding leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:13012. ATHSP90.1 ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding CYP76C7; electron carrie/ heme binding / iron ion binding / monoxygenase/ oxygen binding hypothetical protein predicted by genemark.hmm XTR3 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLYCOSYLASE 3); hydrolase, acting on glycosyl bonds putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gl +1433483 gb AY035093.1
-2,39 -2,39 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,43 -2,51 -2,51 -2,51 -2,52 -2,56 -2,57 -2,58 -2,58 -2,58 -2,89 -2,95 -3,13 -3,15 -3,15 -3,22 -3,23 -3,26 -3,23 -3,24	0,00801122 0,00047948 0,0064737 0,00215396 0,00078113 0,00212823 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,00154352 0,0015452 0,0015455 0,01457271 0,00178915 0,01000017 0,00800493 0,00019282 0,00017392 0,00029838 0,00019282 0,000198112 0,00029687 0,00212532 0,00029667 0,00212532 0,00035136 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298 0,000363298	246242 at 265567 at 245243 at 252515 at 2452243 at 252515 at 246222 at 247172 at 266209 at 266901 at 266901 at 266901 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 25563 at 253930 at 251733 at 261065 at 247866 at 261065 at 247866 at 266265 at 266264 at 2661755 at 2661755 at 2661755 at 2661755 at 2661155 at 266115 at 26611	Aitg05580 Aitg45580 Aitg4414 Ai3g46230 Aitg4230 Aitg65550 Aitg42950 Aitg42950 Aitg42950 Aitg42950 Aitg242950 Aitg242950 Aitg242950 Aitg2700 Aitg75280 Aitg422100 Aitg75280 Aitg42700 Aitg42740 Aitg426740 Aitg6740 Aitg52640 Aitg6740 Aitg6750 Aitg45600 Aitg57550 Aitg477840 Aitg29340 Aitg45630 Aitg29340 Aitg29340 Aitg45630 Aitg29340 Aitg64070 Aitg69610 Aitg69860 Aitg52560 Aitg52560 Aitg69870 Aitg59860 Aitg59860 Aitg59860 Aitg59520 Aitg46240 Aitg69550 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520 Aitg99520	 unknown protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genemark.hmm HSP17.4 ATHSP17.4 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: Ceres:21663. RAP2.10 RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase hypothetical protein predicted by genscan JAZT (JAZT (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 7) 17.6 kDa heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana) BGLU3 (BETA GLUCOSIDASE 2): catalytic/ cation binding / hydrolase NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] PLP4 PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir ATEXLA1 ATEXLA1 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN-LIKE A1) ATEXLA1 ATEXLA1 (ARABIDOPSIS THALIANA SEED GENE 1); calcium ion binding lucoanthocyanidin doxygenase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 13012. ATHSP90.1 ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding CYP76C7; electron carrier/ heme binding / ion ion binding / monoxygenase/ oxygen binding hypothetical protein predicted by genemark.hmm XTR3 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLYCOSYLASE 3); hydrolase, acting on glycosyl bonds hypothetical protein simplar to unknown protein (pirt]T05035 hsp17.6B-C1 17.6 kDa dass I small heat shock protein (HSP17.6B-C1) HSFA9 AT-HSFA9, DNA binding / transcription factor GASA2 GASA1 PROTEIN HOMOLOG 2) hypothetical protein similar to unknown protein (FISP17.6B-C1) HSFA9 AT-HSFA9, DNA binding / transcription factor GASA2 GASA1 PROTEIN HOMOLOG 2) hypothetical protein similar to EGLUGIS THALLI

-4,09	0,01159223	254333_at	At4g22753	SMO1-3 (STEROL 4-ALPHA METHYL OXIDASE 1-3)
-4,78	0,00073144	265094_at	At1g03890	putative cruciferin 12S seed storage protein
-5,36	0,00034115	254865_s_at	At4g12190	putative protein, fragment other predicted proteins, Arabidopsis thaliana; fragment
-5,75	0,00001284	250620_at	At5g07190	ATS3 ATS3 (ARABIDOPSIS THALIANA SEED GENE 3)



Fold Change	pval (LiMMA)	ProbeID	Transcript ID	Gene Symbol Gene Description
36,05	0,00001512	260221_at	At1g74670	GASA6 (GA-STIMULATED ARABIDOPSIS 6)
20,23	0,00000059	248912_at	At5g45670	GDSL-motif lipase/hydrolase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:18389.
19,84	0,0000023	247210_at	At5g65020	ANNAT2 (Annexin Arabidopsis 2); calcium ion binding / calcium-dependent phospholipid binding
18,37	0,00000005	246250_at	At4g36880	CP1 (CYSTEINE PROTEINASE1); cysteine-type endopeptidase/ cysteine-type peptidase
18,25	0,00004237	259009_at	At3g09260	PYK10; beta-glucosidase/ copper ion binding / fucosidase/ hydrolase,
16,64	0,00000092	250299_at 250992_at	At5g02260	ATEXPAN (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN AT) ATEXPA9 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A9)
16,36	0,00002735	260859_at	At1g43780	scpl44 (serine carboxypeptidase-like 44); serine-type carboxypeptidase
15,91	0,00009142	250214_at	At5g13870	EXGT-A4 (ENDOXYLOGLUCAN TRANSFERASE A4); hydrolase, acting on glycosyl bonds
15,88	0,0000001	253608_at	At4g30290	XTH19 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLUCOSYLASE/HYDROLASE 19); hydrolase
15,87	0,0000629	264371_at	At1g58025 At1g12090	ELP (EXTENSIN-LIKE PROTEIN); lipid binding
14,26	0,00001895	267158_at	At2g37640	EXP3
13,35	0,00000162	259382_s_at	At3g16430	JAL31 (JACALIN-RELATED LECTIN 31); copper ion binding
12,89	0,0000063	264262_at	At1g09200	Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 10388.
12,03	0,00001944	259878_at	At1g76790	putative catechol O-methyltransferase similar to catechol O-methyltransferase GB:CAA55358 [Vanilla planifolia]
12,41	0,0000016	262181_at	At1g78060	xylosidase, putative similar to xylosidase GI:2102655 from [Aspergillus niger]
12,23	0,00000254	267154_at	At2g30870	GSTF10 (HALIANA GLUTATHIONE S-TRANSFERASE PHI 10); copper ion binding / glutathione binding
11,07	0,00010828	254791_at	At4g12910	scpl20 (serine carboxypeptidase-like 20); serine-type carboxypeptidase
10,86	0,00000475	261266_at	At1g26770	ATEXPA10 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A 10); structural constituent of cell wall
10,7	0,00003535	264313_at	At1g70410	BCA4 carbonic anhydrase, putative / carbonate dehydratase, putative
10,64	0,00002142	249121_at	At5g43830	aluminum-induced protein-like ; supported by full-length cDNA: Ceres: 12484.
10,61	0,0000061	261129_at	At1g04820	TUA4; structural constituent of cytoskeleton
10,51	0,00021826	251124_s_at	At5g01040	LAC8 (laccase 8); laccase
10,41	0,00001313	266865_at	At2g29980	FAD3 (FATTY ACID DESATURASE 3); omega-3 fatty acid desaturase
10,14	0,00002194	263431_at	At2g22170	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:15081.
9,81	0,0002063	247037_at	At5g67070	RALFL34 (ralf-like 34); signal transducer
9,74	0,00045566	253534_at	At4g31500	CYP83B1 (CYTOCHROME P450 MONOOXYGENASE 83B1); oxidoreductase,
9,46	0,0002346	256237_at	At3g12610	DRT100 (DNA-DAMAGE REPAIR/TOLERATION 100); nucleotide binding / protein binding
9,44	0,0003845	252348_at	At3g48140	B12D-like protein B12D protein - Hordeum vulgare,PIR2:S60284
8,81	0,00003397	256125_at	At1g18250	ATLP-1
8,65	0,00000349	266588_at	At2g14890	AGP9 (ARABINOGALACTAN PROTEIN 9)
8,62	0,0000697	261745_at	At1g08500	unknown protein
8,52	0,00001127	262958_at	At1g54410	water stress-induced protein, putative similar to water stress-induced protein, GI:454880 from [Oryza sativa]
8,37	0,00006251	260914_at	At1g02640	BXL2 (BETA-XYLOSIDASE 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
8,05	0,00002434	261080_at	At1g07370	PCNA1 (PROLIFERATING CELLULAR NUCLEAR ANTIGEN); DNA binding / DNA polymerase processivity factor
8,01	0,00001931	262230_at	At1g68560	XYL1 (ALPHA-XYLOSIDASE 1); alpha-N-arabinofuranosidase/ hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
7,73	0,00000027	261368_at	At1g53070	protein kinase, putative similar to many predicted protein kinases
7,66	0,0000009	256302_at 247136_at	At1g69526	Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 33120.
7,57	0,00003077	266123_at	At2g45180	unknown protein
7,55	0,00000127	264001_at 261728_at	At2g22420	putative peroxidase (supported by full-length cDNA: Ceres:113695.
7,43	0,0000045	245688_at	At1g28290	AGP31 (arabinogalactan-protein 31)
7,36	0,00001268	254110_at 260869_at	At4g25260 At1g43800	putative protein pectinesterase - Citrus sinensis, PID:g2098705 stearovI acvI carrier protein desaturase
7,27	0,00003484	252711_at	At3g43720	lipid-transfer protein-like protein nonspecific lipid transfer protein, loblolly pine, PIR:S51816
7,23	0,0000055	255578_at 252606_at	At4g01450 At3g45010	predicted protein of unknown function similar to M. truncatula MtN21 scpl48 (serine carboxypeptidase-like 48): serine-type carboxypeptidase
7,09	0,00000126	251065_at	At5g01870	lipid-transfer protein-like lipid-transfer protein - Nicotiana glauca, EMBL:AF151214
6,91	0,0000198	261412_at 257798 at	At1g07890 At3g15950	APX1 (ascorbate peroxidase 1); L-ascorbate peroxidase NAI2
6,67	0,00016258	255433_at	At4g03210	XTH9 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLUCOSYLASE/HYDROLASE 9); hydrolase, acting on glycosyl bonds
6,53	0,00026471	249817_at 248427 at	At5g23820 At5g51750	putative protein similar to unknown protein (piril 1009/0); supported by cDNA: gi_15215/22_gb_AY050390.1_ ATSBT1.3 (ARABIDOPSIS THALIANA SUBTILASE 1.3); identical protein binding / serine-type endopedtidase
6,53	0,00034151	258750_at	At3g05910	putative pectinacetylesterase similar to GB:CAA67728 from [Vigna radiata]
6,41	0,0005116	258930_at	At3g10040	unknown protein
6,35	0,022847	247431_at	At5g62520	SRO5 (SIMILAR TO RCD ONE 5); NAD+ ADP-ribosyltransferase
6,33	0,00047583	259131_at	At3g02180	SP1L3 (SPIRAL 1-LIKE3)
6,29	0,00000554	253947_at	At4g26760	
6,22	0,00045462	249895_at	At5g22500	FAR1 (FATTY ACID REDUCTASE 1); fatty acyl-CoA reductase (alcohol-forming)/ oxidoreductase
6,21	0,00008097	263153_s_at	At1g54010	myrosinase-associated protein, putative similar to myrosinase-associated protein GI:1769969 from [Brassica napus];
6,13	0,00130043	251109_at	At5g01600	FER1; ferric iron binding / iron ion binding
6,11	0,00022886	262978_at	At1g75780	TUB1; GTP binding / GTPase/ structural molecule
6,06	0,00003245	248139_at	At5g54970	putative protein similar to unknown protein (pir T04819)
6,05	0,00011315	266215_at	At2g06850	EXGT-A1 (ENDOXYLOGLUCAN TRANSFERASE); hydrolase, acting on glycosyl bonds / xyloglucan
5,93	0,00000676	266770_at	At2g03090	ATEXPA15 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A15)
5,88	0,00007578	245629_at	At1g56580	hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by cDNA: gi_16648668_gb_AY058110.1
5,87	0,00006289	253684_at	At4g29690	nucleotide pyrophosphatase - like protein
5,87	0,00000064	263758_s_at	At2g21260	putative NADPH dependent mannose 6-phosphate reductase ; supported by full-length cDNA: Ceres: 21730. PROPEP4 (Elicitor pentide 4 precursor)
5,68	0,000105	257130_at	At3g20210	DELTA-VPE; cysteine-type endopeptidase
5,63	0,00000064	247026_at 258487_at	At5g67080 At3g02550	MAPKKK19; ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein serine/threonine kinase
5,53	0,00011282	260986_at	At1g53580	GLY3 (GLYOXALASE II 3); hydrolase/ hydroxyacylglutathione hydrolase
5,46 5,46	0,0003018	253437_at 267175_s_at	At4g32460 At2g37620	putative protein mRNAs from Ricinus communis and Medicago sativa, Z81012 and L36159
5,45	0,00000743	261330_at	At1g44900	ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase
5,42 5,4	0,00000586 0,0000088	252870_at 261831_at	At4g39940 At1g10630	AKNZ (APS-kinase 2); ATP binding / adenylylsulfate kinase/ kinase/ transferase ATARFA1F (ARABIDOPSIS THALIANA ADP-RIBOSYLATION FACTOR A1F); GTP binding / copper ion binding

Tabla 10. Genes desregulados en el mutante *spt* con con valores de FQ 2 y pval \leq 0,05 para los sobreexpresados y de FC \leq -2 y pval \leq 0,05 para los reprimidos.

5,38	0,00001055	246098_at	At5g20400	enviene-torming-enzyme-like dioxygenase-like protein
5 35	0.0000742	253606 at	At4g39950	CTF7952, electron camer/ neme binding / nonrol binding / nonroloxygenase/ oxygen binding
5.34	0.00003734	256525 at	At1g66180	unknow protein supported by full-length CDNA: Ceres:99625.
5,32	0,00000049	251323 at	At3q61580	delta-8 sphingolipid desaturase ;supported by full-length cDNA: Ceres:34427.
5,31	0,00004319	252024_at	At3g52880	ATMDAR1 monodehydroascorbate reductase, putative
5,3	0,00000635	267212_at	At2g44060	similar to late embryogenesis abundant proteins ; supported by full-length cDNA: Ceres: 2450.
5,26	0,00191476	246855_at	At5g26280	putative protein various predicted proteins, Arabidopsis thaliana;supported by full-length cDNA: Ceres:1360.
5,26	0,00007175	252927_at	At4g39090	RD19 (RESPONSIVE TO DEHYDRATION 19); cysteine-type endopeptidase/ cysteine-type peptidase
5,25	0,00000715	258857_at	At3g02110	scpl25 (serine carboxypeptidase-like 25); serine-type carboxypeptidase
5,19	0,00002253	249469_at	At5g39320	UDP-glucose dehydrogenase-like protein UDP-glucose dehydrogenase - Glycine max, EMBL:U53418
5,16	0,01178622	255807_at	At4g10270	probable wound-induced protein wound-induced protein, Lycopersicon esculentum, PIR2:S19773
5,15	0,00017254	253255_at	At4g34760	putative auxin-regulated protein auxin-induced protein X15, Glycine max, PIR2:JQ1097
5,07	0,00002121	264462_at	At1g10200	WLIM1; transcription factor/ zinc ion binding
5,06	0,00051891	243012_at	At4g14440	HCD1 (3-HTDROATACTL-COA DEHTDRATASE 1); camiune tacemase/ catalytic/ dodecenoji-coa deita-isomerase
5.04	0,00004103	201040_at	At1g50010	TIIA2: structural constituent of cytoskeleton
4 94	0.00507709	246825 at	At5g26260	nutative protein various predicted proteins. Arabidopsis thaliana
4.9	0.00000194	247192 at	At5q65360	histone H3 (solP05203) : supported by cDNA; gi 13926210 gb AF370577.1 AF370577
4,9	0,00001481	251287_at	At3g61820	putative protein nucleoid DNA-binding protein cnd41, chloroplast - Nicotiana tabacum, EMBL:D26015
4,88	0,00000719	249147_at	At5g43330	cytosolic malate dehydrogenase ;supported by full-length cDNA: Ceres:40174.
4,83	0,00031955	247097_at	At5g66460	mannan endo-1,4-beta-mannosidase
4,82	0,00039721	252022_at	At3g52930	fructose bisphosphate aldolase - like protein fructose bisphosphate aldolase, garden pea, PIR:S58167
4,81	0,0002294	253600_at	At4g30810	scpl29 (serine carboxypeptidase-like 29); serine-type carboxypeptidase
4,8	0,00017836	260745_at	At1g78370	ATGSTU20 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 20); glutathione transferase
4,74	0,00067828	260506_at	At1g47210	CYCA3;2 cyclin family protein
4,72	0,00091357	262575_at	At1g15210	PDK/ (PLEID I KOPIC DRUG RESISTANCE /): AT Pase, coupled to transmembrane movement of substances
4,08	0,00002533	200832_at	At3g22880	DWC1 (DISROPTION OF MEIOTIC CONTROL 1); ATP binding / DNA-dependent ATPase
4,00	0.00001598	251487 at	At3q59760	OASC (0-ACETVI SERINE THIOL) I VASE ISOFORM C: ATP binding / cysteine synthase
4.65	0.00037128	248886 at	At5q46110	APE2 (ACCLIMATION OF PHOTOSYNTHESIS TO ENVIRONMENT 2); antiporter
4,63	0,00000433	260230_at	At1g74500	putative DNA-binding protein contains Pfam profile: PF00010 helix-loop-helix DNA-binding domain
4,58	0,00001196	259366_at	At1g13280	AOC4 (ALLENE OXIDE CYCLASE 4); allene-oxide cyclase
4,55	0,0000738	252316_at	At3g48700	ATCXE13 (ARABIDOPSIS THALIANA CARBOXYESTERASE 13); hydrolase
4,53	0,0000005	263016_at	At1g23410	ubiquitin extension protein, putative similar to ubiquitin extension protein (UBQ5)
4,52	0,00016928	245803_at	At1g47128	RD21 (responsive to dehydration 21); cysteine-type endopeptidase/ cysteine-type peptidase
4,5	0,00011295	250110_at	At5g15350	putative protein many predicted proteins, Arabidopsis thaliana
4,5 4 40	0,00001438	202039_at	At3a23730	vinational protein Location of esc 150A2517 (gb[145563); supported by full-length CDNA: Ceres: 28177.
4,49	0.00050921	259935 at	At1g71250	putative GDSL-motif lipase/acylhydrolase contains Pfam profile: PE00657 lipase/acylhydrolase with GDSL-like motif
4,44	0,00008372	265480 at	At2q15970	COR413-PM1
4,43	0,00008196	247606_at	At5g61000	RNA helicase
4,38	0,00010808	266118_at	At2g02130	LCR68 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 68); peptidase inhibitor
4,34	0,00000544	257938_at	At3g19820	DWF1 (DWARF 1); calmodulin binding / catalytic
4,34	0,00007681	258376_at	At3g17680	hypothetical protein similar to GB:AAD49756 from [Arabidopsis thaliana]
4,33	0,0007694	267266_at	At2g23150	NRAMP3 (NATURAL RESISTANCE-ASSOCIATED MACROPHAGE PROTEIN 3)
4,3	0,00004312	259391_s_at	At1g06350	derta 9 desaturase, putative similar to derta 9 desaturase GI:29/0034 from [Arabidopsis thailana]
4,29	0,00008043	263496 at	Att2n42570	ATOSTOZO (ARABIDOFSIS THALIANA GLOTATHIONE 3-TRANSPERASE TAO 20), giutatinone transierase
4,16	0.00046145	261502 at	At1q14440	AtHB31 (ARABIDOPSIS THALIANA HOMEOBOX PROTEIN 31): DNA binding / transcription factor
4,15	0,00131298	260896 at	At1g29310	flower pigmentation protein ATAN11
4,13	0,00032337	247348_at	At5g63810	BGAL10 (beta-galactosidase 10); beta-galactosidase/ catalytic/ cation binding
4,12	0,00020645	247760_at	At5g59130	subtilisin-like serine protease contains similarity to prepro-cucumisin GI:807698 from [Cucumis melo]
4,12	0,0023303	265990_at	At2g24280	putative prolylcarboxypeptidase
4,11	0,00004065	258276_at	At3g15710	putative signal peptidase 21kba subunit similar to signal peptidase 21kba subunit GB:BAA76439 [Rattus norvegicus]
		005074 ++	A10+000000	
4,11	0,00020402	265374_at	At2g06520	PSBX (photosystem II subunit X) ISD4 (http://cspecific.pspc.ific.p
4,11 4,09 4.09	0,00020402 0,00025603 0,00008215	265374_at 259381_s_at 266119_at	At2g06520 At3g16390	PSB4 (photosystem il subunit X) NSP1 (NITRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR88 (I/OWMOLECI II AR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 60): pantidasa inhibitor
4,11 4,09 4,09 4,08	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00006771	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944 at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520	PSBX (photosystem if subunit X) NSPI (NITRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00006771 0,00003654	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 248419_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520 At5g51550	PSBX (photosystem if subunit X) NSP1 (NITRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3)
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,05	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,00000262	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 248419_at 247651_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520 At5g51550 At5g59870	PSBX (photosystem il subunit X) NSP1 (NITRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,05 4,03	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,0000262 0,00005753	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 248419_at 247651_at 247651_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520 At5g51550 At5g59870 At5g60860 At5g60860	PSBX (photosystem il subunit X) NSP1 (NITRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,05 4,03 4,02	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008771 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,00064899 0,0062825	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 248419_at 247651_at 247657_at 250444_at 250444_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520 At5g51550 At5g59870 At5g60360 At5g10560 At5g10560	PSBX (photosystem if subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CVPB E4: doorton exercised here biodic functional functional company and proteines
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,05 4,03 4,02 4 4	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008771 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,00064899 0,00622635 0,00003156	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 247651_at 247651_at 247627_at 2500444_at 253073_at 253387_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520 At5g51550 At5g59870 At5g60360 At5g10560 At4g37410 At4g33010	PSBX (photosystem il subunit X) NSP1 (NITRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX.3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AGLDP1 (Arabidopsis failaina alvira) decardbroydase Purotein 10: realtwic/ advictore debudrogenase.
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,05 4,03 4,02 4 4 4 4 3,99	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00008215 0,00008271 0,00008771 0,00008753 0,00005753 0,000622635 0,000080332	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 248419_at 247651_at 247627_at 250444_at 253073_at 253287_at 257712_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520 At5g59870 At5g59870 At5g60360 At5g10560 At4g37410 At4g3300	PSBX (protosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL2 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXJ3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGSTU27 (GULITATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27): olutathione transferase
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,05 4,03 4,02 4 4 4 3,99 3,99	0,00022402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,000003654 0,00000262 0,0000262 0,00005753 0,00064899 0,00622635 0,00003156 0,00080332	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 247651_at 247665_at 247627_at 253073_at 253387_at 252712_at 266229_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520 At5g51550 At5g61550 At5g10560 At5g10560 At4g37410 At4g33010 At3g43800 At2g28840	PSBX (photosystem il subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / ron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fialiana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase Dutative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; ai 13926221 ab AF370581.1 AF370581
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,05 4,05 4,05 4,00 4,02 4 4 4 3,99 3,99 3,99	0,00022402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00008215 0,0000262 0,0000262 0,0000262 0,0000262 0,0000262 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000552	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 247651_at 247651_at 250444_at 253073_at 253387_at 252712_at 266229_at 266229_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g19520 At5g51550 At5g60360 At5g10560 At4g37410 At4g37410 At4g33010 At3g43800 At2g28840 At2g29570	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergilus nidulans, EMBL:ANXLND beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergilus nidulans, EMBL:ANXLND Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergilus nidulans, EMBL:ANXLND Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergilus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis inlaina glycine decarboxylase - Protein 1); zatalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gl_13926221, gb.AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING ECLL NUCLERA NTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,05 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97	0,00022402 0,00025603 0,00006771 0,00006771 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00004899 0,00062835 0,00004899 0,00028332 0,00003156 0,000080332 0,0000151	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 247651_at 247657_at 250444_at 253073_at 253387_at 252712_at 266229_at 266229_at 266297_at 266291_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g51550 At5g591550 At5g59870 At5g60360 At4g37410 At4g33010 At3g43800 At2g28840 At2g28840 At2g29570 At5g46280	PSBX (photosystem il subunit X) NSP1 (NITILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL0 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX13 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL-ANXLND CVP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis thaliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gl. 13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL, NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 J DNA replication licensing factor, putative
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,03 4,03 4,03 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,00005753 0,00005753 0,00005753 0,00005753 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,00001542	265374_at 259381_s_at 266119_at 245944_at 2445944_at 247651_at 247627_at 250444_at 253073_at 253387_at 252712_at 266229_at 266229_at 266239_at 268239_at 268533_s_at	A12g06520 A13g16390 A15g19520 A15g51550 A15g59870 A15g50360 A15g50360 A14g37410 A14g33010 A14g433010 A14g433010 A14g28840 A12g28840 A12g28570 A15g46280 A12g16850	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MS19 (IMECHANOSENSTIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBLANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fulliana glycine decarbox/lase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein; supported by cDNA: gj. 1326221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] ONA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel
4,11 4,09 4,08 4,08 4,05 4,05 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003653 0,0000262 0,00005753 0,000624635 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000152 0,0001487 0,000027169	265374_at 259381_8_at 265119_at 245944_at 248419_at 247651_at 247657_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 266229_at 266239_at 266633_8_at 266633_8_at	Al2g06520 Al2g02100 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g50360 Al5g0360 Al4g37410 Al3g433010 Al2g28840 Al2g28570 Al5g46280 Al2g28570 Al5g46280 Al2g1850 Al2g1850 Al2g1850 Al2g1850 Al2g1850 Al2g770	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX.3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monoxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monoxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); supported by cDNA: gi_13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2:8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) (dentical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana]
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,06 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,95 3,94 2,99	0,00022402 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,00064899 0,00622635 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00001552 0,0001041 0,0000552 0,0000141 0,000027169 0,00043962	265374_at 259381_8_at 2696119_at 245944_at 247651_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 253073_at 253073_at 252712_at 266229_at 266229_at 248891_at 266229_at 267629_5	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g51550 At5g59570 At5g60360 At5g10560 At4g37410 At3g43800 At2g28840 At2g28840 At2g28570 At5g46280 At2g16850 At3g09440 At1g10760	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEIN 4) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEIN 4) MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX.3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ArGLDP1 (Arabidopsis finaliana glycine decarboxylase - Protein 1); zatalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gl_13926221, gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLERA ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76666 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alph-glucan, water dikinase KCS10 (ALKETOACYL (COA SYNTHASE 10); or adverted restriction (at-hsc70-3) (attrictal to (at-hsc70-3) (attrictal to (at-hsc70-3) (attricta)
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,03 4,05 4,03 4,02 4 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,9	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,00005753 0,00005753 0,00005753 0,00064899 0,000252635 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,0000154 0,0000154 0,00001487 0,00027769 0,0001349 0,00013492	265374_at 259381_s at 266119_at 245944_at 247651_at 247651_at 247627_at 250444_at 253073_at 253073_at 252712_at 266229_at 266229_at 266297_at 26829_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g51550 At5g591550 At5g59870 At5g60360 At4g37410 At4g33010 At3g43800 At2g28840 At2g28840 At2g28840 At2g16850 At3g0840 At3g0840 At3g0840 At1g10760 At5g08650	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MS19 (MECHANOSENSTIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase. Aspergllus nidulans, EMBLANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron oxoyagenase/ oxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis thaliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gj. 1392621; gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-Isc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); apha-glucan, water diknase KCS10 (3-KETOACVL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase_catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana proprohopondyrase fib inorganic dihoponhatase/ nummohoponhatase
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,06 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00005753 0,000628235 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,000011849 0,000011349 0,000011349	265374_at 259384_s.at 269384_at 246419_at 247651_at 247651_at 247657_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 253073_at 266239_at 266239_at 266239_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 2667377_at 267377_at 263266_at	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g51550 Al5g51550 Al5g50360 Al5g10560 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28570 Al5g46280 Al2g16850 Al4g10760 Al4g26250 Al5g09650 Al5g09650 Al1g13080	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CVP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ARGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase Databack Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CVP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ARGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase Dytative RING zinc finger ankyrin protein : supported by cDNA: gl, 1326221 gb_AF370581.1 _AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL, NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MGM3 J DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMM EMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GBCAA76606 [Arabidopsis thaliana] EX1 (GTARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water diknase KCS10 (3-KETOACYL-COA S'NTHASE 10); acy/
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,02 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,95 3,94 3,94 3,91 3,91	0,00022402 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00005753 0,0000262 0,00005753 0,00002753 0,00003156 0,000033156 0,000033156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,000027169 0,00001487 0,00002977 0,000227419 0,00002977	265374_at 259381_8_at 266119_at 2445944_at 248419_at 247651_at 247657_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 266229_at 266229_at 266233_s_at 266533_s_at 266533_s_at 258979_at 266533_s_at 258979_at 266533_s_at 258979_at 266533_s_at 26737_at 26737_at 26737_at 26739_at 26	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g60360 Al4g07410 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28570 Al5g46280 Al2g28570 Al5g46280 Al2g28570 Al5g46280 Al2g2850 Al2g1850 Al2g09440 Al1g10760 Al5g09650 Al5g09650 Al1g13080 Al2g39705	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NITILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX13 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis filaliana glycine decarboxylase P-protein 1); zatalytic/ dycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING Zinc Ginger ankyrin protein ; supported by cDNA; gl 13926221 gb.AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alph-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ zatalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP7182 (CYTOLIROME MC6 7162); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8)
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,06 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00006771 0,00003654 0,00003654 0,00005753 0,00064899 0,00622635 0,000054899 0,000622635 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000552 0,00015147 0,00027169 0,00027169 0,000277419 0,0002277419 0,00002977	265374_at. 259381_s_at 26919_at 246944_at 247651_at 247651_at 250444_at 253073_at 253073_at 2532712_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 267377_at 266229_at 267377_at 266229_at 267391_at 267591_at 267591_at 267591_at 267591_at 267591_at	At2g06520 At3g16390 At2g02100 At5g51550 At5g51550 At5g60360 At4g37410 At4g37410 At4g33010 At2g28840 At2g28840 At2g28840 At2g28870 At5g46280 At2g16850 At3g09400 At1g10760 At1g20650 At1g20950 At1g20010	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NITILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX.3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis thaliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gl_13926221, gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROUFERATING CELL NUCLERA ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (AL-hsc70-3) identica to (AL-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GBCCAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase AKPPa6 (Arabidopsis thaliana prophosphorylase 6]; inorganic diphosphatase/ prophosphatase CYP182 (CYTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding /
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,03 4,03 4,02 4 3,99 3,97 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00005753 0,00062835 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00005552 0,0001147 0,00001487 0,00001487 0,00001487	265374_at 259341_s_at 269341_s_at 246419_at 247651_at 247651_at 247657_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 2532712_at 266239_at 266259_at 266259_at 266259_at 266253_s_at 266553_s_at 266553_s_at 266253_s_at 266555_s_at 2665555_s_at 266555_s_at 2665555_s_at 2665555_s_at 2665555555_s_at 26655555555555	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g0360 Al4g37410 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al4g33010 Al2g28840 Al2g29570 Al5g46280 Al2g16850 Al2g16850 Al2g2650 Al5g09660 Al4g3705 Al1g13080 Al2g39705 Al1g2010 Al5g51560	PBBX (photosystem il subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ARGLP1 (Arabidopsis fialiana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gi, 1392621 gb_AF3705811.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 J DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1): alpha-glucan, water diknase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10): acyltransferase/ catalytic/ transferase KOS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10): acyltransferase/ prophosphatase CYPT0ELR/CME P450 7182; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monoxyge
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00005753 0,000622635 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00001552 0,00001571 0,000027169 0,00001349 0,00001349 0,00001349 0,00001349 0,00001367 0,00001867 0,00001867	265374_at 259381_8_at 245944_at 245944_at 244419_at 247651_at 247627_at 250444_at 253073_at 253073_at 252712_at 266239_at 266239_at 266533_s_at 266533_s_at 266533_s_at 258979_at 262784_at 266533_s_at 265396_at 263266_at 263266_at 263266_at 263266_at 263266_at 263266_at 263266_at 263266_at 263266_at 26326_a	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g63650 Al5g6360 Al5g10560 Al4g37410 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28570 Al5g46280 Al2g28570 Al5g46280 Al2g26250 Al1g10760 Al2g26250 Al1g1080 Al2g26250 Al1g13080 Al2g26250 Al1g13080 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al1g20010 Al2g2650 Al2g1560 Al2g2650 Al2g1560 Al2g2650	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEIN 4) SEX13 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis faliana glycine decarboxylase P-protein 1); zatalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gi_ 13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2.8 (PLASMM MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); abp-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUBS; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase, supported by full-length cDNA; Ceres:15013. SKU6; copper ion binding / oxidoreductase
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,95 3,95 3,94 3,91 3,91 3,87 3,86 3,85 3,85 3,85	0,00022402 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,000622635 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,000027169 0,00027169 0,000027719 0,00027179 0,00027179 0,0002176	265374_at 259381_8_at 26919_at 246914_at 247651_at 247651_at 247651_at 247627_at 250444_at 253073_at 253073_at 252712_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266235_a_at 266235_at 26633_5_at 267351_at 26633_5_at 267351_at 26635_a_at 267351_at 267351_at 26635_a_at 267351_at 26635_a_at 26735_a_at 26635_at 26635_at 26655_at 26655_at 26655_at 2665	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g60360 Al5g10560 Al4g37410 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g29570 Al5g46280 Al2g16850 Al2g16850 Al2g2650 Al1g10760 Al5g61560 Al1g2070 Al5g61560 Al1g212420 Al1g21240 Al1g2140 Al	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NITILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX13 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AGLDP1 (Arabidopsis filainan glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gl_13926221, gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING ECLL NUCLERA ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltrasferase/ catalytic/ transferase AtPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFLB (ROTUNDIFOLLA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase :supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5; (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase SKU55 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase SKU55 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,06 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001865 0,00001865 0,00001867 0,00002776 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176	265374_at 259381_8_at 265934_at 246419_at 247651_at 247651_at 247657_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 2532712_at 266229_at 266229_at 266229_at 266233_s_at 266533_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 2627591_at 26263_at 26363_at 26363_at	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g50870 Al5g00360 Al4g37410 Al4g33010 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g2650 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28650 Al3g09440 Al2g29705 Al5g09650 Al1g13080 Al2g39705 Al1g2010 Al5g51560 Al4g12420 Al4g12420 Al4g12420 Al4g27860 Al4g2710	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fhaliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gl. 13926221 gb.AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIPOLIA LIKE 8) TUBS; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase :supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5; copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKU5-SMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks4 (SKU5-SMILAR 6); pectinesterase
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,000624899 0,00622635 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,00001867 0,00001867 0,00001867 0,0000174 0,00002176 0,0000187 0,0000174 0,00002176 0,0000174 0,00002176 0,0000174 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176	265374_at. 259381_s_at 265944_at. 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 266239_at 266239_at 266533_s_at 266533_s_at 266533_s_at 266533_s_at 266533_s_at 266533_s_at 267591_at 262784_at 267591_at 262784_at 262784_at 262784_at 262784_at 2633_at 2633_at 2633_at 2633_at 2633_at 264363_at 265465_at 265465_at 265465_at 265465_at 265465_at 265465_at 265465_at 265465_at 265565_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 2656555_at 265655_at 265655_at 265655_at 2656555_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 265655_at 2656555_at 26565555_at 2655555_at 2655555555	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g51550 Al5g51550 Al5g50870 Al5g60360 Al4g37410 Al3g43800 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2650 Al3g09440 Al2g26250 Al5g09650 Al2g26250 Al5g09650 Al2g3705 Al1g2010 Al2g26250 Al1g13080 Al2g39705 Al1g2010 Al2g27800 Al4g21860 Al4g27860 Al4g27800 Al4g2770 Al4g270 Al	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND OCYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ATGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ATGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ATGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine by cDNA: gi_13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase (KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase CYP71B2; (CYTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like/SIMILAR 8); predinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSEUDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SKUE-SIMILAR 8); poper ion binding / oxidoreductase AXS2 (UDP-D-APIOSEUDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks4 (ISVU5 Similar 4); coper ion binding / oxidoreductase AXS2 (UDP-D-APIOSEUDP-D-XYLOSE
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00005753 0,0000262 0,00005753 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000552 0,0001487 0,000027169 0,00001867 0,00001741 0,00002176 0,00001867 0,0000174 0,0000174 0,00007749 0,0000174 0,00007749	265374_at 259381_8_at 266119_at 244944_at 2449149_at 247651_at 247651_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 266229_at 266229_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266233_a_at 266233_a_at 266533_a_at 267591_at 267591_at 267291_at 267291_at 267291_at 267291_at 267391_at 267391_at 267291_at 266230_at 267391_at 267293_at 267391_at 267291_at 267293_at 267391_at 267295_at 266320_at 267420_at 267420_at 267420_at 267420_at 267420_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g60360 Al5g10560 Al4g37410 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28570 Al5g46280 Al2g29570 Al5g46280 Al2g29570 Al5g46280 Al2g29570 Al5g46280 Al2g2650 Al2g0940 Al2g1860 Al2g2780 Al5g51560 Al1g2010 Al5g51560 Al1g12420 Al1g12420 Al1g12420 Al1g27860 Al2g27860 Al2g2780 Al2g2780 Al2g2780 Al1g22710	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NITILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX13 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase putative RING 2iro dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING 2iro Enger ankyrin protein ; supported by cDNA; ig_i 13926221 gb. AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMM MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2; 8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alph-glucan, water dikinase (KS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP7182 (CYTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLLA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase ; supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5; GNU5-SIMILAR 6]; pectinesterase AKS2 (LOP-D-APIOSELUPD-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase aks4 (SKU5 Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase AKS2 (SUP-D-DAPIOSE)CUPD-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxyl
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008771 0,00003654 0,0000262 0,00005763 0,00062635 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001867 0,00002776 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002784 0,00002784	265374_st. 265374_st. 265384_st. 2659344_st. 246419_at 2446419_at 2446419_at 2446419_at 244621_at 246627_at 250444_at 253073_at 253073_at 2532712_at 266229_at 266229_at 266229_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 262246_at 2627591_at 26226_at 2627591_at 26226_at 2627591_at 26226_at 262633_at 261144_at 264204_at 264204_at 264204_at 26613_at	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g50870 Al5g0360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al4g33010 Al2g28840 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al5g09650 Al5g09650 Al1g13080 Al2g27865 Al1g2010 Al5g51560 Al4g124201 Al1g41830 Al2g27860 Al4g2210 Al1g2770 Al1g22710 Al1g238860	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fulliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gi, 13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2:8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identicat to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFLB (ROTUNDIPOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase -supported by full-ength cDNA: Ceres:15013. SKU5; copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKU5-Similar 4); opedinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SKU5-Similar 4); opedinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SKU5-Similar 4); opedinesterase AXS2 (SUCPSE-PROTON SYMPORTER 2); carbohydrate transmembrane transporter YLS5
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,06 4,03 4,02 4 4 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00005552 0,000147 0,00001349 0,00001349 0,00001349 0,00001349 0,00001349 0,00001349 0,00001349 0,00011349 0,00001345 0,00001867 0,00001867 0,0000187 0,0000187 0,0000187 0,0000187 0,0000187 0,0000187 0,0000187 0,0000187 0,0000187 0,0000187 0,0000239 0,0000238 0,0000239 0,0000238 0,0000235	265374_at. 265374_at. 265384_s.at 265944_at 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 266229_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266236_at 266236_at 267591_at 267591_at 262784_at 262784_at 262784_at 262784_at 262784_at 262784_at 262784_at 26286_at 262736_at 26286_at 262636_at 264204_at 264204_at 266167_at 263317_at	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g51550 Al5g51550 Al5g50870 Al5g60360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al2g2880 Al2g2880 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g26250 Al5g16860 Al2g26250 Al1g10300 Al2g3705 Al1g2010 Al2g2710 Al5g21860 Al2g27860 Al2g27800 Al2g27800 Al1g22710 Al1g22710 Al2g38860 Al2g3860 Al2g2250	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND DALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CVP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CVP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis faliana glycine decarboxylase Protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase Dutative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gl, 13326221 gb, AF3705811. AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMM MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1): alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acylransferase/ catalytic/ transferase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TTUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase sisupported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKK5 (SKNE)-SMILLAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks4 (ISKU5 Similar 4); copper ion binding / voidoreductase AXS2 (UDP-D-APIOSE/U
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99	0,0002/04/02 0,00025603 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003657 0,00004899 0,000622635 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,000027769 0,000043962 0,00011349 0,000043962 0,00011349 0,00004096 0,00011349 0,00004096 0,00001867 0,00004096 0,00001867 0,0000174 0,00002776 0,0000178 0,0000178 0,0000178 0,0000278 0,0000178 0,0000278 0,0000178 0,0000278 0,00000278 0,0000278 0,00000278 0,00000278 0,00000278 0,00000278 0,00000278 0,00000278 0,00000278 0,00000278 0,00000278 0,00000000000000000000000000000000000	265374_at 259381_8_at 26919_at 249944_at 249449_at 247651_at 247651_at 247627_at 250444_at 253073_at 253073_at 252712_at 266239_at 266239_at 266239_at 266533_s_at 266533_s_at 266533_s_at 26784_at 267946_at 267946_at 267946_at 267946_at 267946_at 267946_at 267946_at 267946_at 267946_at 267946_at 267946_at 266205_s_at 266205_s_at 266167_at 266167_at 266745_at 2	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g50870 Al5g60360 Al4g07410 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28570 Al5g46280 Al2g2850 Al2g16850 Al2g26250 Al5g09650 Al1g10766 Al2g26250 Al5g09650 Al1g2010 Al2g27860 Al4g12420 Al1g27860 Al4g22710 Al5g27860 Al4g22710 Al1g22710 Al1g22710 Al1g22710 Al1g22710 Al1g22710 Al5g1560 Al1g22710 Al1g22710 Al1g22710 Al5g2850 Al5g1560 Al1g22710 Al1g22710 Al1g22710 Al5g2860 Al5g12250 Al5g2270 Al5g	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX.3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYR91F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis fillatina glycine decarboxylase P-protein 1); zatalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gi_13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEM 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2:8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); abph-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFLB (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein hinase; supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5; copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pecInesterase AtbZIP4 (Arabidopsis thaliana basic leucine-zipper 44); DNA binding / protein heterodimerization SUC2 (SUCROSE-PROTON SYMPORTER 2); carbohydrate transmembrane transporter YLS5 TUB6 (BETA-6 TUBULIN); structural constituent of cytoskeleton UDP-glucose dehydrogenase, putative UDP-glucose 6-dehydrogenase (UDPGDH) GB:Q96558 from [Glycine max]
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,06 4,03 4,02 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,00062635 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001148 0,000027719 0,00027719 0,00027719 0,00027719 0,00027719 0,0002775 0,00001867 0,0000277 0,00002775 0,00002755 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002775 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,000002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,00002755 0,000002755 0,	265374_st. 265374_st. 265384_st. 2659344_st. 246419_at 2446419_at 2446419_at 2446419_at 2446419_at 2446419_at 246627_at 250444_at 250444_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 262246_at 2627591_at 26226_at 2627591_at 26226_at 2627591_at 26226_at 262633_at 262633_at 261114_at 264204_at 26633_at 266167_at 265745_at 265745_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g50870 Al4g37410 Al4g33010 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g2870 Al5g09650 Al1g13080 Al2g27860 Al4g1242010 Al1g27710 Al1g27710 Al1g22710 Al1g22860 Al3g29360 Al1g29360 Al3g29360 Al1g29360 Al3g29360 Al3g29360 Al1g41820	PBBX (photosystem il subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fualiana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gj. 13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2.8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2.8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIPOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase : supported by full-ength cDNA: Ceres:15013. SKU5; copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKU5-SilmILAR 6); pecInesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKS6 (SKU5-SilmILAR 6); pecInesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001867 0,0000174 0,00001867 0,0000174 0,0000174 0,000017514 0,00002176 0,00002176 0,00001278 0,0000238 0,00000238 0,0000558 0,000558 0,	265374_at. 259341_s_at 259341_s_at 265119_at 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 2532712_at 266237_at 266237_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267371_at 267373_at 267373_at 266233_at 266233_at 266233_at 266233_at 266233_at 266205_s_at 266745	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g51550 Al5g51550 Al5g50870 Al5g60360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al2g2840 Al2g29570 Al5g46280 Al2g16850 Al2g26250 Al5g08650 Al1g10760 Al1g26250 Al1g1080 Al2g39705 Al1g2010 Al1g27860 Al4g2210 Al5g1560 Al1g22710 Al5g12800 Al1g22710 Al1g227	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ARGLP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ARGLP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-Xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ARGLP1 (Arabidopsis faliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (CLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase Dutative RING zinc finger anyknin protein ; supported by cDNA; gi, 1392621 gb_AF3705811AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PP23 (PLASMA MEMBANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB-CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); abpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA S'NTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase KCS10 (3-KETOACYL-COA S'NTHASE 10); acyltransferase/ prophosphatase CYP7182 (CYTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFLB (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase : supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5; copper ion binding / oxidored
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,99 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,99	0,0002/04/02 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003653 0,0000262 0,00005753 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,000015763 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,0000238 0,0000238 0,0000238 0,0000215 0,000013161 0,000013161 0,000013161 0,00001367 0,000013161 0,000013161 0,0000176644	265374_at 259384_s_at 259384_at 246419_at 247651_at 247651_at 247657_at 250444_at 250444_at 253073_at 252712_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266239_at 266230_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g50570 Al5g60360 Al4g37410 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28570 Al5g46280 Al2g28840 Al2g28570 Al5g46280 Al2g28570 Al5g46280 Al2g28570 Al5g46280 Al2g2850 Al2g16850 Al2g26250 Al2g16850 Al2g26250 Al1g3080 Al2g26250 Al1g3080 Al2g27860 Al4g12420 Al4g227860 Al4g227860 Al4g227860 Al4g227860 Al1g22860 Al1g2280 Al1g280 Al1g280 Al1g280 Al1g280 Al1g280 Al1g	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX.13 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gi_13926221 gb_A570581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBANE INTRINSIC PROTEIN 2:8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH OACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ callytic/ transferase AtPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP7182 (CYTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein insiane supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKV5; copper ion binding / oxidoreductase Ak2F24 (Arabidopsis finaliana basic leucine-ziper 44); DNA binding / protein heterodimerization SUC2 (SUCROSE-PROTON SYMPORTER 2); carbohydrate transmembrane transporter YLS8 TUB6 (BETA-6 TUBULIN); structural constituent of cytoskeleton TUB6 (BETA-6 TUBULIN); structural constituent of cytoskeleton 1UDP-glucose dehydrogenase, putative UDP-glucose 6-dehydroge
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,00062635 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002176 0,0000174 0,0000176 0,00001776 0,00002176 0,0000178 0,0000174 0,000015114 0,000015114 0,000015114 0,000015114 0,000015114 0,0000215 0,00001277 0,00001278 0,00001278 0,000015114 0,0000388 0,0000238 0,0000218 0,0000127 0,000015114 0,00003186 0,0000215 0,0000127 0,0000127 0,0000127 0,0000127 0,0000127 0,0000127 0,0000127 0,0000127 0,0000127 0,0000250 0,0001264 0,00002501	265374_at 265374_at 265934_at 265934_at 246419_at 2448419_at 244651_at 247651_at 247657_at 250444_at 253073_at 2532712_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266239_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 267591_at 26226_at 267591_at 26226_at 267591_at 26220_s_at 26220_at 26220_at 26220_at 26230_at 2624815_at 261114_at 266167_at 265037_at 265037_at 266167_at 265037_at 266167_at 265037_at 26617_at 265037_at 26617_at 266135_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 266145_at 26	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g60360 Al4g37410 Al4g33010 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g2860 Al3g09440 Al2g27010 Al5g51560 Al4g122010 Al1g2710 Al5g5122010 Al1g22710 Al1g223800 Al1g23800 Al1g23800 Al1g41830 Al1g73200 Al1g48800 Al1g7320 Al1g4800 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AICLDP1 (Arabidopsis fhaliana glycine decarbox/lase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gj. 13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase ACPT04 (At-HSC12S 1); alpha-glucan, water dikinase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIPOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase. supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SK46 (SKU5-SillilLAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SK56 (SKU5-SillilLAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-YLOS
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,98 3,99 3,97 3,98 3,99 3,97 3,98 3,99 3,97 3,98 3,99 3,97 3,98 3,99 3,97 3,98 3,99 3,97 3,97 3,98 3,99 3,97 3,98 3,97 3,98 3,98 3,98 3,98 3,97 3,98 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,98 3,97 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,97 3,98 3,98 3,98 3,98 3,98 3,98 3,98 3,98	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00005552 0,0001147 0,0000151 0,000027169 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,0000276 0,00001867 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002388 0,00002384 0,00002176 0,00002384 0,000052784 0,00002176 0,00002386 0,00001207 0,00001207 0,00001207	265374_at. 259341_s_at 259341_s_at 266119_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 250473_at 250474_at 25387_at 252712_at 266237_at 266237_at 266233_s_at 266233_s_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267230_at 267251_at 262736_at 262736_at 262736_at 262736_at 262736_at 2633_at 266205_s_at 2633_at 266745_at 266	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g60360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al4g33010 Al2g28840 Al2g29570 Al5g46280 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g2700 Al1g2010 Al5g151600 Al4g22700 Al1g2270 Al5g12250 Al5g12270 Al5g127780 Al5g17780	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX.3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase. Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis faliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gi, 1392621 gb_AF3705811.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1): alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ prophosphatase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ prophosphatase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ prophosphatase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SKUS-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks4 (SKUS Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKUS Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase AXS2 (UDC-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks4 (SKUS Similar 4); cop
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003657 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000152 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,00001187 0,00002776 0,00001867 0,00001867 0,0000239 0,0000187 0,0000215 0,00001276 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,0000215 0,00002561 0,00002562 0,00002776 0,00002784 0,00002776 0,00002784 0,00002776 0,00002776 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,00002784 0,000020000200000000000000000000000000	265374_st. 259384_st. 259384_st. 266119_at 245944_at 246419_at 247651_at 247657_at 250444_at 253073_at 253073_at 253073_at 252712_at 266233_st. 266233_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266533_st. 266535_st. 266567_st. 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266745_at 266745_at 266745_at 266745_at 265007_at 265007_at 265009_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g50570 Al5g60360 Al4g37410 Al3g43800 Al2g28800 Al2g28800 Al2g28800 Al2g28800 Al2g28570 Al5g46280 Al3g09440 Al2g29570 Al5g46280 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g27860 Al4g22010 Al5g51560 Al4g22010 Al5g51560 Al4g227860 Al4g227860 Al1g27860 Al1g23860 Al1g73220 Al3g27780 Al3g17780 Al3g17780 Al3g17780 Al3g17780 Al3g17780 Al3g17780 Al3g17780 Al4g0190	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gi_13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBARNE INTRINSIC PROTEIN 2;0); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase (KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase AtPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP7182 (CYTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase isupported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKV5; copper ion binding / oxidoreductase AKS2 (DUP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase Ask4 (RVUS Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase AKS2 (SUCROSE-PROTON SYMPORTER 2); carbohydrate transmembrane transporter YLS5 T1 arsenite transmembrane transporter/ boron transporter/ water channel thaumatin-like protein
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00008771 0,00003654 0,00003654 0,00003753 0,0006263 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,00001145 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002176 0,00001867 0,00001867 0,0000174 0,00001878 0,0000176 0,0000176 0,0000176 0,0000176 0,0000176 0,0000176 0,0000176 0,000015114 0,00002784 0,000015114 0,00002388 0,0000238 0,00002784 0,000015114 0,00003388 0,00002501 0,000176464 0,00003561 0,0000005561 0,000005561 0,000005561 0,000005561 0,000005561 0	265374_st. 265374_st. 265384_st. 2659344_st. 246419_at 2446419_at 2446419_at 2446419_at 2446419_at 244621_at 246627_at 250444_at 253073_at 253073_at 256229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266239_at 266239_at 266233_s_at 267377_at 266236_at 267591_at 262266_at 267591_at 262266_at 267591_at 262206_at 262205_s_at 264200_at 264326_at 266167_at 2650745_at 266135_at 266007_at 260097_at 260097_at 266205_a	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g60360 Al4g37410 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g2800 Al2g2700 Al5g51560 Al4g22700 Al5g51560 Al4g22700 Al4g22700 Al1g22700 Al1g22300 Al1g23860 Al3g12250 Al3g2280 Al1g73220 Al1g48800 Al1g7320 Al1g730 Al1g730 Al1g730 Al1g730 Al1g730 Al1g730	PBBX (photosystem iI subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fhaliana glycine decarbox/lase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gj. 13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIPOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase. supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKS4 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKS4 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKS4 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-SYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKS6 (SKU5-SIM
4,11 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,99 3,97 3,97	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000552 0,000147 0,000027169 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,0000151 0,000027169 0,00001867 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,0000215 0,00001207 0,000015114 0,0000215 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,00003956 0,00003956 0,00003956	265374_at. 259341_s_at 265934_s_at 265934_st 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 253073_at 25387_at 25387_at 266239_at 266239_at 266239_at 266233_s_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267371_at 267373_at 267373_at 267373_at 267373_at 267373_at 267363_at 267363_at 267591_at 262736_at 26333_at 266205_s_at 26333_at 266745_at 2633_at 266745_at 266097_at 266097_at 266097_at 266097_at 266097_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 266009_at 2660000_at 2660000_at 2660000_at 26600000_at 26600000000000000000000000000000000000	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g50870 Al5g00360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al2g2880 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g2705 Al1g2010 Al5g15160 Al4g22700 Al1g2270 Al1g2270 Al5g12590 Al1g2270 Al5g12250 Al5g12250 Al5g12250 Al5g12250 Al1g23860 Al1g1780 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g7780 Al1g9210 Al5g25190 Al5g25190 Al5g25190 Al5g7250 Al5g25190 Al5g7250 Al5g25190 Al5g7250 Al5g25190 Al5g7250 Al5g25190 Al5g7250 Al5g7780 Al5g7250 Al5g25190 Al5g7780 Al5g7250 Al5g7780 Al5g725190 Al5g725190 Al5g7780 Al5g725190 Al5g725	PSBX (protosystem iI subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase. Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fialiana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gi, 1392621 gb _AF3705811, _AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GBC:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsi thaliana prophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFLB (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase ; supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5; copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKU5 SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase AXS2 (SUCROSE-PROTON SYMPORTER 2); carbohydrate transmembrane transporter YLS5 TUB6 (BETA-6 TUBULIN); structural constituent of cytoskeleton UDP-glucose dehydrogenase, putative UDP-gluco
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,03 4,02 4 4 3,99 3,99 3,97 3,89 3,86 3,86 3,66 3,66 3,66 3,64 3,64 3,64	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00005552 0,000141 0,0000151 0,00001487 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,000011349 0,00001277 0,0000151 0,00001276 0,00001271 0,00001271 0,00001271 0,0000215 0,00001207 0,0000215 0,00001207 0,0000251 0,00001207 0,00001207 0,00001207 0,0000356 0,0001653 0,0000356 0,0000000000 0,00000000 0,000000000 0,000000	265374_st. 265374_st. 259384_st. 265944_at 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 253073_at 250444_at 253073_at 253073_at 266239_at 266533_st. 26656167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266745_at 266167_at 266745_at 266745_at 266167_at 266745_a	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g51550 Al5g50360 Al4g37410 Al3g433010 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g26250 Al5g09650 Al2g26250 Al5g16850 Al2g3705 Al1g2010 Al2g27860 Al2g27820 Al2g278	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type peptidase aIGLDP1 (Arabidopsis faleurain-like protease); cysteine-type period (Dispectation Construction); cysteine-type period (Dispectation); cysteine-type protein (Dispectation); cysteine-type protein (Dispectation); cysteine-type protein (Dispectation); supported by cONA: gi_13326221 gb_A570581.1_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PP23; (PLASIMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2; b); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) (aytosolic Hsp70) GB-CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase (KCS10 (J-KETOACYL-COA SYMTHASE 10); acytiansferase/ catalytic/ transferase AIPP46 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2; (CYTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,86 3,86 3,66 3,66 3,66 3,64 3,64 3,64 3,64	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00008771 0,00003654 0,00003654 0,00003753 0,0006263 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,00001545 0,000011349 0,000013962 0,000013962 0,000013962 0,000011349 0,00002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,0002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,000015145 0,00002388 0,00002501 0,00001509 0,0001564 0,00003569 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,0001509 0,00017419	265374_at 265374_at 265934_st 265934_st 24619_at 2448419_at 2448419_at 2448419_at 2448419_at 2448419_at 2448419_at 244827_at 250444_at 253073_at 25387_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 26220_at 267591_at 26226_at 267591_at 26226_at 267591_at 26236_at 2624420_at 266167_at 26503_at 266167_at 26503_at 266167_at 26503_at 266167_at 26503_at 266167_at 2650746_at 2657746_at 2657746_at 2657746_at 265077_at 260097_at 260097_at 260097_at 260097_at 265046_at 255786_at 265948_at 264260_at 265948_at 265948_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g60360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al4g33010 Al2g28840 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g2860 Al1g13080 Al2g27860 Al4g1242010 Al5g51560 Al1g22710 Al5g512200 Al1g22710 Al1g23860 Al1g23860 Al1g23800 Al1g73220 Al1g41830 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g9210 Al1g9210 Al1g9210 Al1g9210 Al1g9210 Al1g9210 Al1g9210 Al1g934020	PBBX (photosystem iI subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL-ANXLND Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fhaliana glycine decarbox/lase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gj. 13926221 gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 [DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase ACS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase(catalytic/ transferase AIPPa6 (ArRCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase. supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKs4 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKs4 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sKs6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxyl
$\begin{array}{c} 4,11\\ 4,09\\ 4,08\\ 4,08\\ 4,08\\ 4,08\\ 4,08\\ 4,08\\ 4,08\\ 4,08\\ 1,03\\ 4,02\\ 4\\ 4\\ 4\\ 3,99\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,88\\ 3,68\\ 3,66\\ 3,$	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,0000151 0,0000276 0,0000276 0,0000215 0,0000215 0,000015114 0,0000388 0,0000215 0,000015114 0,0000388 0,00002501 0,00003956 0,00003956 0,00003956 0,00001633 0,00003956 0,00001633 0,00001633 0,00001633 0,00003956 0,00001633 0,000017419 0,0000519	265374_st. <u>8</u> . 259381_s.at 265934_st.at 265934_st.at 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 253073_at 25387_at 25387_at 266229_at 266229_at 266229_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267373_at 267391_at 267333_at 262784_at 267591_at 262784_at 26333_at 262784_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 26333_at 264204_at 26333_at 26333_at 264204_at 26333_at 264204_at 26333_at 264204_at 2657345_at 255786_at 253609_at 263609_at 265712_at 265712_at 265712_at 265712_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g50870 Al5g0360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al2g28840 Al2g28840 Al2g2650 Al3g09440 Al2g26250 Al3g09440 Al2g26250 Al5g09650 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g2705 Al5g09650 Al4g122010 Al5g51560 Al4g22100 Al1g22710 Al1g22700 Al1g22700 Al1g22860 Al1g12250 Al3g2360 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g72780 Al3g57780 Al3g57780 Al3g57780 Al3g57780 Al3g57780 Al1g09630 Al2g19590 Al2g19590 Al2g19590 Al2g342210	PSBX (protosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EX.3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AIGLDP1 (Arabidopsis fhaliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (CLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; cij. 1392621 gb.AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 DNA replication licensing factor, putative PIP2;8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GBC:AA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana prophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFLB (ROTUNDIPOLIA LIKE 8) TUBS; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase ; supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5; copper ion binding / oxidoreductase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylas
4,11 4,09 4,08 4,09 4,09 4,09 4,09 4,09 4,09 4,09 4,09 4,09 4,99 3,89 3,88 3,88 3,88 3,881 3,77 3,77 3,77 3,77 3,69 3,68 3,66 3,66 3,66 3,66 3,662 3,662	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000439 0,00001487 0,000011349 0,0000238 0,0000238 0,0000238 0,0000238 0,0000238 0,0000238 0,0000238 0,00001514 0,0000356 0,000176464 0,00001500 0,00015009 0,00015009 0,00015009 0,00001509 0,00001509 0,0000788 0,00000519 0,0000788	265374_st. 265374_st. 259384_st. 265914_st. 246419_at 247651 at 247651 at 250444_at 250444_at 25073 at 250444_at 253073 at 252712_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266236_st. 266236_at 266236_at 266236_at 266236_at 266236_at 266236_at 266236_at 266236_at 266235_at 266235_at 266235_at 266235_at 266235_at 266235_at 266235_at 266235_at 266235_at 266235_at 266235_at 266267_at 266267_at 266267_at 266745_	Al2g06520 Al3g16390 Al5g19520 Al5g51550 Al5g51550 Al5g51550 Al5g50360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al2g2880 Al2g2880 Al2g2880 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g2700 Al5g1560 Al4g22010 Al5g26250 Al5g2780 Al2g2780 Al2g2780 Al2g2780 Al2g2780 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2250 Al1g23860 Al1g2250 Al1g2320 Al1g7320 Al1g950 Al1g950 Al2g1950 Al2g210 Al3g2210 Al3g2210 Al3g2210 Al3g2210 Al3g2210	PBBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MS19 (MECHANOSENSITYE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/ heme binding / iron ox binding / monooxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis thaliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA; gj. 13926221, gb_AF3705811, AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 J DNA replication licensing factor, putative PIP2:8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;8); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); acyltransferase(catalytic/ transferase ATFP82 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP7182 (CYTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase :supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKNG; COMP-D-NYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase skx4 (SKU5 Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pecti
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,97 3,95 3,94 3,94 3,94 3,94 3,91 3,91 3,91 3,91 3,91 3,91 3,86 3,86 3,68 3,68 3,68 3,66 3,64 3,64 3,62 3,62 3,62	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,00003654 0,00005753 0,0000262 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,000011349 0,00001367 0,00001367 0,00001367 0,00001374 0,0000174 0,00001361 0,00001367 0,00001376 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001378 0,00001387 0,00001387 0,00001387 0,00001387 0,00001388 0,00001387 0,0000358 0,00013161 0,0000358 0,00017419 0,00001653 0,0001653 0,0001653 0,0001653 0,00017419 0,00001828	265374_st. 265374_st. 265934_st. 265934_st. 246419_at 2448419_at 2448419_at 2448419_at 2448419_at 2448419_at 244821_at 250444_at 253073 at 253073 at 253073 at 256227_at 266229_at 266229_at 266229_at 266233_s_at 26533_s_at 265737_at 265736_at 267591_at 267264_at 267591_at 267264_at 267591_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261363_at 261464_at 2557867_at 256746_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g50360 Al4g37410 Al4g33010 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g289570 Al5g9650 Al1g2010 Al5g51560 Al4g22800 Al4g12420 Al4g1242010 Al5g512850 Al3g22360 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g397780 Al3g27780 Al3g27780 Al3g27780 Al3g27780 Al3g2780 Al1g09630 Al1g09630 Al1g09630 Al1g09630 Al1g09630 Al1g09630 Al2g19590 Al1g09630 Al2g19590 Al3g22210 Al5g08160 Al3g22210 Al5g08160 Al3g22860 Al1g09630 Al2g19590 Al1g09630 Al2g19590 Al3g03780	PSBX (protosystem II subunit X) NSPI (INTILE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSITIVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding ALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Asperglus nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; detorn carrier/heme binding / ion ion binding / monoxygenase/ oxygen binding AtGLDP1 (Arabidopsis thaliana dycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein : supported by cDNA: gi_13926221_gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 [DNA replication licensing factor, putative PIP22,8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2,8); water channel Pat-shock protein (Arh-BorC-3) (glottasilout end chardsrc3) (cytossilic Hsp70 GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alph-aljucan, water dikinase CKS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); cap/transferase/ catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP7182 (CYTOLROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monoxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLA LIKE 8) SKS6 (SQLG-SIMILAR 8); pecilinesterase AKS2 (UDP-0-APIOSE/UDP-0-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SQLG-SIMILAR 8); pecilinesterase AKS2 (UDP-0-APIOSE/UDP-0-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SQLG-SIMILAR 8); pecilinesterase AKS2 (SUDF-O-APIOSE/UDP-0-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SQLG-SIMILAR 8); pecilinesterase AKS2 (SUCRSE-PROTON SYMPORTER 2); carbohydrate transmembrane transporter YLS5 TUBG (BETA-6 TUBULIN); structural consituent of cytoskeleton UDP-glucose dehydrogenase, putative UDP-glucose 6-dehydrogenase (UDPGDH) GB:Q96558 from [Glycine m
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4 4 3,99 3,91 3,89 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,66 3,66 3,66 3,66 3,662 3,662	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001145 0,00001145 0,00002776 0,00002776 0,00002776 0,00002778 0,00001145 0,0000215 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002176 0,00002501 0,00005784 0,000015114 0,00002501 0,00006706 0,0001509 0,0001633 0,00001828 0,00001828 0,00001828 0,00001828 0,00001828 0,00001828 0,00001826	265374_at. 259341_s_at 259341_s_at 26419_at 2448419_at 244619_at 2446419_at 247651_at 247651_at 250444_at 253073_at 253073_at 25387_at 256297_at 266297_at 266297_at 266297_at 266297_at 266297_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267373_at 26333_at 264753_at 264753_at 2647545_at 26335_at 264971_at 26633_at 26677_at 263609_at 257867_at 253609_at 265745_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265948_at 265973_s_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g50870 Al5g0360 Al4g37410 Al4g37410 Al4g33010 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g26570 Al5g09650 Al2g16850 Al3g09440 Al2g2840 Al2g2650 Al3g09440 Al2g2840 Al2g16850 Al2g16850 Al3g09440 Al2g29705 Al5g09650 Al4g1242010 Al5g51560 Al4g1242010 Al5g51560 Al4g122710 Al1g22710 Al1g22700 Al1g41830 Al1g22700 Al1g42850 Al1g73220 Al1g73220 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g7320 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al1g9530 Al2g342210 Al1g9530 Al2g342210 Al1g9530 Al2g342210 Al1g9530 Al2g342210 Al1g9530 Al2g342210 Al1g9530 Al2g342210 Al2g342210 Al2g342210 Al2g342210 Al2g342210 Al2g342210 Al2g3420 Al2g340 A	PSBX (protosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTITVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6: DNA binding AALP (<i>Arabidopsis</i> aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL:ANXLND CVP81F4, electron carrier/heme binding / ion ion binding / monoxygenase/ oxygen binding AICLDP1 (<i>Arabidopsis</i> thaliana dycine decaboxylase P-protein 1); catalytic/glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc Inger ankyrin protein : supported by cDNA: gl_1326221_gb_AF370581.1_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 JDNA replication licensing factor, putative PIP2.8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2;); water channel Past-shock protein (<i>ArhesCro</i> -3) identical to (<i>ArhesCro</i> -3); (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KETOACTI-COA SYNTHASE 10); acyltransferase/ catalytic/ transferase AIPPa6 (<i>Arabidopsis</i> thaliana pyrophosphorylase 6]; inorajanic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase: supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5: copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); peetinesterase AXS2 (UDP-D-PXTUCSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sk45 (SKU5 Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); peetinesterase AXS2 (SUDP-D-DYCDSES SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sk42 (SKU5 Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase SKS6 (CKCO-SIMILAR 6); peetinesterase AXS2 (UDP-D-DAPICSE/DDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sk42 (Arabido
4,11 4,09 4,08 4,09 3,99 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,68 3,66 3,66 3,664 3,662 3	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00005552 0,0000151 0,00001187 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001867 0,00001867 0,0000174 0,000015114 0,0000215 0,00001278 0,00001278 0,000015114 0,00001514 0,00001514 0,00001514 0,00001514 0,00001500 0,0001500 0,0001500 0,0001500 0,0001500 0,0001500 0,0001500 0,0001500 0,00001500 0,0001500 0,00000519 0,00000788 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,000000000000 0,00000000000000000000	265374_st. 265374_st. 259384_st. 265914_at 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 250474_at 250474_at 253073_at 252712_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266237_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 262286_at 267591_at 266205_s_at 266205_s_at 266205_s_at 266745_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g51550 Al5g50870 Al5g60360 Al4g37410 Al3g10560 Al4g33010 Al4g33010 Al2g2840 Al2g18840 Al2g2870 Al5g46280 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g1760 Al1g2010 Al1g2710 Al5g2160 Al1g22710 Al5g2190 Al1g7320 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2780 Al1g2210 Al3g2210 Al3g2220 Al3g220 A	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTITVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanicaliy-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase beta-xyfosidase - like protein beta-xyfosidase, Asperglus niduans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier/heme binding / ion ion binding / monoxygenase/ oxygen binding AALD (Arabidopsis thaliana dycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GULTATHIDONE S-TRANSEFRASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein : supported by cDNA: gl. 13926221 gb. AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 [DNA replication licensing factor, putative PIP228 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2,8); water channel heat-shock protein (At-hec7-0.3) identical to (At-hec7-0.3) (cytosolic Hep70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alph-aljucan, water dikinase CXS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); caytransferase/ catalytic/ transferase AIPP86 (Arabidopsis thaliana pyrophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP7182 (CYTOCHROME P460 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB6; structural consituent of cytoskeleton receptor-like, protein kinase; supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKU5; copper ion binding / oxidoreductase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase AXS2 (UDP-D-PIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase AXS4 (SKUS) Similar 4
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,95 3,94 3,99 3,97 3,95 3,94 3,91 3,91 3,91 3,91 3,91 3,87 3,95 3,86 3,86 3,86 3,66 3,62	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,0000262 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000552 0,0000151 0,0000151 0,000011349 0,00001349 0,00001349 0,00001349 0,000011349 0,0000151 0,000016145 0,000016145 0,000016145 0,000016145 0,000016145 0,000015114 0,00001513 0,00002784 0,000015114 0,00003388 0,00002388 0,00001207 0,00001367 0,00001207 0,00001215 0,00001361 0,00001254 0,00001361 0,0000338 0,0000239 0,0000238 0,00001207 0,0000338 0,0000238 0,00001207 0,0000338 0,0000239 0,0001514 0,0000338 0,00002501 0,00003491 0,00001653 0,000163 0,0000163 0,0000250 0,0000000000	265374_s.at 265374_s.at 265374_st.at 265934_st.at 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 25073_at 250434_at 253073_at 252712_at 266233_s.at 266533_s.at 266533_s.at 266533_s.at 266533_s.at 266533_s.at 266533_s.at 266533_st.at 266533_st.at 266533_st.at 266533_st.at 266533_st.at 266533_st.at 266533_st.at 2665745_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266167_at 266745_at 266745_at 266745_at 266745_at 266745_at 265745_at 257867_at 265948_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g50360 Al4g37410 Al4g33010 Al3g43800 Al2g28840 Al2g28400 Al1g2010 Al1g28210 Al1g28210 Al1g28280 Al1g28280 Al1g28280 Al1g28270 Al1g28860 Al1g28270 Al1g28780 Al1g28270 Al1g28270 Al1g28270 Al1g28270 Al1g28270 Al1g28270 Al1g28270 Al1g28270 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al1g2820 Al2g3402 Al1g2820 Al2g290 Al1g2860 Al2g290 Al2g	PSEX (pnotosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) THAG: DNA HANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) THAG: DNA HANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) THAG: DNA HANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) THAG: DNA teplication set anylosidae, Aspace SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel AGLDP1 (Arabidopsis thaliana glycine decarboxylase P-protein 1), catalytic' glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING aris finger ankyrin protein : supported by cDNA: gl. 13926221 gb. AF3705811_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); water channel heat-shock protein (Athes70-3) identical to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEXI (STARCH EXCESS 1), alpha-glucan, water dikinase KCS10 (3-KCH COACY-LOOA SVNTHASE 1); acytransferase' catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana pryophosphorylase 6]; inorganic diphosphatase/ pryophosphatase (CYT01ES, CUTOCHROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monoxygenase RTFLB (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AX52 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-X/LOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AX52 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-X/LOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase AX52 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-X/LOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase SKS6 (SKU5-SIMILAR 6); pectinesterase SKS6
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4 4 3,99 3,97 3,98 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,88 3,86 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,59 3,59	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,0000365 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,0000174 0,00002776 0,00002776 0,00001362 0,00001511 0,00002176 0,000021784 0,00002501 0,00006706 0,00015114 0,00002501 0,00006706 0,0001509 0,0001633 0,0001509 0,00001633 0,0001509 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00001826 0,00004817 0,00004817 0,00004235	265374_st. 265374_st. 265374_st. 265934_st. 26419_at 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 253073_at 253073_at 2532712_at 266229_at 266229_at 266229_at 266233_s_at 266533_s_at 266533_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 262286_at 267591_at 262286_at 267591_at 262286_at 267591_at 262363_at 261114_at 26633_at 266167_at 26335_at 26617_at 256745_at 266745_at 266745_at 26778_at 266776_at 257867_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266745_at 266948_at 266948_at 266745_at 266745_at 26674	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g0360 Al4g37410 Al4g37410 Al4g33010 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g28840 Al2g2650 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28860 Al1g13080 Al2g2780 Al1g22010 Al5g51560 Al4g12250 Al1g22710 Al1g22710 Al1g22710 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2200 Al1g2200 Al1g2200 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g9210 Al1g9210 Al1g9210 Al1g2210 Al1g2270 Al3g17780 Al3g22210 Al1g2270 Al1g2200 Al1g2200 Al1g23860 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g73220 Al1g7320 Al1g2210 Al1g9210 Al1g9210 Al1g9210 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2200 Al1g920 Al1g220 Al1g2200 Al1g2210 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 Al1g2310 A	PSBX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTITVE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteline-type peptidase beta-xylosidase - like protein beta-xylosidase, Aspergllus nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; electron carrier / heme binding / info ion binding / monoxygenase/ oxygen binding AALDP (Arabidopsis thaliana glycine decarboxylase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase ATGSTU27 (GULTATHONE STRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING anc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gi 13926221, gb. AF3705811, AF370581 PON2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3] DNA replication licensing factor, putative PIP2.9 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 2.8); water channel heat-shock protein (A1-R377-3) identical to (Arhez70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dkinase (XCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 1); acyltransferase' catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana pryophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ pryophosphatase (YTP182 (CYTOCHCROME P450 7182); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase : supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKUS; copper ion binding / oxidoreductase SKS5 (SKUS-SMILAR 6); becinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sk4 (SKUS Striller 7); objectinesterase AXS2 (UDP-D-APIOSE/UDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sk4 (SKUS CBSE-PROTON SYMPORTER 2); carbohydrate transmembrane transporter YLS5 TUB6 (BETA-6 TUBULIN); structural constituent of cytoskeleton UDP-glucose dehydrogenase, putative UDP-glucose 6-dehydr
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4 3,99 3,88 3,88 3,88 3,88 3,81 3,73 3,73 3,73 3,73 3,73 3,73 3,69 3,68 3,66 3,66 3,66 3,662 3,69 3,59 3,59 3,59	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003654 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,00005552 0,0000151 0,0000151 0,0000147 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001202 0,00001207 0,00001207 0,00001202 0,00001207 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00003966 0,00003966 0,00003966 0,00003966 0,00003966 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001202 0,00001224 0,00004828	265374_st. <u>8</u> . at 259341_s. at 259344_st. 266119_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 250444_at 253073_at 25387_at 252712_at 266237_at 266237_at 266237_at 266233_s_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267377_at 267374_at 267377_at 262784_at 267233_at 266205_s_at 266205_s_at 2667455_at 266745_at 266745_at 266745_at 266745_at 2	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g50870 Al5g0360 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al2g28840 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g16850 Al2g1760 Al2g2700 Al5g1560 Al4g2210 Al5g12270 Al5g12270 Al5g21780 Al2g1780 Al2g1780 Al2g1780 Al2g1780 Al2g1780 Al2g1780 Al2g1780 Al2g2710 Al5g21950 Al1g2270 Al5g25190 Al1g2270 Al3g27780 Al3g27780 Al3g27780 Al2g12251 Al2g270 Al2	PSEX (photosystem II subunit X) NSP1 (NTIRE SPECIFIER PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) TAGE DNA HANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HALP (Arabidopsis deurain-like protease); cysteine-type peptidase bela-x/losidase - like protein bela-xylosidase, Asperglius nidulans, EMBL:ANXLND CYP81F4; electron carrier / heme binding / ion ion binding / morooxygenase/ oxygen binding AAGSU2P1 (Arabidopsis thaliana glycine decarbox/lase P-protein 1); catalytic/ glycine dehydrogenase AGSU2P1 (GUTATHIONES - TRANSFERASE TAU 27); glutathione transferase putative RING zinc finger ankyrin protein : supported by CDNA: gl. 13926221 gb. AF3705811_AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL NUCLEAR ANTIGEN 2); UDA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 JDNA replication licensing factor, putative PIP28 (PLASM MEMBRANEN INTRINSIC PROTEIN 28); water channel Perse (PLASM MEMBRANEN INTRINSIC PROTEIN 28); water channel Piest (STARCH EXCESS 1); alpha-glucan, water dkinase KCS10 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 10); cyltransferase/ catalytic/ transferase AIPPa6 (Arabidopsis thaliana prophosphorylase 6); inorganic diphosphatase/ prophosphatase CYP7182 (CTOCHROME P460 7182); electron carrier/ heme binding / ron ion binding / monooxygenase RTFL8 (ROTUNDIFOLIA LIKE 8) SK55 (CSUJS-SIMLLAR 6); pectinesterase SK56 (SKUJS-SIMLAR 6); pectinesterase SK55 (SKUJS-SIMLAR 6); pectinesterase SK55 (SKUJS-SIMLAR 6); pectinesterase SK56 (SKUJS-SIMLAR 6); pectinesterase SK56 (SKUJS-SIMLAR 6); pectinesterase SK58 (SKUS-SIMLAR 6); pectinesterase SK58 (SKUS-S
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,86 3,86 3,86 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,65 3,65 3,65 3,65 3,65 3,66 3,65 3,65 3,65 3,65 3,65 3,65 3,65 3,65 3,65 3,65 3,65 3,66 3,65 3,55	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00006771 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,0000262 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000552 0,0000151 0,0000151 0,0000151 0,000011349 0,000043962 0,00011349 0,000043962 0,00011349 0,0000277 0,000277419 0,000043962 0,00011349 0,000016145 0,000016145 0,000016145 0,000016145 0,000016145 0,000016145 0,000016145 0,000015114 0,00003388 0,00002784 0,00001207 0,00002784 0,000013161 0,0000358 0,00002501 0,00001207 0,00001207 0,0000338 0,0000239 0,0000239 0,0001232 0,0001514 0,0000358 0,00002501 0,00003549 0,00001825 0,00004235 0,00004235 0,00004235 0,00004235	265374_st. 265374_st. 265374_st. 265934_st. 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 250073_at 250444_at 253073_at 252712_at 266233_st_ 266233_st_ 266533_st_ 266533_st_ 266533_st_ 266533_st_ 267591_at 262784_at 267591_at 262784_at 26326_at 2633_at 266205_s_at 2633_at 26633_at 26633_at 26633_at 26633_at 26633_at 26637_at 26633_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 26637_at 256745_at 256745_at 256745_at 256745_at 256745_at 256745_at 256745_at 256948_at 256948_at 256948_at 256948_at 256945_at 256945_at 256943_at 266948_at 256945_at 25933_a_at 266948_at 256945_at 25933_a_at 265943_at 265945_at 26595_at 26555_at 26555_at 26555_at 26555_	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g51550 Al5g51550 Al5g50360 Al45g10560 Al45g10560 Al4g3710 Al4g33010 Al3g43800 Al2g2840 Al2g2840 Al2g2840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g2840 Al2g2650 Al1g10760 Al5g09650 Al1g2010 Al5g91680 Al1g12420 Al1g12420 Al1g41830 Al2g2710 Al5g51560 Al1g22710 Al5g2590 Al1g2270 Al1g22800 Al3g2780 Al1g7320 Al1g2280 Al1g30950 Al1g2270 Al5g1250 Al1g2270 Al1g2270 Al5g2590 Al1g2270 Al5g2590 Al1g2270 Al1g2280 Al3g2780 Al1g2200 Al3g2780 Al1g2200 Al1g2201 Al1g26780 Al1g2201 Al1g2290 Al1g2201 Al1g2201 Al1g2201 Al1g2201 Al1g2201 Al1g2200 Al1g2201 Al2g2200 Al2g2400 Al2g2400 Al	PSEX (pnotosystem il subunit X) NSP1 (NTIRLE SPECIFICE PROTEIN 1) LCR89 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor MSL9 (MECHANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA HANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA HANOSENSTITUE CHANNEL OF SMALL CONDUCTANCE-LIKE 9); mechanically-gated ion channel EXL3 (EXORDIUM LIKE 3) HTA6; DNA binding AALP (Arabidopsis aleurain-like protease); cysteine-type peptidase Deta-sytoidase - like protein beta-xytoidase. Asperglius nidulans, EMBL:ANXLND Deta-sytoidase - like protein beta-xytoidase. Asperglius nidulans, EMBL:ANXLND CYPB174; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding AALGDP1 (Arabidopsis thaliana dytoine decarboxytase P-protein 1), catalytic/ dycime dehydrogenase ATGSTU27 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 27); joutahince transferase putative RING and finger ankyrin protein : supported by cDNA: gl. 13826221 gb. AF3705811, AF370581 PCNA2 (PROLIFERATING CELL INUCLEAR ANTIGEA?); DNA binding 7 DNA polymerase processivity factor MCM3 JDNA replication licensing factor, putative P129; 8 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 26); water channel heat-shock protein (Athsc70-3) identical to (Athsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); apitha-glucan, water dikinase EXO1 (3-KETOACVL-COA SYNTHASE 10); acytransferase/ catalytic/ transferase APPa6 (Arabidopsis thaliana prycohosphoryhase (b); inorginic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase RTFL6 (ROTUNDFOLLA LIK 6) TUB5; structural constituent of cytoskeleton TDE5 (SUSS Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase SK56 (SUSU-Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase SK56 (SUSU-Similar 4); copper ion binding / oxidoreductase SK56 (EETA-6 TUBULUN; structural constituent of cytoskeleton DDP-glucose dehydrogenase
4,11 4,09 4,09 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4,08 4 4 3,99 3,99 3,99 3,99 3,97 3,87 3,86 3,86 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,59 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,66 3,59	0,00020402 0,00025603 0,00008215 0,00008215 0,00008771 0,00003654 0,0000262 0,00005753 0,0006263 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,00003156 0,0000151 0,0000151 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,00001487 0,000027719 0,00027719 0,00027719 0,00027719 0,00027719 0,0002775 0,00001511 0,00002778 0,0000277 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000270 0,0000000000	265374_st. 265374_st. 265374_st. 265934_st. 246419_at 247651_at 247651_at 250444_at 250444_at 250444_at 253073_at 25387_at 266229_at 266229_at 266229_at 266229_at 266233_s_at 266233_s_at 267377_at 267377_at 267377_at 26224a_at 267591_at 26226_at 267591_at 26226_at 2627591_at 262633_at 261114_at 264204_at 26633_at 261114_at 26633_at 261114_at 26633_at 261114_at 26633_at 261114_at 26633_at 261335_at 261335_at 261335_at 261335_at 266948_at 257867_at 256745_at 256745_at 265745_at 265948_at 265745_at 265948_at 265745_at 265948_at 265945_at 265945_at 265945_at 265945_at 265945_at 265945_at 265945_at 265945_at 265955_at 26595_at 26595_at 265977_at 26595_at 26595_at 265977_at 26595_at 26595_at 265977_at 26595_at 26595_at 265977_at 265977_at 26595_at 26595_at 265977_at 265977_at 26595_at 265977_at 265977_at 265977_at 265977_at 265977_at 265975_at 26595_at 265977_at 265975_at 265977_at 265977_at 265975_at 265977_at 265975_at 265975_at 265977_at 265975_at 265975_at 265977_at 265975_at 265977_at 265975_at 265975_at 265977_at 265975_at 265975_at 265975_at 265975_at 265975_at 265975_at 265975_at 265975_at 265977_at 265975_at 265975_at 265975_at 265975_at 265975_at	Al2g06520 Al3g16390 Al2g02100 Al5g19520 Al5g19520 Al5g51550 Al5g59870 Al5g50870 Al4g37410 Al4g37410 Al4g33010 Al4g33010 Al2g28840 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g28840 Al2g16850 Al3g09440 Al2g2890 Al1g13080 Al2g2780 Al1g22710 Al1g22710 Al1g22710 Al1g2270 Al1g22860 Al1g12250 Al1g2270 Al1g2270 Al1g22860 Al1g12250 Al1g2270 Al1g2270 Al1g22860 Al1g12250 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2270 Al1g2280 Al1g2270 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g2280 Al1g220 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al1g220 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al2g20 Al1g220 Al2g20 Al2	PSEX (photosystem ii subunit X) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) NSP1 (NTRLE SPECIFIER PROTEIN 1) CALP (Arabidopsis aleurain-like protease): cysteline-type peptidase beta-xytosidase iike protein beta-xytosidase, Asperglus nidulans, EMBL-ANXLND CYP81F4; dectron carrier/ heme binding / non lon binding / monooxygenase/ oxygen binding AACD (VP81F4; dectron carrier/ heme binding / non lon binding / monooxygenase/ oxygen binding AAGSTU27 (cldupsis thalara glycine decarboxylase P-protein 1): catalytic/ glycine dehydrogenase AAGSTU27 (cldupERATING CEL NUCLEAR ANTICEN 2): DNA binding / DNA polymerase processivity factor PUTAVE RING zinc finger ankyrin protein ; supported by cDNA: gl .13926221, gb .AF370561.1_AF370561 PCNA2 (PROLIPERATING CEL NUCLEAR ANTICEN 2): DNA binding / DNA polymerase processivity factor MCM3 JDNA replication licensing factor, putative PP2:8 (PLASM MEMBRANK INTRNISC) POTETIN 2:9); water channel heat-shock protein (At-hsc70-3) identicat to (At-hsc70-3) (cytosolic Hsp70) GB:CAA76606 [Arabidopsis thaliana] SEX1 (STARCH EXCESS 1); alph-glucan. water diknase APP86 (Arabidopsis thaliana prophosphonjase 6); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2): electron carrier/ heme binding / iron io binding / monooxygenase RTFL8 (ROTINDIOLAL LIKE 8) TUB5; structural constituent of cytoskeleton receptor-like protein kinase :supported by full-length cDNA: Ceres:15013. SKS6 (SKU5-SIMILAR 8); pectinesterase AXS2 (UDP-DAPIOSE/LDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks6 (SKU5-SIMILAR 8); pectinesterase AXS2 (UDP-DAPIOSE/LDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks6 (SKU5-SIMILAR 8); pectinesterase AXS2 (UDP-DAPIOSE/LDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks6 (SKU5 SIMILAR 8); pectinesterase AXS2 (UDP-DAPIOSE/LDP-D-XYLOSE SYNTHASE 2); UDP-glucuronate decarboxylase sks6 (SKU5 SIMILAR 8); pectinesterase AXS2 (UDP-DAPI

2.54	0.00004.440	040404+	445-50050	FUNA (FUNA DASE 4), establistic (uncerta budetaca
3,54	0,00001418	248461_s_at	At5g50950	PUM1 (PUMARASE 1); catalytic/ tumarate hydratase
3,54	0,01498319	256166_at	Al3g17790	PAP 17, acid prosphatase/ prosphatase/ protein semie/metonine prosphatase
3,53	0,00057552	250434_at	At5g10390	nistorie H3 - like protein historie H3, Arabidopsis trailaria, Pircs06230
3,52	0,00102655	264400_at	ALIG01800	GP12; antiponter glucose-o-phosphate transmemorane transponter
3.48	0.00243318	240550_at	At1g20440	CORAC (COLDERGILLATED 47)
3.46	0,00243318	233370_at	At5g66920	Ske17 (SKI15 Similar 17): conperion binding / ovidoreductase
3.46	0.00014257	257911 at	At3q25530	GLYR1 (GLYOXYI ATE REDUCTASE 1): 3-bydroxybutyrate debydrogenase/ phosphogluconate debydrogenase
3.45	0.00015786	267078 at	At2q40960	unknown protein :supported by full-length cDNA: Ceres:2337.
3,44	0,00001597	251322_at	At3g61440	CYSC1 (CYSTEINE SYNTHASE C1); L-3-cyanoalanine synthase/ cysteine synthase
3,44	0,00168933	263714_at	At2g20610	SUR1 (SUPERROOT 1); S-alkylthiohydroximate lyase/ carbon-sulfur lyase/ transaminase
3,43	0,00000607	266326 at	At2q46650	CB5-C (CYTOCHROME B5 ISOFORM C); heme binding
3,41	0,00011903	259749_at	At1g71100	RSW10 (RADIAL SWELLING 10); ribose-5-phosphate isomerase
3,4	0,00000308	248626_at	At5g48940	receptor protein kinase-like protein
3,4	0,00016934	263426_at	At2g31570	ATGPX2 (GLUTATHIONE PEROXIDASE 2); glutathione peroxidase
3,39	0,00013178	249049_at	At5g44340	TUB4; structural constituent of cytoskeleton
3,39	0,00327733	251396_at	At3g60750	transketolase - like protein transketolase, Solanum tuberosum, EMBL:Z50099
3,39	0,00008985	263238_at	At2g16580	putative auxin-induced protein
3,39	0,0000228	264061_at	At2g27970	CKS2 (CDK-subunit 2); cyclin-dependent protein kinase/ cyclin-dependent protein kinase regulator
3,38	0,00035435	260775_at	At1g78300	GRF2 (GENERAL REGULATORY FACTOR 2); protein binding / protein phosphorylated amino acid binding
3,37	0,00007385	247947_at	At5g57090	EIR1 (ETHYLENE INSENSITIVE ROOT 1); auxin efflux transmembrane transporter/ auxin:hydrogen symporter
3,37	0,00006452	259588_at	At1g2/930	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:1367.
3,36	0,00063169	250206_at	At5g14040	mitochondral phosphate translocator
3,34	0,00004168	249753_al	AI5924610	putative protein similar to unknown protein (emplCAB62493-1), supported by ruin-length CDNA: Ceres: 12030.
3,34	0,00005591	256079_dl	At3g08590	putative 2,5-bispitospitograde-independent prospitograde networks
3,33	0,00001518	250970_at	At1g2/1090	Abo transporter, putative similar to ATF-binding cassette, sub-raming 6 (white), member 2 from [was masculas]
3,33	0,0003401	204073_at	Δt3g29320	John Huran Noshbariyasa
3.32	0.00027339	265416 at	At2n37120	apria-grocan prosprioryrase
3.31	0.00017096	255642 at	At4g00820	ind17 (D-domain 17): calmodulin binding
3.3	0.00001981	261530 at	At1g63460	unknown protein croji semidemi smartig
3,29	0,00026702	245626 at	At1g56700	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21415.
3,29	0,00060322	250125 at	At5g16390	CAC1 (CHLOROPLASTIC ACETYLCOENZYME A CARBOXYLASE 1); acetyl-CoA carboxylase/ biotin binding
3,29	0,00017851	258849 at	At3g03250	UGP (UDP-glucose pyrophosphorylase); UTP:glucose-1-phosphate uridylyltransferase/ nucleotidyltransferase
3,29	0,00049851	260274_at	At1g80460	NHO1 (nonhost resistance to P. s. phaseolicola 1); carbohydrate kinase/ glycerol kinase
3,29	0,00007922	266552_at	At2g46330	AGP16 (ARABINOGALACTAN PROTEIN 16)
3,28	0,00081331	253708_at	At4g29210	GGT4 (GAMMA-GLUTAMYL TRANSPEPTIDASE 4); gamma-glutamyltransferase
3,28	0,0016665	255822_at	At2g40610	ATEXPA8 (ARABIDOPSIS THALIANA EXPANSIN A8)
3,28	0,00013466	263829_at	At2g40435	unknown protein
3,27	0,00000975	259077_s_at	At3g02230	RGP1 (REVERSIBLY GLYCOSYLATED POLYPEPTIDE 1); cellulose synthase (UDP-forming)
3,26	0,00021934	250366_at	At5g11420	putative protein predicted proteins in castor bean, Arabidopsis thaliana and alfalfa
3,26	0,00007098	262846_at	At1g14670	endomembrane protein
3,26	0,00044229	263662_at	At1g04430	ankyrin-like protein EST gb ATTS0956 comes from this gene;supported by full-length cDNA: Ceres:108617.
3,25	0,00002071	253218_at	At4g34980	SLP2; serine-type peptidase
3,24	0,00001355	248511_at	At5g50375	CPI1 (CYCLOPROPYL ISOMERASE); cycloeucalenol cycloisomerase
3,24	0,00094549	25/13/_at	At3g28860	ABCB19; Al Pase, coupled to transmembrane movement of substances / auxin efflux transmembrane transporter
3,23	0,00002881	250000_at	At5g18650	putative protein PGPD14 - Petunia x hybrida, EMBL:APU49930
3,22	0,00062393	252166_at	At3g50440	MESTO (METRILESTERASE TO); nyarolase/ nyarolase, acung on ester bonos / metriyi jasmonate esterase
3,22	0,00000002	250/44_al	At1g01620	APP2 (FISTIDINE-CONTAINING PROSPROTRANSMITTER 2); filsione prosprotransfer kinase/ protein
3,22	0,00031999	209401_dl	At1g01020	HIP IC (FEASWA MEMBRANE INTRINSIC FROTEIN IC), well channel AHP1 (ADARIDORSIS HEMOCI ORISILI) ovygen biodig (ovygen transporter
3.21	0,04037144	203030_at	At5g66530	Anor (Aconor account of the the second of th
3,21	0,00010774	247 101_dl	At5900550	apospory-associated protein C-inke
3.21	0,00008466	253223_dl 254623_at	At4g35000	CHI 11 ATDase / ATDase / Lascondate peroxidase
3.21	0.00057274	260427_at	At1g72430	hypothesia predicted by genefinder:supported by full-length cDNA: Ceres:99920
3.2	0.00008603	246184 at	At5g20950	beta-D-glucan exobydrolase - like protein beta-D-glucan exobydrolase. Nicotiana tabacum. EMBL:AB017502
3.2	0.00018795	263404 s at	At2q04100	by other in similar to by other ical protein GB:AAC27412
3.2	0.00001794	266942 at	At2a18990	TXND9 (THIOREDOXIN DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 9 HOMOLOG)
3,18	0,00486323	246212 at	At4g36930	SPT (SPATULA); DNA binding / transcription factor
3,18	0,00019915	247362 at	At5g63140	ATPAP29 (ARABIDOPSIS THALIANA PURPLE ACID PHOSPHATASE 29); acid phosphatase/ protein serine
3,18	0,00228301	263979_at	At2g42840	PDF1 (PROTODERMAL FACTOR 1)
3,17	0,00001741	249276_at	At5g41880	POLA3; DNA primase
3,17	0,00520098	253627_at	At4g30650	low temperature and salt responsive protein homolog low temperature and salt responsive protein LTI6A
3,17	0,00001512	262239_at	At1g48230	unknown protein similar to putative phosphate/phosphoenolpyruvate translocator protein from [Arabidopsis thaliana]
3,16	0,00035696	251995_at	At3g52940	FK (FACKEL); delta14-sterol reductase
3,16	0,00083538	257713_at	At3g27380	SDH2-1; electron carrier/ succinate dehydrogenase
3,16	0,0052158	260481_at	At1g10960	ATFD1 (FERREDOXIN 1); 2 iron, 2 sulfur cluster binding / electron carrier/ iron-sulfur cluster binding
3,15	0,00001495	250433_at	At5g10400	histone H3 - like protein histone H3, Arabidopsis thaliana, PIR:S06250
3,15	0,00001603	253205_at	At4g34490	ATCAP1 (ARABIDOPSIS THALIANA CYCLASE ASSOCIATED PROTEIN 1); actin binding
3,15	0,00021192	200030_al	AL2025960	Similar to Jasmonate-Inductible proteins from Brassica napus
3,14	0,00040097	251370 at	At3g60450	orsen, otario protein priba Ribes pigrum, EMRI :RNI7578:supported by full-length cDNA: Cores:15702
3 14	0.00034838	251910_at	At3q53800	putative protein Hsp70 hinding protein Hsp8P1 - Homo sapiens, EMRI · 4F003420
3.14	0.00009000	253590 at	At4d30850	HHP2 (HEPTAHELICAL TRANSMEMBRANE PROTEIN2): recentor
3,14	0.00009231	245401 at	At4a17670	hypothetical protein :supported by full-length cDNA: Ceres:6709
3.12	0.00094173	248200 at	At5a54160	ATOMT1 (O-METHYLTRANSFERASE 1); caffeate O-methyltransferase/ mvricetin 3-O-methyltransferase
3.12	0,00009301	252607 at	At3a44990	XTR8 (XYLOGLUCAN ENDO-TRANSGLYCOSYLASE-RELATED 8); hvdrolase, acting on glycosyl bonds
3,12	0,00021242	253610 at	At4g30200	unknown protein
3,12	0,0044078	255104_at	At4g08685	SAH7
3,11	0,00058903	252866_at	At4g39840	putative protein
3,11	0,00004882	255874_at	At2g40550	ETG1 (E2F TARGET GENE 1)
3,11	0,00175872	259014_at	At3g07320	putative glucan endo-1-3-beta-glucosidase similar to glucan endo-1-3-beta-glucosidase precursor [Triticum aestivum]
3,1	0,00020593	251183_at	At3g62630	putative protein putative protein At2g15760 - Arabidopsis thaliana, EMBL:AC006438
3,08	0,00006253	248529_at	At5g50000	protein kinase ;supported by full-length cDNA: Ceres:142106.
3,08	0,00133335	249187_at	At5g43060	cysteine proteinase RD21A
3,08	0,0008449	25/516_at	At1g69040	AUK4 (AUT KEPEAT 4); amino acid binding
3,08	0,00002749	202329_at	ALIG64090	nypometical protein similar to hypothetical protein GB:AAF24576 GI:bb92111 from [Arabidopsis thaliana]
3,07	0,00254611	24/989_at	At2g05020	pyruvate kinase (supported by ruli-length cDNA: Ceres:31580.
3,07	0,0000774	209307_at	AL3005230	signal pentidase : supported by cDNA: at 3044217, ab AE0E7144.1, AE0E7144.
3,00	0,00000774	240704_dl	At5a/0160	MET1 (METHVI TRANSEERASE 1); methyltransforaso
3.06	0.00010036	253581 at	At4d30660	stress responsive protein homolog low temperature and salt responsive protein LTIRA - Arabidopsis thaliana
3.06	0,00007014	262105 at	At1a02810	pectin esterase, putative similar to pectin esterase GI:1213628 from [Prunus persica]
3.05	0,00028475	256914 at	At3a23880	hypothetical protein
3,05	0,00017207	264078 at	At2g28470	BGAL8 (beta-galactosidase 8); beta-galactosidase/ catalytic/ cation binding / sugar binding
3,04	0,00058797	246092 at	At5g20500	glutaredoxin ;supported by full-length cDNA: Ceres:115597.
3,04	0,00211012	254384 at	At4g21870	heat shock protein - like heat shock protein 17, Triticum aestivum, PIR1:HHWT17
3,04	0,00020449	263321_at	At2g47170	ARF1A1C; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding
3,03	0,00004908	247034_at	At5g67260	CYCD3;2 (CYCLIN D3;2); cyclin-dependent protein kinase
3,03	0,00421888	253842_at	At4g27860	putative protein putative proteins from Arabidopsis thaliana; supported by cDNA: gi_17063190_gb_AY062118.1_
3,03	0,00014889	260549_at	At2g43535	Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 91704.
3,01	0,00162709	245176_at	At2g47440	unknown protein similar to GP 2104534 AF001308 (T10M13.11)
3,01	0,00065574	246562_at	At5g15580	LNG1 (LONGIFOLIA1)
3,01	0,00253486	251642_at	At3g57520	AtSIP2 (Arabidopsis thaliana seed imbibition 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
3	0,00019956	250268_s_at	At5g12950	putative protein putative secreted protein SCF41.30c, Streptomyces coelicolor, EMBL:SCF41_30
3	0,00005231	256221_at	At1g56300	Drau protein, putative contains Ptam protile: PF00226: DraJ domain;supported by full-length cDNA: Ceres:25796.
3	0,00248519	25//49_at	At3g18780	AUT2 (AUTIN 2); Structural constituent of cytoskeleton
3	0,00034044	204247_at	ALIGOUIDU At2a20550	TUB7: structural constituent of cutoskeleton
3	0,00034941	200295_dl	A12929000	GPDHC1: NAD or NADH binding / diversite - sheepbate debudrogenase (NAD+)
2,99	0,00119871	240112_at	At2g41040	or Drion, two or tworn binding / gryceror-3-phosphate denydrogenase (NAD+) ATTPS-CIN (tempha synthase-like seguence-1 &-cineple): /E\-beta-ocimene synthase/ myrcene synthase
2 00	1.1000029400	200334 5 dl	AU3423030	AT THE ON REPORT SYNURASCHIKE SEQUENCE LOCULEULE), (E)-DELE-DUNTENE SYNURASE/ INVIDENE SYNURASE

2,98	0,00268341	246124_at	At5g20060	putative protein acyl-protein thioesterase, Homo sapiens, EMBL:AF098668
2,97	0,00014693	248687_at	At5g48300	ADG1 (ADP GLUCOSE PYROPHOSPHORYLASE 1); glucose-1-phosphate adenylyltransferase
2,97	0,00014382	263083_at	At2g27190	PAP12 (PURPLE ACID PHOSPHATASE 12); acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase
2,96	0,00012204	255513_at	At4g02060	PRL (PROLIFERA); ATP binding / DNA binding / DNA-dependent ATPase/ nucleoside-triphosphatase
2,95	0,00033179	263612_at	At2g16440	MCM4 DNA replication licensing factor, putative
2,94	0,00000691	256224_at	At1g56330	ATSAR1B (SECRETION-ASSOCIATED RAS 1 B); GTP binding
2,94	0,00011932	264386 at	At1g12000	putative pyrophosphate-fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase
2,94	0,00030556	267064_at	At2g41110	CAM2 (CALMODULIN 2); calcium ion binding / protein binding
2,93	0,01098226	259918 at	At1g72570	putative AP2 domain transcription factor contains Pfam profile: PF00847 AP2 domain (2 copies)
2,93	0,00002286	261239 at	At1g32930	Avr9 elicitor response protein, putative similar to Avr9 elicitor response protein GI:4138265 from [Nicotiana tabacum]
2.91	0.00457937	245044 at	At2g26500	unknown protein Alternative splice forms exist.:supported by full-length cDNA: Ceres:9368.
2,91	0.00111281	247656 at	At5q59890	ADF4 (ACTIN DEPOLYMERIZING FACTOR 4): actin binding
2,91	0.00024764	260676 at	At1g19450	integral membrane protein, putative similar to GB:U43629 from [Beta vulgaris]
2.91	0.00431703	262373 at	At1g73120	hypothetical protein predicted by genefinder
2.9	0.00000825	263180 at	At1g05620	URH2 (URIDINE-RIBOHYDROLASE 2): hvdrolase
2.9	0.00007202	264217 at	At1g60190	brootherical protein predicted by generative hom
2.9	0.00037388	264439 at	At1g27450	APT1 (ADENINE PHOSPHORIBOSYL TRANSFERASE 1): adenine phosphoribosyltransferase
2.9	0.00185466	264474 s at	At1g67090	RECS1A (RIBULOSE BISPHOSPHATE CARBOXYLASE SMALL CHAIN 1A): copper ion binding
2.89	0.00000932	249055 at	At5q44460	calmodulin-like protein
2,89	0,00019454	267279_at	At2g19460	hypothetical protein predicted by genefinder; supported by cDNA: gi_14334633_gb_AY034990.1_
2,88	0,00007408	252562_s_at	At3g45930	Histone H4 - like protein histone H4, Zea mays, PIR:HSZM4;supported by full-length cDNA: Ceres:22146.
2,88	0,00010133	256453_at	At1g75270	DHAR2 (DEHYDROASCORBATE REDUCTASE 2); glutathione binding / glutathione dehydrogenase (ascorbate)
2,87	0,00693899	257807_at	At3g26650	GAPA (GLYCERALDEHYDE 3-PHOSPHATE DEHYDROGENASE A SUBUNIT)
2,86	0,00099607	246481_s_at	At5g15960	KIN1
2,86	0,00351237	257150_at	At3g27230	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:256351.
2,86	0,00112002	258710_s_at	At3g09800	putative coatomer zeta subunit (zeta-coat protein) similar to coatomer zeta subunit (zeta-coat protein) (Bos taurus)
2,86	0,00001205	261636_at	At1g50110	branched-chain amino acid aminotransferase
2,86	0,00001323	264969_at	At1g67320	hypothetical protein contains similarity to DNA primase large subunit GI:172234 from [Saccharomyces cerevisiae]
2,85	0,00003721	246849_at	At5g26850	putative protein various predicted proteins, Arabidopsis thaliana, Homo sapiens and Caenorhabdidtis elegans
2,85	0,00006799	253817_at	At4g28310	hypothetical protein ;supported by tull-length cDNA: Ceres:18040.
2,85	0,0000134	258613_at	At3g02870	v i 04; 3(2),5-bispnosphate nucleotidase/ L-galactose-1-phosphate phosphatase/ inositol
2,84	0,002297	202303_at	AL3048460	inpase - like protein lipase Arab-1, Arabicopsis thaliana, PIK2:Sb8410;supported by full-length cDNA: Ceres:13870.
2,84	0,00006255	∠00553_at	AL2946170	unknown proteint ; supported by cDNA; gi_15450758_gD_AY053421.1_
2,83	0,00038518	249015_at	At5g44/30	Dreg-2 like protein
2,82	0,0004416	240190_at	ALIG0//50	IZCATIZE SHING TO POLICE LYASE INC PROBINI (PRODUCTOR 1931) IZCATIZE SHING TO POLICE LYASE INC PROBING (STATE 1941) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944) IZCATIZE SHING (STATE 1944)
2,82	0,00104740	240986_at	Alogo/280	NEN (Neception-line kinase); ATP binding / kinase/ protein senie/threonine kinase
2,82	0,00104743	246646_at	At5 -200000	unknown protein (supported by ruinengin cDNA: Ceres:176332.
2,82	0,00014306	249493_at	Ata14420	acymaniserase -inke protein Antriocyanin >-aromatic acymaniserase, Gentiana timora, EMBL:AB010/08
2,01	0,00003162	24034U_at	Atta20020	contomine protein, supported by full-tength (DINA: Cefes: 1716.
2,81	0,00125129	203223_at	AL1930630	Concorner-inverprised protein, epsilon suburint similar to GB:CABSSO28 (TOM_HOMO Sapiens), ESIS gD/21/908
2,0	0,00013895	240019_dt	At1a29050	ACT & CAMING ACID FERMEASE 0), ACID animo acid transmembrane transporter
2,0	0,00002038	253000_at	Δt/a2/020	
2,0	0,00000310	252035 at	At4g24920	And Link protein CA 11 protein Sector GARMINA SUBDITI HIKE
2,79	0.0013/218	252555_at	At2g27020	anasime protein CAOT protein, Sacuratomyces cervisae, intra. Seboos
2,79	0,00134218	204071_dt	At2g27920	SCHEDT (SERINE CARBOATTET TIDASE-LIKE 31), Settler type Carboxypeptidase
2,79	0,00018438	200002_dt	At/g38210	Expressed proteint, supported by CDIAA, gr_14534701_gb_A1053024.1_
2,70	0.00012307	253245 at	At4g30210	GREA (GLOAD) SIG TINDING EXTENSION A201
2,70	0.00051091	255558 at	At4g01900	GLB1 (GLDB1 HOMOLOG) acet/dutamte kinase regulator
2,75	0.00055683	254578 at	At4g19410	Dutative pectinacetylesterase protein pectinacetylesterase precursor. Vigna radiata. PIR2:S68805
2,75	0.00034375	254709 at	At4q17890	AGD8 (ARE-GAP DOMAIN 8): ARE GTP3se activator/ DNA binding / zinc ion binding
2,75	0.00028695	249063 at	At5q44110	POPL' transporter
2,74	0.00008305	265183 at	At1g23750	unknown protein 'supported by full-length cDNA' Ceres 15450
2,73	0.00029488	260957 at	At1g06080	ADS1 (DELTA 9 DESATURASE 1): oxidoreductase
2,73	0.00064851	266489 at	At2q35190	NPSN11 (NOVE PLANT SNARE 11): SNAP recentor/ protein transporter
2.72	0.00014768	246842 at	At5g26731	Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30174.
2.72	0.00247437	247191 at	At5q65310	ATHB5 (ARABIDOPSIS THALIANA HOMEOBOX PROTEIN 5):protein homodimerization
2.72	0.00014713	254224 at	At4g23650	CDPK6 (CALCIUM-DEPENDENT PROTEIN KINASE 6): ATP binding / calcium ion binding
2,72	0,00016208	256865 at	At3q23820	GAE6 (UDP-D-GLUCURONATE 4-EPIMERASE 6); UDP-glucuronate 4-epimerase/ catalytic
2,72	0,00004317	266225 at	At2g28900	ATOEP16-1 (OUTER PLASTID ENVELOPE PROTEIN 16-1); protein transmembrane transporter
2,71	0,00067271	247517_at	At5g61780	100 kDa coactivator - like protein 100 kDa coactivator, Homp sapiens, PIR:I38968
2,71	0,00001028	258252_at	At3g15720	putative polygalacturonase similar to polygalacturonase GB:BAA88472 [Cucumis sativus]
2,7	0,00036202	254740_s_at	At4g13890	glycine hydroxymethyltransferase - like protein glycine hydroxymethyltransferase, Homo sapiens, PIR2:A46746
2,7	0,00001129	259040_at	At3g09270	ATGSTU8 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 8); glutathione transferase
2,68	0,00005351	246979_s_at	At5g25020	putative protein hypothetical proteins - Arabidopsis thaliana
2,68	0,00060128	248608_at	At5g49460	ACLB-2 (ATP CITRATE LYASE SUBUNIT B 2); ATP citrate synthase
2,68	0,00006285	251850_at	At3g54650	FBL17; ubiquitin-protein ligase
2,68	0,00004039	259384_at	At3g16450	putative lectin contains Pfam profile: PF01419 jacalin-like lectin domain
2,68	0,00016471	263047_at	At2g17630	putative phosphoserine aminotransferase
2,67	0,00004989	254216_at	At4g23710	VAG2; hydrolase, acting on acid anhydrides, catalyzing transmembrane movement of substances
2,67	0,01010078	258641_at	At3g08030	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:27471.
2,67	0,00029727	267092_at	At2g38120	AUXT (AUXIN KESISTANT 1); amino acid transmembrane transporter/ auxin binding
2,66	0,00000409	246/86_at	At5g27410	putative amino acid aminotransferase branched-chain amino acid aminotransferase
2,66	0,001/9819	2554/9_at	At4g02380	SAGZI (SEINESCENCE-ASSOCIATED GENE 21)
2,65	0,00018992	248903_at	At5g46290	NAS I (3-NE I UAUYL-AUYL UARKIER PRUTEIN SYNTHASE I); catalytic/ fatty-acid synthase
2,65	0,00017741	25/510_at	ALIG55360	ARK (ARS KINASE): ATR binding (adaptitulate kingge/terreferrer terreferrer startformer startformer startformer
2,00	0,00035224	207112_at	At2a30860	ATGSTE9 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE PHL9): conpartion binding / dutathiona binding
2,00	0.00025451	253253 of	At/13/1750	putative protein auxin-regulated gene. Vigna rediate
2,04	0.00301553	250255_dt	At5a05600	CPD (CONSTITUTIVE PHOTOMORPHOGENIC DWARE): electron carrier/ boxe binding / iron ion binding
2.62	0.00037253	253598 at	At4a30800	ribosomal protein S11 - like ribosomal protein S11. Arabidopsis thaliana.PIR2:C35542
2.62	0.00672912	263787 at	At2q46420	unknown protein : supported by cDNA; ai 15450510 ab AY052357.1
2.61	0.00006798	247218 at	At5g65010	ASN2 (ASPARAGINE SYNTHETASE 2): asparagine synthese (dutamine-hydrolyzing)
2,61	0,00112783	249343 at	At5g40650	SDH2-2; electron carrier/ succinate dehydrogenase
2,61	0,00035853	250277 at	At5g12940	putative protein DRT100 protein precursor, Arabidopsis thaliana, PIR:A46260
2,6	0,0011488	249923 at	At5q19120	conglutin gamma - like protein conglutin gamma precursor, Lupinus angustifolius. PIR:S21426
2,6	0,00011224	257153_at	At3g27220	unknown protein ; supported by cDNA: gi_15081754_gb_AY048270.1_
2,6	0,0000559	257213_at	At3g15020	mitochondrial NAD-dependent malate dehydrogenase
2,6	0,00056341		At1g11120	hypothetical protein predicted by genefinder
2,59	0,00380808	250861_at	At5g04740	putative protein predicted proteins, Arabidopsis thaliana; supported by full-length cDNA: Ceres: 34592.
2,59	0,0000606	260002_at	At1g67940	ATNAP3; transporter
2,59	0,00012673	261895_at	At1g80830	NRAMP1 (NATURAL RESISTANCE-ASSOCIATED MACROPHAGE PROTEIN 1); transmembrane transporter
2,59	0,00010851	264824_at	At1g03420	2A6; oxidoreductase
2,58	0,00087353	245746_at	At1g51070	bHLH transcription factor, putative similar to bHLH transcription factor GI:3757520 from [Arabidopsis thaliana]
2,58	0,00069444	258485_at	At3g02630	putative stearoyl-acyl carrier protein desaturase
2,57	0,00114273	252121_at	At3g51160	MUR1 (MURUS 1); GDP-mannose 4,6-dehydratase
2,57	0,00044725	262195_at	At1g78040	allergen, putative similar to allergen (Ole e 1) GI:2465129 from [Olea europaea]
2,56	0,00059172	249514_at	At5g38480	GRF3 (GENERAL REGULATORY FACTOR 3); ATP binding / protein binding
2,56	0,00001805	254958_at	At4g11010	NUPK3 (NUCLEOSIDE DIPHOSPHATE KINASE 3); ATP binding / nucleoside diphosphate kinase
2,56	0,00031006	267035_at	At2g38400	AG13 (ALANINE:GLYOXYLATE AMINOTRANSFERASE 3); alanine-glyoxylate transaminase/ catalytic
2,55	0,00073517	250937_at	At5g03230	putative protein various predicted proteins, Arabidopsis thaliana
2,55	111000000000000000000000000000000000000	201927 at	AI3023990	nypomencar protein = ko protein - Lycopersicon esculentum, EMBL:AF096262
2 55	0,00002138	252100	A+2 a E 0 E 0 0	L DURAUVE DIDIERO SEVERALDACIENALDIOSONOOVCERALE MURASES' SUDDOTTED DV CUINA' OL 14334855 OD AY035101 1
2,55	0,00002138	252169_at	At3g50520	platere protection requested by full least a DNA: Carco 02244
2,55 2,55	0,00002138 0,00002017 0,00810279	252169_at 257925_at 261055_at	At3g50520 At3g23170	unknown protein ;supported by full-lengt cDNA: Ceres:92314.
2,55 2,55 2,55 2,55	0,00002138 0,00002017 0,00810279 0,01755896 0,00507183	252169_at 257925_at 261055_at 245388_at	At3g50520 At3g23170 At1g01300 At4g16410	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:92314. chloroplast nucleoid DNA binding protein bundheirian tortein :supported by full-length cDNA: Ceres:92514.
2,55 2,55 2,55 2,54 2,54	0,00002138 0,00002017 0,00810279 0,01755896 0,00507183 0,00043574	252169_at 257925_at 261055_at 245388_at 256216_at	At3g50520 At3g23170 At1g01300 At4g16410 At1g56340	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:92314. chloroplast nucleoid DNA binding protein hypothetical protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:2505. CRT1 (CAL BETICILIUN I): calcium on binding. / infolded protein binding.
2,55 2,55 2,55 2,54 2,54 2,54	0,00002138 0,00002017 0,00810279 0,01755896 0,00507183 0,00043574 0,00018543	252169_at 257925_at 261055_at 245388_at 256216_at 258658_at	At3g50520 At3g23170 At1g01300 At4g16410 At1g56340 At3c09820	Unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:32314. chloroplast nucleoid DNA binding protein hypothetical protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:2505. CRT1 (CALRETICULIN 1); calcium ion binding / unfolded protein binding ADK1 (adenosine kinase 1): adenosine kinase/ concer ion binding
2,55 2,55 2,55 2,54 2,54 2,54 2,54 2,54	0,00002138 0,00002017 0,00810279 0,01755896 0,00507183 0,00043574 0,00018543 0,00030641	252169_at 257925_at 261055_at 245388_at 256216_at 258658_at 259882_at	At3g50520 At3g23170 At1g01300 At4g16410 At1g56340 At3g09820 At1g76670	Unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:92314. chloroplast nucleoid DNA binding protein hypothetical protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:2505. CRT1 (CALRETICULIN 1); calcium ion binding / unfolded protein binding ADK1 (adenosine kinase 1); adenosine kinase/ copper ion binding unknown protein similar to hypothetical protein GB:CA3964B (Arabidonsis thaliana)
2,55 2,55 2,55 2,54 2,54 2,54 2,54 2,54	0,00002138 0,00002017 0,00810279 0,01755896 0,00507183 0,00043574 0,00018543 0,00030641 0,00028668	252169_at 257925_at 261055_at 245388_at 256216_at 258658_at 259882_at 262411_at	At3g50520 At3g23170 At1g01300 At4g16410 At1g56340 At3g09820 At1g76670 At1g34640	Inknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:22314. chloroplast nucleoid DNA binding protein hypothetical protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:2505. CRT1 (CALRETICULIN 1); calcium ion binding / unfolded protein binding ADK1 (adenosine kinase 1); adenosine kinase/ copper ion binding unknown protein similar to hypothetical protein GB:CAB39648 [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein prediced by generark.hmm; supported by full-length cDNA: Ceres: 10855.
2,55 2,55 2,55 2,54 2,54 2,54 2,54 2,54	0,00002138 0,00002017 0,00810279 0,01755896 0,00507183 0,00043574 0,00018543 0,00028668 0,00028668	252169_at 257925_at 261055_at 245388_at 258658_at 258658_at 262411_at 263628_at	At3g50520 At3g23170 At1g01300 At4g16410 At1g56340 At1g56340 At1g76670 At1g34640 At2g04780	unknown protein "supported by full-length cDNA: Ceres:92314. chloroplast nucleoid DNA binding protein hypothetical protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:2505. CRT1 (CALRETICULIN 1); caloium ion binding / unfolded protein binding ADK1 (adenosine kinase 1); adenosine kinase/ copper ion binding unknown protein similar to hypothetical protein GB:CAB39648 [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: Ceres: 10855. FLA7 (FASCICLIN-LIKE ARABINOGGALACTAN 7)

2,54	0,00015763	264590_at	At2g17710	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:1011.
2,54	0,00026907	264926_at	At1g60660	CB5LP (CYTOCHROME B5-LIKE PROTEIN); heme binding
2,54	0,00006372	265097_at	At1g04020	BARD1 (BREAST CANCER ASSOCIATED RING 1); DNA binding / transcription coactivator
2,54	0,00001573	265998_at	At2g24270	ALDH11A3; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase/ glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (NADP+)
2,54	0,00001487	266639_at	At2g35520	DAD2 (DEFENDER AGAINST CELL DEATH 2)
2,53	0,00007565	247720_at	At5g59290	UXS3 (UDP-GLUCURONIC ACID DECARBOXYLASE 3); UDP-glucuronate decarboxylase/ catalytic
2,53	0,00163363	251013_at	At5g02540	putative protein various predicted proteins, Brassica rapa, Arabidopsis thailana
2,53	0,00138763	253705_at	At4g29130	PART (READVINASE 1); AT P binding / huchokinase/ glucokinase/ nexokinase PMA2P (PINC 4); SENCER DROTE(1) (20); restain binding (ubiquitin partein binding
2,53	0,00001745	205740_at 245301_at	At2g01150	RHAZB (KING-HZ PINGER PROTEIN 2B), protein binding/ binding/bindineprotein ligase/zinc for binding EPS2 (FARNESY) DIPHOSPHATE SYNTHASE 2): dimethylallyltrastrasfarse/aganyltrastrasfarses
2,52	0.00051697	250422 at	At5g10840	nutative protein KIAA0255 gene Homo seniores EMBI HSDA44
2,52	0.0003544	251847 at	At3q54640	TSA1 (TRVPTOPHAN SYNTHASE AI PHA CHAIN) transphane synthase
2,52	0.00045687	253286_at	At4d34260	FLICeSA: 1 2-alpha-I-fricosidase
2,51	0,0000586	250470 at	At5q10160	(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl carrier protein] dehydratase -like protein beta-hydroxyacyl-ACP dehydratase precursor
2,51	0,00630885	252943_at	At4g39330	CAD9 (CINNAMYL ALCOHOL DEHYDROGENASE 9); binding / catalytic/ oxidoreductase/ zinc ion binding
2,51	0,00003842	256160_at	At1g30120	PDH-E1 BETA (PYRUVATE DEHYDROGENASE E1 BETA); pyruvate dehydrogenase (acetyl-transferring)
2,51	0,00004488	257674_at	At3g20390	translational inhibitor protein
2,51	0,02039685	259375_at	At3g16370	putative APG protein similar to anter-specific proline-rich protein APG precursor SP:P40602 (Arabidopsis thaliana)
2,51	0,0026121	261187_at	At1g32860	beta-1,3-glucanase precursor, putative similar to beta-1,3-glucanase precursor GI:4097948 from [Oryza sativa]
2,51	0,00068738	265918_at	At2g15090	KCS8 (3-KE IOACYL-COA SYNTHASE 8); acyltransferase/ catalytic/ transferase
2,51	0,00169419	266500_at	At2g06925	PLAZ-ALPHA; prosprolipase A2
2,49	0,00035164	207300_al	At2g39900	CANZ (CALMODILINZ); calcium ion binding
2,40	0,00019030	253282 at	At4g34120	LE II (LOSS OF THE TIMING OF TAND IA BIOSYNTHESIS 1)
2,48	0.0004533	258498 at	At3q02480	unknown protein similar to pollen coat protein GB:CAA63531 from [Brassica oleracea]
2,47	0,00058315	245098 at	At2q40940	ERS1 (ETHYLENE RESPONSE SENSOR 1); ethylene binding / protein histidine kinase/ receptor
2,47	0,00018365	251788_at	At3g55420	putative protein
2,47	0,00047879	252212_at	At3g50310	MAPKKK20; ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein serine/threonine kinase
2,47	0,00004869	261944_at	At1g64650	unknown protein
2,46	0,00604369	254387_at	At4g21850	ATMSRB9 methionine sulfoxide reductase domain-containing protein / SeIR domain-containing protein
2,45	0,01067105	249007_at	At5g44650	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21404.
2,45	0,00041559	266226_at	At2g28740	
2,44	0.00011500	255260 of	At5g24040	ATCHIS3 (Arabidonsis thaliana alucuronidase 3); beta-alucuronidase
2.44	0,00034388	258515 at	At3a06650	ACLB-1: ATP citrate synthase
2,44	0.00315105	258828 at	At3g07130	PAP15 (PURPLE ACID PHOSPHATASE 15); acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase
2,44	0,00034905	260565 at	At2q43800	unknown protein predicted by genefinder; similar to GPI2194125
2,44	0,00298174	262414 at	At1g49430	LACS2 (LONG-CHAIN ACYL-COA SYNTHETASE 2); long-chain-fatty-acid-CoA ligase
2,44	0,00070598	264004_at	At2g22425	Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38277.
2,44	0,00030165	266334_at	At2g32380	hypothetical protein predicted by genefinder;supported by full-length cDNA: Ceres:9671.
2,44	0,02303557	266460_at	At2g47930	AGP26 (ARABINOGALACTAN PROTEIN 26)
2,43	0,01862873	249459_at	At5g39580	peroxidase ATP24a
2,43	0,0006019	250916_at	At5g03630	A I MUAKZ; monodehydroascorbate reductase (NADH)
2,43	0,00111198	251601_at	At3g55440	1PT (TRIOSEPHOSPHATE ISOMERASE); ITOSE-phosphate isomerase
2,43	0,02554927	20002_5_dl	At4g55110	putative protein cyclopropane-raity-adyr-priosprioripto synthase, escherichia doll, https://dy.adv.
2,43	0.00027072	259404 at	At1q17720	ATB BETA: nucleotide binding / protein phosphase twoe 24 regulator
2.43	0.01372088	267093 at	At2g38170	CAX1 (cation exchanger 1): calcium ion transmembrane transporter/ calcium:cation antiporter
2,42	0,00432563	261567_at	At1g33055	Expressed protein ; supported by cDNA: gi_13877526_gb_AF370464.1_AF370464
2,41	0,00002603	251852_at	At3g54750	putative protein
2,41	0,00007726	252231_at	At3g49720	hypothetical protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:35598.
2,41	0,00004226	252442_at	At3g46940	dUTP pyrophosphatase-like protein dUTP pyrophosphatase - Lycopersicon esculentum,PIR2:JQ1599
2,41	0,00421456	253065_at	At4g37740	AtGRF2 (GROWTHREGULATING FACTOR 2); transcription activator
2,41	0,00017018	254561_at	At4g19160	putative protein ; supported by cDNA: gi_15292760_gb_AY050814.1_
2,41	0,00001885	264098_at	At10/9260	nypotnetical protein predicted by genemark.nmm; supported by CDNA: gl_15081627_gb_AY048206.1_
2 41	0.00005411	264668 at	At1c09780	nutative 2.3-bishboshbodycerate-independent phosphodycerate mutase
2,41	0,00005411	264668_at 267544_at	At1g09780 At2g32720	putative 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase
2,41 2,41 2,4	0,00005411 0,000805 0.00146271	264668_at 267544_at 250560_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBJNIT B): DNA binding / nucleic acid binding
2,41 2,41 2,4 2,4	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735	putative 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding FSK1; growth factor
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 258437_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560	putative 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756.
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581 0,00081186	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 258437_at 261790_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167.
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581 0,00081186 0,0000077	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 258437_at 261790_at 264968_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67360	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); here binding RPA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia]
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581 0,00007581 0,000077 0,00366476	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 258437_at 261790_at 264968_at 257606_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67360 At3g13870	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581 0,00007581 0,000077 0,00366476 0,00026044	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 258437_at 261790_at 264968_at 257606_at 261985_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67360 At3g13870 At1g33750 At1g33750	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. HND3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding IErpone synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum]
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581 0,0000077 0,0036476 0,00026044 0,0005304 0,0005304	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 258437_at 261790_at 264968_at 257606_at 261985_at 264523_at 266001_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67360 At1g67360 At1g3750 At1g30750 At1g30250 At1g30250	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME BS ISOFORM B); heme binding RPA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein ; putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding terpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HUP3 (hont-binding 3): ceredit
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581 0,00081186 0,0000777 0,00366476 0,00026044 0,0005304 0,000167969 0,000167969	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 258437_at 261790_at 264968_at 257606_at 261985_at 261985_at 26523_at 266001_at 266364_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67360 At1g167360 At1g33750 At1g10030 At2g24150 At2g24150	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802956 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Lengene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ER282 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein 3);
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581 0,00081186 0,000077 0,00366476 0,00026044 0,00053304 0,00167969 0,000617825 0,0023762	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 261790_at 261790_at 264968_at 257606_at 261985_at 264523_at 266001_at 266364_at 249557_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67360 At3g13870 At1g33750 At1g10030 At2g24150 At2g41230 At5g4980	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lerges explanation to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (Robrie - FAox protein 3); receptor unknown protein HP3 (Robrie - Faox protein 3); receptor Unknown protein AFB5 (Auxin E-Rex protein 5); ubiquitin-protein licrase
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00037587 0,00007581 0,00081186 0,0008476 0,0005304 0,0005304 0,000617825 0,00230762 0,00230762	264668_at 267544_at 250560_at 252624_at 258437_at 261790_at 26790_at 267606_at 261985_at 266061_at 266064_at 246557_at 250014_at	At1009780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g44735 At3g16560 At1g67860 At3g13870 At1g33750 At1g33750 At1g33750 At1g433750 At2g4150 At2g41230 At5g49980 At5g17990	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Lerpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein unknown protein THP3 (heptahelical protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38	0,00005411 0,000805 0,00146271 0,00375874 0,00007581 0,00007581 0,0000077 0,00366476 0,000026044 0,000167969 0,000167969 0,000167969 0,000167962 0,00230762 0,0029651 0,00028183	264668_at 267544_at 250560_at 250560_at 250267_at 261790_at 261790_at 264968_at 264968_at 264968_at 264958_at 264923_at 264923_at 264924_at 266364_at 266364_at 266364_at 266364_at 250772_at	At1009780 At2032720 At5008020 At3044735 At3044735 At3044735 At1016500 At1067800 At103780 At1033750 At2024150 At2024150 At2024150 At2041230 At5049980 At505920	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802956 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding LeR28 (Arbidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein Unknown protein Yeng (Appla) HHP3 (Applahelical protein 3); receptor Unknown protein Unknown protein Yeng (Applahelical protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP6 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm/like protein FOC7, cyclophilin, Arabidopsis thadiana, EMBL:AF192490
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002782 0.0002762 0.0022651	264668 at 267544_at 250560_at 250260_at 258437_at 261790_at 261790_at 261985_at 261985_at 264523_at 266001_at 266364_at 248557_at 250714_at 251772_at 2514766_at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16560 At1g16760 At1g17870 At1g3750 At1g10030 At2g24150 At2g41230 At5g17990 At3g55920 At4g20430	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres; 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding REN23 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding EFG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor Unknown protein R-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subilisin-like serine protease
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.00026304 0.00027969 0.00617825 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00029651 0.00029261 0.00053044 0.00053044 0.00029261	264658 at 267544_at 250560_at 250264_at 252624_at 258437_at 261790_at 264968_at 264968_at 261985_at 264963_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 26606_at 25014_at 25014_at 250466_at 255466_at	At1 09780 At2 03780 At5 08020 At3 08	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein i, supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. HND3 (ROCOT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding RHD3 (ROCOT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lerpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); teceptor Unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase Cyclophilin-like proteins ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3)
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00056046 0.00026044 0.00053040 0.000617825 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00029651 0.00023849 0.00025835	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 256224 at 264790 at 264790 at 264968 at 264968 at 264966 at 264965 at 266001 at 266001 at 266364 at 250714 at 250714 at 251772_at 254466 at 254563 at 265652 at 26652 at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67860 At3g13870 At1g33750 At1g33750 At1g433750 At1g4324150 At2g41530 At2g41530 At2g41230 At5g49980 At3g55920 At4g20430 At4g19120 At4g20430 At4g19120	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein is upported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Iterpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (trypolphan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative pedinesterase homosene like partia the bifungtioned paramet. Earbeichic acti. DID:06.1720.
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00148271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.0002604 0.00003304 0.00167969 0.00617825 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.002365 0.0003304 0.00025835 0.00009674 0.00025835	264668 at 267544_at 250560_at 250560_at 258437_at 2614968_at 2614985_at 2614985_at 264523_at 266001_at 266001_at 266001_at 255765_at 255772_at 255772_at 255466_at 2556666_at 255666_at 2556666_at 2556666_at 25566666666666666666666666666666666666	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16500 At1g67060 At1g3750 At1g1030 At2g24150 At2g41230 At5g17990 At3g55920 At4g19120 At2g2440 At5g21060 At2g2440 At5g21060 At3g255920	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSKT1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Erepene synthase, putative similar to SELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein R-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis haliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative peckohesitenesterase FRD4 (earlphoeutinese); binoproteinage; there binoprotein active to dehydration 3) putative peckohesitenesterase FRD5 (earlphoeutinese); binoprotein furch bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SNB45E
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000001781 0.00086476 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002762 0.0002604 0.0002762 0.00029651 0.00018183 0.00029261 0.00025835 0.00009674 0.00025835	264668 at 267544_at 250560_at 250560_at 250264_at 258437_at 261790_at 264968_at 261985_at 264968_at 261985_at 2649654_at 266001_at 266001_at 266001_at 260014_at 25014_at 254966_at 25697_	At1 09780 At2 03780 At5 08020 At3 08	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lettop of HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lettop of HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lettop as putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (ROCH) HHP3 (ROCH) AFB5 [Auxin F-Box protein 5]; ubiquitn-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (adv/responsive to dehydration 3) putative pectinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phospharic ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPLOREFG1 (Conserved neuridie unstream oneor nearing transf
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,37 2,37 2,37 2,37	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.00000077 0.00366476 0.00026044 0.00053040 0.00017825 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00029651 0.00029651 0.00025835 0.00009674 0.00057883 0.00067883 0.00067883	264668 at 267544_at 250560_at 250260_at 252624_at 264790_at 264790_at 264790_at 264988_at 264988_at 264988_at 264983_at 264983_at 266304_at 266304_at 255074_at 254563_at 254563_at 254563_at 254563_at 254762_at 251762_at 251762_at 25994_at	At1009780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g44735 At3g16560 At1g67360 At1g67360 At1g67360 At3g13870 At1g3750 At1g3750 At1g40980 At2g24150 At2g41230 At2g24150 At2g41230 At3g55920 At4g19120 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g53870	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein i, supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Lerpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein unknown protein S); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease LRD3 (edolycenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) uptative pectinesterase homosphate adolase (FC 4 1 2 13)- rice. PIR2:T02057
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,37 2,37 2,37 2,37	0.00005411 0.000805 0.00148271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.0002604 0.00005304 0.000167969 0.00617825 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00229651 0.00029261 0.000292835 0.00009674 0.000292835 0.0000967883 0.0000967883 0.00035744	264668 at 267544_at 250560_at 250560_at 258437_at 261790_at 264968_at 257606_at 261985_at 264523_at 266001_at 266001_at 26655_at 255757_at 255772_at 255466_at 255772_at 255466_at 255752_at 2557552_at 25575555555555555555555555555555555555	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16700 At1g3750 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24120 At5g17990 At3g5520 At4g20430 At4g20430 At4g2120 At3g55800 At3g55800 At3g55870	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSKTI; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. ERD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Iterpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor Unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cycdophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative pedinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (early-responsive to dehydration 3) putative fuctose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphate aldolase fructose-bisphosphate aldolase (CS 4.1.2.13)- rice, PIR:2T02057 GAPC1 (CUCRERALDEHYDE-3PHOSPHOSPHATE DEHYDROGENASE C SUBUNIT 1)
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,3 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00026044 0.0002604 0.0002604 0.0002782 0.00230762 0.00230762 0.0002805 0.000217825 0.0002835 0.0002835 0.00009674 0.00009674 0.00009784 0.00007883 0.00018183 0.00029261 0.00027823 0.00018183 0.00035744 0.00035744 0.00035744	264668 at 267544 at 250560 at 250260 at 252827 at 261790 at 264968 at 264968 at 264968 at 264923 at 264923 at 266001 at 266001 at 26357 at 250014 at 254066 at 254666 at 254666 at 254666 at 254662 at 25466 at 25466 at 254966 at 255966 at 25696 at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67860 At1g16780 At1g37870 At1g3750 At1g3750 At1g3750 At1g24150 At2g41230 At3g59820 At3g5920 At3g5920 At3g5920 At3g58200 At3g583670 At3g58370 At3g58370 At3g58170 At3g58370 At3g58370 At3g2430	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lergeas values similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lergeas (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (Rochain F-Box protein 5); ubiquitn-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (andry-responsive to dehydration 3) putative pectinesterase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fractose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase' sachoeptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fractose-bisphosphate aldolase fructose-bisphosphatase
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.00000077 0.00366476 0.00026044 0.00167969 0.00026044 0.00167969 0.000230762 0.00230762 0.000230762 0.00023076 0.00023076 0.00023078 0.00023649 0.00025835 0.00009674 0.00025835 0.00009674 0.00025835 0.000057883 0.00027883 0.00027883 0.00027883 0.00027883 0.00027883 0.00027883 0.00027883 0.00027883 0.00027883 0.00027883 0.00035744	264668 at 267544_at 250560_at 250264_at 250261_at 261790_at 261790_at 261995_at 261995_at 261985_at 264623_at 266001_at 266001_at 266001_at 255076_at 255076_at 255076_at 255076_at 25507_at 255	At1009780 At2032720 At5008020 At3044735 At3044735 At3044735 At304650 At116780 At116780 At136780 At13780 At204120 At204120 At204120 At4020430 At4020430 At4020430 At4020430 At3058200 At3058200 At3058200 At3058200 At3058200 At30580	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PR470B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. Stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROC)T HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Lerpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (eardiy-responsive to dehydration 3) putative pedinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fructose-bisphosphata adola
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00148271 0.00375874 0.00007581 0.00007781 0.00081186 0.0000077 0.00366476 0.0002604 0.0002504 0.000167969 0.00617825 0.00230762 0.00229651 0.00230762 0.00029261 0.00029283 0.00029283 0.00009674 0.00029283 0.00009674 0.00029283 0.000097883 0.00029283 0.000097883 0.00027883 0.00035744 0.00276223 0.00013696 0.00021997 0.00012967	264668 at 267544_at 250560_at 250560_at 258437_at 264968_at 257606_at 264923_at 264923_at 266001_at 266001_at 266001_at 26655_at 25575_at 255772_at 255466_at 255752_at 2557752_at 255757_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 255752_at 2557552_at 25575555555555555555555555555555555555	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16700 At1g3750 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At5g17990 At3g55200 At4g20430 At4g20430 At3g55800 At3g52703 At3g27030 At2g27030 At5g19290	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSAT0B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding LeRQ2B (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein Unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (acity-responsive to dehydration 3) putative pedorheptulose-bisphosphates); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctores-trisphosphate aldolase fructose-bisphosphatase CPUORF51 (CONServed peptide upstream open reading frame 51) putative fuctores-bisphosphate aldolase fructose-bisphosphatase CPUORF51 (CONServed peptide upstream open reading
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.000617825 0.0002762 0.00229651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029653 0.00009674 0.00029653 0.00009674 0.00029653 0.00019251 0.000335744 0.00021997 0.00021997 0.0001251 0.0001251 0.0001251 0.0001255 0.000125 0.00000000000000000000000000000000000	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 252624 at 261790_at 264790_at 264790_at 264723 at 264623 at 264623 at 266001 at 266001 at 266364 at 250772 at 255074 at 255074 at 255074 at 255072 at 246052 at 251954 at 251954 at 255929 at 255888 s_at 265226 at 266317 at 266317 at 266317 at 267565 at 266317 at 267565 at 266317 at 267565 at 266317 at 267565 at 267565 at 266317 at 267565 at 267565 at 266317 at 267565 at 2675755 at 26757555 at 26757555 at 26757555 at 26757555 at 267575555555555555555555555555555555555	At1 09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g44735 At3g16560 At1g16780 At1g6780 At1g16780 At1g13870 At1g1030 At2g24150 At2g41230 At5g17990 At3g15920 At4g19120 At3g5820 At4g20430 At4g19120 At3g583670 At3g583670 At3g583670 At3g583670 At3g583670 At3g28430 At2g27180 At2g27180 At2g27180 At2g27180 At5g57180 At5g	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK13; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lergene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lergene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (RocDine) HHP3 (RocDieni 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (aerly-responsive to dehydration 3) putative fuctores-tisphosphatase); phosphoric ester hydrolase! dohoperluices-bisphosphatase CPuORFST (Conserved peidide upstream open reading frame 51) <t< td=""></t<>
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00053304 0.00167969 0.000230762 0.00230762 0.00230762 0.000230761 0.000230762 0.000230763 0.000230763 0.000230763 0.000230763 0.00027833 0.00017883 0.000057843 0.00027883 0.00027823 0.00027883 0.00035744 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027623 0.00013696 0.00027697 0.00012655 0.00013696 0.00013697 0.00012655 0.0001365 0.000135 0.0000135 0.000005 0.000005 0.00000005 0.00000000	264668 at 267544_at 250560_at 250560_at 250264_at 258437_at 261790_at 264968_at 261985_at 264968_at 264968_at 2649634_at 256406_at 254966_at 254966_at 254966_at 254966_at 254966_at 254966_at 251954_at 251955555555555555555555555555555555555	At1 09780 At2 03780 At5 08020 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At1 0500 At1 0500 At1 0500 At1 0500 At1 0500 At1 0500 At2 041 At5 04980 At5 04980 At5 04980 At5 04980 At5 04980 At5 04980 At5 04980 At5 04980 At5 0400 At3 05800 At3 0	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. Stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding HPD3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Lergene synthase, putative similar to attess related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Lergene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan bicsynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase Cyclophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative peclinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphate aldolase fructose-bisphosphate aldolase (EC 4.1.2.13)- rice, PIR2:T02057 GAPCT (GLYCERALDEHYDE:3-PHOSPHATE DEHYDROGENASE C SUBUNIT 1) unknown protein ; supported by CDNA; a); 16648715_gb_AY058134.1_ CAM5 (CALMODULIN 5); calcium ion binding phospholipase - like protein various predicted phospholipase proteins; supported by full-length cDNA: Ceres:253499. CL2 (CHLOROPLAST INDPORT APPRATUS 2); transcription regulator hypothetical protein predicted by cAN2 supported by full-length cDNA: Ceres:253499. CL2 (CALMODULIN 5); calcium ion binding phospholipase - like protein various predicted phospholipase proteins; supported by full-length cDNA: Cer
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.00002604 0.00026044 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002604 0.0002780 0.00017825 0.00230762 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029261 0.0000977 0.00029261 0.0000977 0.00029261 0.0000977 0.00029261 0.0000977 0.00029261 0.0000977 0.00029261 0.000029261 0.000029261 0.000029261 0.00000000000000000000000000000000000	264668 at 267544_at 250560 at 256264 at 258437 at 261790 at 264968 at 257606 at 261995 at 266001_at 266001_at 266001_at 26657 at 255757 at 255772 at 255466_at 255772 at 255466_at 255772 at 255466_at 255752 at 255752	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g13870 At1g13870 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At5g17990 At5g49980 At5g17990 At3g55920 At4g20430 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g57080 At3g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At4g2250 At4g228510 At4g228510 At1g28510	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding (PA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. ERC82 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor Unknown protein AFB6 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative pedioheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (CONServed peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (CONServed peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphatase); phospholipase proteins; supported by full-length cDNA: Ceres: 253499. CIA2 (CHLOROPLAST IMPORT APPARATUS 2); transcription regulator hypothetical protein predicted by genemark.
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00148271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.0002604 0.0002604 0.000617825 0.0002781 0.00017825 0.0002782 0.0002782 0.0002782 0.00029851 0.00029851 0.00029851 0.00029851 0.00029851 0.00029851 0.00029853 0.00009874 0.00029853 0.00009874 0.00029853 0.00009874 0.00021997 0.0001281 0.00012951 0.00012852 0.00012851 0.00012852 0.00012851 0.00012852 0.00012851 0.00012852 0.00012852 0.00012851 0.00012852 0.0001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00001285 0.00000000000000000000000000000000000	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 252624 at 261790_at 261790_at 264733 at 264733 at 264733 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264525 at 255762 at 251762 at 251762 at 251956 at 251956 at 251956 at 251956 at 252929 at 268588 \$ at 261440 at 261440 at 261440 at 261440 at 265683 at	At1 09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g44735 At3g16560 At1g16780 At1g6780 At1g16780 At1g1030 At1g4780 At1g1030 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At3g59800 At5g17990 At3g55870 At4g20430 At4g19120 At2g2440 At5g21060 At3g53870 At4g28430 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g28510 At2g4507 At2g450	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK17B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK17B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK17; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lerpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like serine proteiase ERD3 (aerly-responsive to dehydration 3) putative fouctoresterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphorisosphosphate alcolase (E 4.1.2.13)- rice, PIR2:T02057 GAPC1 (GryCeRALDEHYDE-3-PHOSPHATE DEHYDROGENASE C SUBUNIT 1) unknown protein ; supported by cDNA: gi 1664
2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00053304 0.00167969 0.000230762 0.00230762 0.00230762 0.000230761 0.0002835 0.00029261 0.00027843 0.00057843 0.00057843 0.00057843 0.00035764 0.00027623 0.00015052 0.00015052 0.00015052 0.00015052 0.00015052 0.00015052 0.00015052 0.00015251 0.00015251 0.00015251 0.00015251 0.00015251 0.00015251 0.00015251 0.00015251 0.00015251 0.00005724 0.00015251 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005725 0.0000575 0.000057 0.0000575 0.000057 0.0000057 0.0000057 0.0000057 0.000057 0.000057 0.000057 0.0000	264668 at 267544 at 267654 at 267544 at 250560 at 250560 at 250524 at 2556437 at 261790 at 264968 at 264968 at 264968 at 264968 at 264968 at 264965 at 264965 at 264967 at 265014 at 255767 at 250014 at 255765 at 254066 at 255466 at 255466 at 2554954 at 255929 at 26526 at 26527 at 265072 at 2651762 at 2651762 at 2651762 at 2651762 at 2651762 at 2651763 at 266141 at 2661410 at 2661404 at 2661404 at 266105 at 265683 at 265683 at 265683 at 255954 at 255954 at 255954 at 265276 at 265776 at 26577676 at 2657767667676767676767676767676767676767	At1g09780 At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16500 At1g6780 At1g16000 At1g67360 At1g3750 At1g33750 At1g33750 At1g33750 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At3g59800 At3g15990 At3g55920 At4g19120 At4g19120 At3g55800 At3g53670 At3g53670 At3g548070 At3g57180 At2g27030 At2g27070 At2g77070 At2g770	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding RED3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lergea synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (ROCT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding HP3 (ROCT) HAIR DEFECTIVE 3); Creptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitn-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase Cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (adiy-responsive to dehydration 3) putative pectinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORFST (Conserved peptide upstream open reading frame 51)
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00026044 0.00026044 0.00026044 0.00026044 0.0002604 0.0002604 0.0002782 0.00230762 0.00230762 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029653 0.00009674 0.00027833 0.00041503 0.00027843 0.00027843 0.00027843 0.00027843 0.00027843 0.00013696 0.000136744 0.000136744 0.000136744 0.000136744 0.000136742 0.00013674 0.00000000000000000000	264668 at 267544_at 250560 at 256264 at 258437 at 264968_at 257606 at 264968_at 257606 at 264985_at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 265657 at 256001 at 25577 at 254466 at 254467 at 254461 at 266105 at 26637 at 26637 at 26638 s_at 26638 s_at 26638 s_at 26638 at 26636 at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g16700 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At5g17990 At5g49980 At5g17990 At5g21060 At3g55200 At4g20430 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g5570 At3g57180 At3g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At4g22250 At1g28510 At1g28510 At1g28510 At1g01700 At1g01700 At1g01700 At1g01700 At1g01700 At1g01700 At1g01700 At1g01700 At1g01700 At1g02530	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Ierpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERC828 (Arabidopsis homolog of veast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein : unknown protein in: vcpdophilm-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thailana, EMBLAF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative fectionesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoriposphosphotase/ (sedoheptulose-bisphosphatase) CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphatase); phosphoriposphotipase roteins; supported by CDNA: <u>ic</u> 16648715, <u>jb</u> _AY058134.1_ CAMS (CALMODULIN 5); calciumi noi hinding
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.0008b5 0.00148271 0.00375874 0.00007581 0.000077801 0.0000077801 0.0000077 0.00366476 0.00002604 0.00005304 0.000167969 0.00617825 0.0002304 0.00017825 0.00029651 0.00029651 0.000292835 0.000292835 0.00009674 0.00025835 0.00009674 0.00025835 0.00009674 0.00027823 0.00013656 0.00012551 0.00012552 0.000012551 0.00012552 0.000012552 0.00004275 0.000387614 0.0002722 0.00004275 0.00004275 0.00004275 0.00002721 0.00002721 0.00002721 0.00002721 0.00002721 0.00002721 0.00002721	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 250262 at 261790_at 2614968 at 2614985 at 261498 at 261498 at 261498 at 261498 at 261498 at 261440 at 261440 at 261681 at 261681 at 261681 at 261762 at 261681 at 261681 at 261681 at 261763 at 261681 at 261681 at 261763 at 261763 at 261681 at 261681 at 261763 at 261763 at 261681 at 261763 at 261763 at 261681 at 2617681 at 261776 at 247908 at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16560 At1g16760 At1g6760 At1g3750 At1g1030 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At3g5920 At3g5920 At3g5920 At3g5920 At3g5920 At4g20430 At4g19120 At3g55870 At2g2640 At3g55780 At2g27030 At2g27030 At2g27030 At2g27030 At2g27030 At2g27030 At2g27030 At2g250 At1g28510 At2g250 At1g00570 At1g00570 At1g00570 At2g2630 At2g26330 At2g267440At2g2630 At2g267440 At2g2630 At2g26740 At2g267440At2g2630 At2g267440 At2g26740	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSAT0B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lenges synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arbidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (acit/responsive to dehydration 3) putative fuctose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphata aldolase fructose-bisphosphata aldolase (EC 4.1.2.13)-rice, PIR2:T02057 GAPC1 (GLYCERALDEHYDE-3PHOEPNAEDEHYDROGENASE C SUBUNIT 1) unknow
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.00007581 0.000007781 0.00028044 0.00053304 0.00053304 0.00053304 0.00053304 0.00053304 0.00057825 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.000276223 0.000276223 0.00027623 0.00027623 0.00015052 0.00015052 0.00015052 0.00005724 0.000337614 0.00005725 0.00005725 0.00005725 0.00005725 0.00005755 0.0000575	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 250264 at 250264 at 258437 at 261790 at 261985 at 264968 at 264968 at 264965 at 264965 at 264965 at 264965 at 264965 at 250014 at 251954 at 255406 at 255466 at 255466 at 255929 at 265226 at 266307	At1g09780 At1g09780 At5g08020 At3g44735 At3g16560 At1g16000 At1g67360 At1g167360 At1g37370 At1g3750 At1g3750 At1g3750 At1g24150 At2g24150 At2g24150 At3g17990 At3g5920 At3g5920 At3g5920 At3g5920 At3g5870 At3g58370 At3g58370 At3g58370 At3g58370 At3g58370 At3g58370 At3g57180 At3g2510 At2g27030 At3g257180 At3g257180 At3g257180 At3g257180 At3g2570 At3g2570 At3g2570 At3g2570 At3g2570 At3g257180 At2g27030 At5g19290 At5g257180 At2g2500 At3g2570 At3	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PR4708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK15; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding RED3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lergene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding HHP3 (Inoptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitn-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (ant/responsive to dehydration 3) putative pedinesterase CPuORF51 (Conserved peride upstream open reading frame 51) putative fructose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase (Sduheptulose-bisphosphatase) CPuORF51 (Conserved pepide upstream open reading frame 51)
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000081186 0.000081186 0.000081186 0.000081186 0.000081180 0.0006782 0.00026044 0.00053049 0.00167969 0.0002604 0.0002762 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00009672 0.00029651 0.00009672 0.00027622 0.00027622 0.00027622 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003765 0.00003764 0.0003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00003765 0.00007712 0.00003205 0.000003205 0.00003205 0.00003205 0.0000000000000000000000000000000000	264668 at 267544_at 250560 at 256264 at 258437 at 264968_at 257606 at 264968_at 257606 at 264985_at 264923 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 2566364 at 25677 at 254466 at 254466 at 254466 at 254466 at 254466 at 254466 at 254466 at 254466 at 254466 at 254929 at 25976 at 266017 at 25929 at 26638 s_at 26638 s_at 26638 s_at 26638 s_at 26638 s_at 26638 s_at 26638 s_at 26638 s_at 26639 at 26638 s_at 26639 at 26639 at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g16700 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At5g17990 At5g49980 At5g17990 At5g21060 At3g5520 At4g20430 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g5700 At3g5703 At3g57180 At3g57180 At5g9703 At5g97180 At5g57180 At4g22530 At4g22530 At4g22530 At4g226330 At4g39500 At3g557440 At3g557440 At3g557440 At3g557440 At3g557440 At3g55740 At4g39500 At3g55740 At4g39500 At3g55740 At4g39500 At43g55757	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Ierpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERC82 (Arabidopsis homolog of veast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein PAT08 (acxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thailana, EMBLAF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative fuctose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase' sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphate aldolase fructose-bisphosphatase CPUORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fructose-bisphosphate aldolase f
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.0008b5 0.00148271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.0000077801 0.0000077801 0.000081186 0.0000077 0.00026044 0.000167969 0.00617825 0.00023042 0.0002782 0.00029651 0.00029651 0.00029261 0.000292835 0.000292835 0.00009674 0.000292835 0.00009674 0.000292835 0.00009674 0.00027823 0.00012562 0.0001255 0.0001255 0.00004872 0.00007712 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.00007212 0.0000272 0.00007212 0.0000272 0.00000272 0.0000000000	264668 at 267544_at 250560_at 250560_at 250264_at 261790_at 2614968_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 261495_at 2614563_at 261466_at 251772_at 251772_at 251762_at 251762_at 245052_at 245052_at 245052_at 245052_at 245027_at 251954_at 251954_at 251954_at 251954_at 251954_at 251954_at 261440_at 261440_at 261440_at 261440_at 261581_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 261583_at 2615833_at 261583	At1 09780 At2 03780 At2 03720 At5 068020 At3 06560 At1 06560 At1 06560 At1 06560 At1 06560 At1 03750 At1 03750 At2 037500 At2 037500 At2 03750 At2	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA; Ceres: 249756. unknown protein contains protein binding RHD3 (ROC)T HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Lenges synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-ike protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (acity-responsive to dehydration 3) putative forUces-tensetrase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphata aldolase fructose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open r
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.00027813 0.00027843 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00015052 0.00015052 0.00005724 0.00015052 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005725 0.0000575 0.0000555 0.0000555 0.0000555	264668 at 267544 at 267544 at 267544 at 250560 at 250560 at 250524 at 250560 at 2558437 at 261790 at 2614968 at 261496 at 261494 at 261496 at 261494 at 261494 at 261494 at 261404 at 2616105 at 261404 at 2616105 at 2616105 at 2616105 at 2616105 at 2616105 at 2616105 at 261620 at 261630 at 261631 at 261630 at 261631 at 261630 at 26270 at 252898 at 262898 at 262898 at 262870 at 262898 at 262898 at 262870 at 262898 at 262870 at 2628870 at 262870 at 262870 at 262870 at 2628870 at	At1 09780 At2 03780 At2 03780 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At1 06560 At1 04560 At1 04560 At1 04560 At1 04560 At1 04030 At2 04150 At2 04150 At2 04150 At2 04150 At2 04150 At2 04150 At2 04150 At2 04150 At3 04	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSAT0B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Iterpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitn-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase Cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBLAF192490 Subtilisin-like serine protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBLAF192490 Subtilisin-like protein Siphosphatase); phosphoric ester hydrolase' sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peride upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphate alcolase fuctose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peride upstream open reading frame 51) phospholipase - like prot
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000081186 0.000081186 0.000081186 0.000081186 0.00026044 0.0005304 0.00167969 0.0002604 0.00077825 0.00230762 0.00230762 0.00029651 0.0003965 0.00009674 0.0005783 0.0001261 0.00035744 0.00032052 0.00001251 0.00032762 0.00004276 0.00032762 0.00004276 0.00032052 0.00004276 0.00002421 0.00003205 0.00004276 0.00002421 0.00002421 0.00003205 0.00004276 0.00002421 0.00002421 0.00003205 0.00004276 0.000004276 0.	264668 at 267544_at 250560 at 256264 at 258437 at 264968_at 257606 at 264968_at 257606 at 264985_at 264923 at 266001 at 26600 at 266000 at 266000 at 266000 at 266000 at 266000 at 266000 at 26	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g16700 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At5g17990 At5g49980 At5g17990 At3g55920 At4g20430 At3g55920 At3g55920 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g5700 At3g5700 At3g5703 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At5g5740 At2g26330 At4g22530 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g05740 At2g26330 At5g57440 At3g15650 At3g15650 At1g57440 At3g15650 At3g15650 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g15650 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 At3g1560 At1g5720 A	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Ierpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERC82 (Arabidopsis homolog of veast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB6 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thailana, EMBLAF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative fuctose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase' sedoheptulose-bisphosphatase CPUORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphate aldolase fructose-bisphostal alcolase (EC 4.1.2.13)- rice, PIR2:T02057 GAPC1 (GLVCERALDEHYDE-3PHOSPHATE DEHYDROGENASE C SUBUNT 1) unknow
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00148271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.0000077 0.00366476 0.00002604 0.00002604 0.000167869 0.00617825 0.00230762 0.0023965 0.0023965 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.0002967843 0.0002967843 0.00027843 0.00027843 0.00027843 0.00027843 0.00027843 0.00027843 0.0002784 0.00027843 0.0002784 0.00027843 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.0002784 0.00000000000000000000000000000000000	264688 at 267544_at 250560_at 250560_at 250264_at 261790_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 261495_at 261495_at 251772_at 251772_at 251762_at 251762_at 251762_at 251954_at 251956_at 261140_at 261140_at 261140_at 261140_at 261140_at 261140_at 261140_at 261376_at 261376_at 2613776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 26139776_at 2639776_at 2639776_at 2639776_at 2639776_at 2639776_at 2639776_at 2639776_at 2639776_at 2639776_at 26397776_at 26397776_at 2639777776_at 263977777776_at 2639777777777777777777777777777777777777	At1 09780 At2 03780 At2 03780 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At1 06500 At1 05600 At1 03750 At1 03750 At2 0412 At1 03750 At2 0412 At5 04980 At3 05520 At4 04980 At3 05520 At4 04980 At3 05520 At4 04980 At3 05520 At4 04980 At3 05520 At4 0408 At3 055780 At3 055780 At3 055780 At3 05780 At3 05	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / hucleic acid binding PSAT0B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / hucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Ierpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cycdophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis shaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative proteinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphata aldolase fructose-bisphosphata aldolase (C 4.1.2.13)- rice, PIR2:T02057 GAPC1 (GLYCERALDEHYDE-3PHOSPHATE DEHYDROGENASE C SUBUNIT 1) unknown protein ; supported b
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00028044 0.00053304 0.00167989 0.000217825 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.000230762 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.000276223 0.000276223 0.00027623 0.00015052 0.00015052 0.00015052 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005724 0.00005725 0.00005724 0.00005725 0.00005725 0.00002421 0.0002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.00002421 0.000002421 0.00002525 0.00002525 0.00002525 0.00002525 0.000002525 0.000002525 0.000002525 0.000002525 0.0000000000	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 250262 at 261790_at 261906 at 261985 at 261985 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 250174 at 255772 at 2557775 at 24697775 at 2557775 at 255777575 at 25577757577577577577577577577577757757777	At1 09780 At2 03780 At2 03780 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04736 At1 06780 At1 05780 At1 03780 At1 033750 At1 033750 At1 033750 At1 033750 At2 047150 At2 047150 At2 047150 At3 047980 At5 047980 At5 047980 At5 047980 At3 047150 At3 047150	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PRA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSAT08 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROCDT HAIR DEFECTIVE 3); CTP binding Lergene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like serine protease ERD3 (acity-responsive to dehydration 3) putative fuctoresterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphorie ster hydrolase (scholpetulose-bisphosphatase CPuORFST (Conserved petide upstream open reading frame 51) putative fuctose-bisphosphate alcolase fructose-bisphosphata alcolase (EC 4.1.2.13)- rice, PIR2:T02057 <
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000081186 0.000081186 0.000081186 0.00008146 0.00026044 0.0005304 0.00167969 0.00028051 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00029651 0.0003964 0.0005783 0.00018183 0.00029651 0.0003974 0.00029651 0.00032052 0.00004875 0.00004855 0.00004855	264668 at 267544_at 250560 at 25624 at 25624 at 258437 at 264968_at 257606 at 264968_at 257606 at 264985 at 266001 at 25663 at 25576 at 25576 at 25576 at 25576 at 25576 at 266001 at 25576 at 266001 at 25929 at 26600 at 25776 at 266001 at 255683 at 266001 at 265683 at 266001 at 265683 at 266001 at 265683 at 266001 at 265683 at 266001 at 265683 at 266005 at 266005 at 266005 at 266005 at 266005 at 266005 at 266005 at 267376 at 266005 at 266007 at 266007 at 266007 at 266007 at 266007 at 266007 at 266007 at	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g13870 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g41230 At5g49980 At5g17990 At3g5520 At4g20430 At3g5520 At4g20430 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g5700 At3g5700 At3g57180 At3g57180 At5g1780 At5g1780 At5g57180 At4g22530 At5g1780 At3g55740 At3g5580 At5g6730 At5g6730 At5g6730 At5g6730 At5g6730 At5g7790	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Ierpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERC82 (Arabidopsis homolog of veast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB6 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thailana, EMBLAF192490 subilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative peclinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (edooheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase' sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fructose-bisphosphatase aldolase fr
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00148271 0.00375874 0.00007581 0.00007781 0.000007781 0.000007781 0.000081186 0.0000077 0.0002604 0.00025304 0.00017825 0.00230762 0.00229651 0.00230762 0.00229651 0.00029651 0.00038744 0.00027883 0.00012562 0.00023744 0.00027883 0.000125786 0.00021997 0.0012562 0.00021997 0.0012562 0.00004875 0.00004875 0.00004875 0.00004875 0.00004875 0.00004875 0.00004855 0.00004855 0.0000125786 0.0000125786 0.00004855 0.00004855 0.0000125786 0.00004558	264688 at 267544_at 250560_at 250560_at 2502624_at 261790_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 261495_at 251772_at 251772_at 251772_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251762_at 251763_at 261440_at 261440_at 261440_at 261440_at 261581_at 2615151_at 261517_at 261631_	At1 09780 At2 03780 At2 03720 At5 08020 At3 080200 At3 080200 At3 08020 At3 08020 At3 08020 At3 08020 At3	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PRA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSAT08 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to stress related protein GI:5802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Lenges synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cycdophilm-like protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative pedicinesterase putative fuctose-bisphosphate aldolase fructose-bisphosphata aldolase (EC 4.1.2.13)- rice, PIR2:T02057 GAPC1 (CLYCERALDEHYDE-3PHOSPHATE DEHYDROGENASE C SUBUNIT 1) unknown protein ; supported by CDNA: gi 16648715_gb_AY058134.1_ CAM50 (CALMODULIN 5); caiclum ion binding <tr< td=""></tr<>
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.00007581 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00015052 0.00005725 0.00005724 0.00005725 0.0000575 0.00005725 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000575 0.0000555 0.0000555 0.0000555 0.00001551 0.0001555 0.00005555 0.00005555 0.00005555 0.00005555 0.00005555 0.00005555 0.00005555 0.000005555 0.00005555 0.00005555 0.00005555 0.000055	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 250262 at 261790_at 261906 at 261906 at 261985 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264525 at 251956 at 255888 s sat 261581 at 251957 at 255883 at 251957 at 255883 at 251957 at 25587 at 25588 at 255888 at 2558888 at 255888 at 255888 at 255888 at 255888 at 255888 at 255888 at 255888 at 2558888 at 255888 at 255888 at 255888 at 255888 at 255888 at 2558888 at 2558888 at 2558888 at 2558888 at 255888888 at 25588888 at 2558888 at 25588888888888888888888888888888888888	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g4735 At3g44735 At3g16560 At1g16700 At1g6700 At1g6700 At1g4730 At1g1030 At2g24150 At2g4150 At2g4150 At2g41230 At5g17990 At3g5520 At4g19120 At3g5520 At4g20430 At4g19120 At3g55800 At3g55870 At4g28430 At2g27050 At3g55870 At3g55780 At3g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5g5780 At5	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTCCHROME B5 ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphoglycerate mutase teres related protein, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISO2YME A from [Gossynium arboreum] ERC82 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilm-ike protein ROC7, cyclophilm, Arabidopsis thaliana, EMBL-AF192490 subtilisin-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative pectinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (edoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase' sedoheptulose-bisphosphatase CPuCRF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) untative fuctose-bisphosphatases); phosphotasedlolase (EC 4.1.2.13)- rice, PIR2:T0
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.000081186 0.000081186 0.000081186 0.00008146 0.00005304 0.00167969 0.0002805 0.00029651 0.00230762 0.00239651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.0003262 0.00029651 0.0003262 0.0003744 0.00057883 0.0003764 0.000276223 0.0003764 0.000276223 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.0003765 0.00004674 0.0003765 0.00004674 0.0003765 0.00004674 0.0003205 0.00004674 0.0003205 0.00004674 0.0003205 0.00004674 0.00004674 0.00007712 0.0001505 0.00004674 0.00004674 0.00004674 0.00004674 0.00004674 0.00004674 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000165 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.000155 0.000155 0.000155 0.000155 0.000155 0.0000155 0.0000155 0.0000155 0.0000155 0.0000155 0.0000000000	264668 at 267544_at 250560 at 256264 at 258437 at 264968_at 257606 at 257606 at 264968_at 257606 at 264985_at 264923 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 266001 at 256563_at 25577 at 254466 at 25577 at 254466 at 251762 at 251763 at 256588 a, at 266017 at 256588 a, at 266376 at 256583 at 256586 at 256588 at 2565888 at 256588 at 256588 at 256588 at 256588 at 256588 at 2	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g4735 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g13870 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At5g17990 At5g49980 At5g17990 At3g5520 At4g20430 At3g55520 At4g20430 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g5700 At3g5700 At3g57180 At3g57180 At5g1780 At5g57180 At5g57180 At4g22530 At4g22530 At4g22530 At4g22530 At4g25740 At3g55740 At3g55740 At3g55740 At3g55740 At3g55740 At3g55740 At3g55740 At3g55740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5740 At5g5720 At5g18590 At5g18590 At5g18590 At5g2470 At5g18590 At5g2470 At5g2779 At3g207790 At3g207790 At3g207790	putative 2.3-bisphosphoglycerate-Independent phosphoglycerate mutase CBS-B (CYTOCHROME BS ISOFORM B); heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein Supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, plative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] EER32 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); toblguilin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisn-like parte subtilisn-like partein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase' sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved petide upstream open reading frame 51) putative functin : supported by cDNA: c] 16648715 cp.AYQ56134.1_
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00148271 0.00375874 0.00037587 0.000081186 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026047 0.00026047 0.0002604 0.0003304 0.00167969 0.00017825 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00029651 0.0003574 0.0003574 0.0001250 0.0001257 0.00004275 0.00004275 0.00004275 0.00002555 0.00004575 0.00001557 0.00002555 0.00001557 0.00002555 0.00001567 0.0002555 0.00001567 0.0002555 0.00001567 0.0002555 0.00001567 0.0002555 0.00001567 0.0002555 0.00001567 0.0002555 0.00001567 0.0002555 0.00001567 0.0002555 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00007550	264688 at 267544_at 250560_at 250560_at 250560_at 250824_at 261790_at 261985_at 261985_at 261985_at 264523_at 266001_at 266364_at 250704_at 255775_at 250772_at 255466_at 255775_at 255074_at 255776_at 255776_at 255756_at 265226_at 265375	At1 09780 At2 03780 At2 03780 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At1 0580 At1 033 At2 0412 At3 04980 At3 04735 At1 033 At2 0412 At5 04980 At3 04735 At4 04980 At3 04785 At4 04980 At3 04780 At4 049870 At4 04970 At4 04970At4 04970 At4 04970 At4 04970At4 04970 At4 04970 At4 04970 At4 04970 At4 04970 At4 04970 At4 04970 At	putative 2.3-bisphosphoglycerate-Independent phosphoglycerate mutase CB5-B (CYTOCHROME BS ISOFORM B); heme binding PPA708 (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERC28 (Arbidopsis homolog of veast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthraniate phosphoribosyltransferase ocyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtive pectinesterase homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase (sedoheptulose-bisphosphatase) CPU0RF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative fuctices-bisphosphate aidolase (Tocicse-bisphosphate ai
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.00007581 0.00007781 0.00028044 0.00053304 0.00053304 0.00053304 0.000167989 0.000230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.000230762 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00015052 0.00001505 0.00001526 0.00001526 0.00001526 0.000007712 0.000000721 0.000007712 0.00000725 0.000007712 0.00000725 0.00000752 0.00000752 0.00000752 0.00000752 0.00000752 0.00000752 0.00000752 0.00000752 0.00000752 0.00000752 0.0000052 0.0000153 0.0000052 0.0000052 0.0000153 0.0000055 0.0000055 0.00001557 0.00001567 0.00005757 0.00005757 0.00005757 0.00005757 0.00005757 0.00005757 0.00005757 0.00005757	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 250262 at 261790_at 261995 at 261995 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 264523 at 256766 at 255772 at 255772 at 2557762 at 2557762 at 2557762 at 255762 at 265762 at 265762 at 265762 at 265762 at 2658588 s at 265265 at 2658588 s at 2658588 s at 265636 at 265636 at 265636 at 265770 at 255770 at 2557	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g4735 At3g44735 At3g44735 At3g16560 At1g16700 At1g6700 At1g1870 At1g1030 At1g1030 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At3g17990 At3g5920 At3g5920 At4g20430 At4g19120 At2g2440 At5g7180 At3g53670 At4g20430 At2g27050 At3g53670 At3g53670 At3g57180 At5g57180 At5g57180 At5g57180 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g24510 At1g2550 At1g2550 At1g2550 At1g2550 At1g2550 At1g24830 At5g57440 At5g57440 At5g57440 At5g64330 At5g18510 At5g64330 At5g18510 At3g23805 At1g34430 At5g23805 At1g23805 At1g23805	putative 2.3-bisphosphoglycerate-Independent phosphoglycerate mutase CBS-B (CTYOCHROME BS ISOFORM B), heme binding RPA70B (RPA70-KDA SUBUNIT B); DNA binding / nucleic acid binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein Supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. stress related protein phosphatase 2D binding Iterpene synthase, putative similar to DELTA-CADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 3); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisin-like serine protease-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 homoserine dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase' sedoheptulose-bisphosphatase CPuQRF51 (Conserved pepidide upstream open reading trame 51)
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00037587 0.00007581 0.000081186 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00053044 0.00167969 0.00029651 0.00230762 0.0023965 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.0003262 0.00029651 0.00037843 0.00013674 0.0003262 0.0003764 0.0003262 0.0003764 0.0003265 0.00004674 0.0003205 0.00004674 0.00032762 0.00032762 0.00032762 0.00032762 0.00032762 0.00004674 0.00032762 0.00032762 0.00004674 0.00032762 0.00004674 0.00032762 0.00004674 0.00032762 0.00004674 0.00032762 0.00004674 0.00032055 0.0000462 0.0000462 0.0000462 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.00001567 0.000157 0.0001567 0.000157 0.0000555 0.00000555 0.00000555 0.00000555 0.00000555 0.00000555 0.00000555 0.00000555 0.00000055	264668 at 267544_at 250560 at 256264 at 258437 at 264968_at 257606 at 264968_at 257606 at 264968_at 264963_at 264953 at 266001 at 266000	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16700 At1g67300 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At3g55920 At4g20430 At3g55920 At3g55920 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g5700 At3g5700 At3g57180 At3g57180 At3g57180 At3g5740 At2g26330 At4g22530 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g0570 At4g19140 At2g26330 At5g57440 At5g57480 At5g5740 At3g55740 At3g55740 At4g26330 At5g6720 At5g18590 At5g6720 At5g18590 At5g6720 At5g18590 At5g2470 At5g18590 At5g2470 At3g23805 At1g24430 At5g2470 At3g23805 At15g2440	putative 2.3-bisphosphoglycerate-Independent phosphoglycerate mutase CBS-B (CYTOCHROME B5 ISOFORM B); heme binding PSK1; growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein is upported by full-ength cDNA: Ceres: 30167. stress related protein, putative similar to ELTA- CADINENE SYNTHASE ISO2YME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein), jucguith-rotein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphotisosyltransferase (syclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilisn-like serine protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR:B64720 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric setr hydroiase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPuORF51 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative forcUCERALDEHVE3-PHOSPHATE DEHVDRGENASE C SUBUNIT 1) unknown protein : supported by CNA: gj.16648715, gb.AY058134.1_ CAMS (CALMODULIN 5]; calcium in binding Phospholipase - like protein various predicted phospholipase proteins;supported by full-length cDNA: Ceres:253499. CL42 (CHLOPCIAST IMPORT APPARATUS 2); transcription regulator hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: Ceres: 17148. SEC61 BET; protein transporter putative malate oxidoreductase CIPM9 (GRLNPHATT) PHORTAPPARATUS 2); transcription regulator hypothetical protein putative similar to integral membrane protein (SI.288989 from [Ratus norvegicus] PAP26 (PURPLE ACID PHOSPHATASE 26); add phosphatase / protein serine (IER (ERECT-A); transmembrane receptor protein ki
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.000375874 0.00007781 0.00007781 0.00081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00028047 0.00026047 0.00028047 0.0002805 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.0002967 0.000297 0.0002967 0.0002967 0.000297 0.0002967 0.000297 0.000297 0.0002967 0.000297 0.000297 0.000297 0.000297 0.000295 0.00004975 0.0000465 0.0000465 0.0000457 0.00007712 0.000265 0.0000457 0.00007508 0.0001567 0.0003783 0.0007558 0.0001567 0.00037853 0.0007558 0.0001567 0.00037853 0.00037853 0.0007558 0.00007558 0.00007558 0.000037853 0.00037853 0.00037853 0.00037853 0.00037853 0.00037853 0.0007558 0.000037853 0.00037853	264688 at 267544_at 250560_at 250560_at 2505624_at 261790_at 2614988_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614985_at 2614957_at 251772_at 2514762_at 251772_at 251466_at 251762_at 245053_at 245056_at 2472888_at 2558288_at 2558270_at 2558270_at 255828_at 2558270_at 255828_at 255828_at 255828_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566_at 2550566	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g13750 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g241230 At5g17990 At3g55200 At4g0430 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g5780 At3g6570 At4g0870 At3g6270 At3g6270 At3g6270 At3g2850 At3g6270 At3g2800 At3g15650 At3g6270 At3g2800 At3g15650 At3g6270 At3g2800 At3g2800 At3g15650 At3g2800 At3g2800 At3g2800 At3g2800 At3g2800 At3g2800 At3g2800 At3g2800 At3g2840	Dutative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CBS-B (CYCOCHROME BS ISOFORM B): heme binding PSK1: growth factor Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 30167. Stress related protein phosphatase 2D domain GIS802955 from [Vitis riparia] RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding Terpnes synthase, putative similar to StET-ACADINENE SYNTHASE ISO2YME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHF3 (heptahelical protein 3); receptor Unknown protein AFB5 (Auxin F-Box protein 5); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase cyclophilin-like protein ROC7, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 subtilism-like protein BROC5, cyclophilin, Arabidopsis thaliana, EMBL:AF192490 SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase EFD3 (early-responsive to dehydration 3) putative proteins dehydrogenase-like protein thrA bifunctional enzyme - Escherichia coli, PIR-B64720 homosenine dehydrogenase-like protein binding / mono
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.00007581 0.00007781 0.0002002044 0.00053304 0.00053304 0.00053304 0.00017825 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.000230762 0.000230762 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00027623 0.00027623 0.00027623 0.00015052 0.00005724 0.00015052 0.00001505 0.00001525 0.000007712 0.000007712 0.00000772 0.00000772 0.0000572 0.000007712 0.00000772 0.00000772 0.00000772 0.00000772 0.00000772 0.000007712 0.00000772 0.000007712 0.000007712 0.000007712 0.00000725 0.00000752 0.00001505 0.00001557 0.00001657 0.00001657 0.00001657 0.00001657 0.00001657 0.00001657 0.00001657 0.00007588 0.00001657 0.00001657 0.00001657 0.00007588 0.00001657 0.00007588 0.00001657 0.00007588 0.00001657 0.00007588 0.00001657 0.00007588 0.00001657 0.00007588 0.00007588 0.00007588 0.00007588 0.00007588 0.00008868 0.0000888 0.0000888 0.0000888 0.0000888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.000008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.00008888 0.0000	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 250262 at 2508437 at 261790_at 261985 at 261995 at 261995 at 261995 at 261995 at 261995 at 261995 at 261995 at 261995 at 261957 at 251757 at 251757 at 251752 at 251752 at 2519762 at 2519762 at 2519762 at 2519764 at 2519764 at 251985 at 26105	At1g09780 At1g09780 At5g08020 At3g4735 At3g16560 At1g16560 At1g16560 At1g16560 At1g1657 At1g1030 At1g24150 At2g41230 At5g17990 At3g55920 At3g55920 At4g20430 At5g17990 At3g55920 At3g55920 At4g20430 At5g17990 At3g55780 At2g2640 At3g55780 At2g2640 At3g57180 At3g57180 At3g57180 At1g27030 At1g24570 At1g24570 At1g24570 At1g24500 At1g57440 At5g57440 At1g57420 At1g57440 At5g57440 At3g5740 At1g57420 At1g57420 At1g5740 At1g5740 At1g57620 At1g57440 At1g57620 At1g57440 At1g57630 At1g57440 At5g17930 At5g1780 At1g57440 At5g1780 At1g57420 At5g1780 At1g22560 At1g57420 At5g1780 At5g2460 At5g1780 At5g2460 At5g2470 At5g2460 At5g2460 At5g4330 At5g1740 At5g1740 At5g1740 At5g1740 At5g4430 At5g1740 At5g2460 At5g4720 At5g4720 At5g4720 At5g4770 At	Dutative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CBS-B (CYCOCHROME BS ISOFORM B): herme binding PSK1:g growth factor Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. Unknown protein contains protein SD; GTP binding terpene synthesis unable 2C domains contains contains and contand contand contains and contains and contains and contains and c
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00081186 0.000081186 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00053304 0.00167969 0.0029651 0.00230762 0.0029651 0.0029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029651 0.00029674 0.00029621 0.00029621 0.00029621 0.00029621 0.00039744 0.000276223 0.0003764 0.0003764 0.0003764 0.00027623 0.00013696 0.00013695 0.00004675 0.00004675 0.00004675 0.00004675 0.00004675 0.00004675 0.00004675 0.00004712 0.00032055 0.00004625 0.00004625 0.0000467 0.0000265 0.0000462 0.0000265 0.0000462 0.0000265 0.0000465 0.0000465 0.0000465 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.0000455 0.000045 0.0000045 0.000005 0.000045 0.000045 0.000005 0.000005 0.0000005 0.00000000	264688 at 267544_at 250560 at 255624 at 2558437 at 264968_at 257606 at 2569537 at 264968_at 257606 at 264953 at 266001 at 266001 at 266364_at 266001 at 266364_at 266001 at 266364_at 266001 at 256563_at 255772 at 254466 at 255772 at 254466 at 255772 at 254466 at 255772 at 255762 at 255762 at 255762 at 255762 at 255763 at 266364_at 255763 at 266377 at 266376 at 266376 at 255766 at 266377 at 266376 at 266377 at 266377 at 266376 at 267376 at 267376 at 267376 at 267376 at 267376 at 266378 at 266378 at 266378 at 266378 at 266378 at 266378 at 266378 at 266378 at 266368 at 266378 at 266378 at 266378 at 266378 at 266378 at 266367 at 266367 at 266367 at 266367 at 266367 at 266373 at 266377 at 2663777 at 2663777 at 2663777 at 2663777 at 2663777 at 2663777 a	At1g09780 At2g32720 At5g08020 At3g08020 At3g08020 At3g16560 At1g16500 At1g16500 At1g16500 At1g16700 At1g3750 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At2g24150 At5g17990 At5g49980 At5g17990 At3g5520 At4g20430 At3g5520 At4g20430 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g55800 At3g5700 At3g5700 At3g57180 At3g57180 At3g57180 At5g57180 At5g57180 At3g5740 At3g5740 At3g57620 At1g57203 At5g5740 At3g57620 At3g5780 At3g57620 At3g5780 At3g5740 At3g57620 At3g5780 At3g5740 At3g5780 At3g5780 At3g5740 At3g5740 At3g5780 At3g5740 At3g5740 At3g5780 At3g15650 At1g5780 At3g790 At5g18590 At3g24850 At5g18590 At3g2480 At5g18590 At5g18590 At3g25470 At3g23805 At1g24430 At5g2470 At3g2480 At5g1740 At3g2480 At5g2470 At3g2480 At5g2470 At3g2480 At5g1740 At3g2480 At5g1740 At3g2480 At5g1740 At3g2480 At5g1740 At3g2480 At5g1740 At3g2480 At5g1740 At3g2480 At5g1740 At3g14840 At5g4440	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CBS-B (CYCOCHROME 65 ISOFORM B): heme binding PSK1: growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein bisophatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 20167. stress related protein, putative similar to EELT-AC-ADINENE SYNTHASE ISOZYME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HHP3 (heptahelical protein 5); ubiguitin-protein ligase AFB5 (Auain F-Box protein 5); ubiguitin-protein ligase AFB5 (Auain F-Box protein 5); ubiguitin-protein ligase IRPS (applicate protein S); ubiguitin-protein ligase ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative pectoses ERD4 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) putative proteinset acidolas fructose-bisphosphate aldolase (EC 4.1.2.13)- rice, PIR2-T02057 GAPACT (CUCERALDEHYDE-3-PHOSPHATE DEHYDROGENASE C SUBUNIT 1) unknown protein : supported by DNN: globase proteins supported by full-length cDNA: Ceres:253499. CIA2 (CHLOROPLAST IMPORT APPARATUS 2); prosphoric ester hydrolase/ protein kinase/ protein serine Harint is usported approtein by cDNA: globase protein serine
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39	0.00005411 0.000805 0.01146271 0.00375874 0.000375874 0.00007781 0.000081186 0.0000077 0.00366476 0.00026044 0.00026044 0.000230762 0.00220762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00230762 0.00029261 0.00029274 0.0001251 0.00004625 0.00004625 0.00004625 0.00004625 0.00004555 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00001567 0.00007508 0.00007508 0.00003989 0.000029359 0.000029359 0.000000393	264688 at 267544_at 250560_at 250560_at 250624_at 261790_at 261985_at 261995_at 261995_at 261995_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 266001_at 255775_at 250174_at 255075_at 255075_at 255075_at 265075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255075_at 255055_at 255077_at 255055	At1 09780 At2 03780 At2 03780 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At1 0580 At1 033 At2 0412 At1 033 At2 0412 At2 0412 At2 0412 At3 0472 At4 04980 At3 0472 At4 049870 At4 04770 At4 00570 At4	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CBS-B (CYCOCHROME 65 ISOFORM B): heme binding PRA70-KDA SUBUNIT B): DNA binding / nucleic acid binding PSK1: growth factor unknown protein contains protein phosphatase 2C domain: supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain: supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain: supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein contains protein phosphatase 2C domain: supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein Sireceptor HPP3 (heptahelical protein 3); receptor unknown protein Sireceptor Varbophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase Cyclophilni-like protein Sireceptor vg/cophilni-krabical protein 3); bulguitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPUQRFS1 (Conserved peptide upstream open reading frame 51) Dutaitive proteinserase putative proteinserase HitchserAsE C SUBUNIT 1) unknown protei / subported by cDNA: g 16648715 gb. AY058134.1. CAMORT20057 GAPCT (GLYCERALDEHYTE-SYNATE CENPTORDGENARSE C SUBUNIT 1) Unknown protein / subported by cDNA: g 16648715 gb. AY058134.1.
2,41 2,41 2,4 2,4 2,4 2,4 2,4 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,39 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38 2,38	0.00005411 0.000805 0.00146271 0.00375874 0.00007581 0.00007581 0.00007581 0.00007781 0.0002002044 0.00053304 0.00053304 0.00053304 0.000167969 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.000230762 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.00029261 0.0002783 0.00017883 0.0000572 0.00027623 0.0001505 0.0001505 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.0000572 0.00001505 0.0000572 0.0000572 0.0000525 0.0000652 0.00001657 0.0001557 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001657 0.0001557 0.0001657 0.0001557 0.0000750 0.0001557 0.0000520 0.0001557 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000550 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000550 0.0000520 0.0000550 0.0000520 0.0000520 0.0000550 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000520 0.0000550 0.0000520 0.0000550	264668 at 267544 at 250560 at 250560 at 250262 at 261790_at 261985 at 261985 at 261986 at 2619866 at 2619867 at 2619866 at 2619867 at 2619877 at 2619877 2619777 at 2619777 at 2619777 2619777 2619777 26197777 26197777 26197777 26197777 2619777777777777777777777777777777777777	At1 09780 At2 03780 At2 03780 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At3 04735 At1 0030 At1 033750 At1 033750 At1 033750 At1 033750 At2 0412 At2	putative 2.3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase CB5-8 (CYTCORROME BIS ISOFORM B): heme binding PSK1: growth factor unknown protein: contains protein phosphatase 2C domain; supported by full-length cDNA: Ceres: 249756. unknown protein: supported by full-ength cDNA: Ceres: 30167. stress related protein RHD3 (ROOT HAIR DEFECTIVE 3); GTP binding tergene synthates, putative similar to BETA-CADINENE SYNTHASE ISO2YME A from [Gossypium arboreum] ERG28 (Arabidopsis homolog of yeast ergosterol28) HP3 (heptahelical protein 3); ubiquitin-protein ligase TRP1 (tryptophan biosynthesis 1); anthranilate phosphoribosyltransferase Ordphilmitish-like serine protease ERD3 (early-responsive to dehydration 3) putative perdinesteriase NPASTPC Dirative colophynthosis ; jucceptor Unknown protein SPASE (edohpetulose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase Cyclophilmit-bis colophyntose to dehydration 3) putative protein set aidolase fructose-bisphosphatase aidolase (EC 4.1.2.13)-rice, PIR2:T02057 GAPACT (CONSERVED epitode upstream open reading trans 51) putative fructose-bisphosphatase); phosphoric ester hydrolase/ sedoheptulose-bisphosphatase CPUGRF31 (Conserved peptide upstream open

2,3	0,00021762	253926_at	At4g26650	hnRNP-like protein ; supported by cDNA; gi_16930502_gb_AF419605.1_AF419605
2,3	0,00294638	259620_s_at	At1g42705	Lam3-like transposon protein similar to G:100489 from (Antirrinium majus) (Plant Mol. Biol. 16 (2), 369-371 (1991)) CID8 (CTC.INTERACTING DOMAIN 9: PNA bioding (protein bioding)
2,3	0,00084903	264056 at	Attg53650	CIDS (CTCHINTERACTING DOMAIN 8), KNA DINUIL() PIOLEIN DINUIL()
2,29	0,00015673	251144 at	At5g01210	anthranilate N-benzovitransferase - like protein anthranilate N-benzovitransferase, clove pink, PIR:T10717
2,29	0,00761131	251372_at	At3g60520	putative protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:21518.
2,29	0,00058726	252622_at	At3g45310	cysteine proteinase AALP, putative similar to AALP protein GI:7230640 from [Arabidopsis thaliana]
2,29	0,00084165	256277_at	At3g12120	FAD2 (FATTY ACID DESATURASE 2); delta12-fatty acid dehydrogenase/ omega-6 fatty acid desaturase
2,29	0,00008793	257104_at	At3g25040	ER lumen retaining receptor (HDEL receptor), putative similar to GB:P33402 from [Arabidopsis thaliana]
2,29	0,0000307	209023_at	At1g12800	dinknown proteint , supported by cDNA. gr_15677345_gp_AF3704751_AF370475
2,29	0.00626173	263711 at	At2g20630	neutonocritico protein plosphatase 2C supported by full-length cDNA: Ceres:22316.
2,28	0,00249832	245821 at	At1g26270	hypothetical protein similar to putative ubiquitin GI:4415931 from [Arabidopsis thaliana]
2,28	0,00179835	254166_at	At4g24190	SHD (SHEPHERD); ATP binding / unfolded protein binding
2,28	0,00115313	256151_at	At1g55130	multispanning membrane protein
2,28	0,0003765	260884_at	At1g29240	unknown protein similar to unknown protein GB:AAF18609 GI:6598419 from [Arabidopsis thaliana]
2,27	0,00243307	245136_at	At2g45190	APO (ABNORWAL PLOKAL OKGANS); protein binoing / ranscription racio/ transcription regulator
2,27	0.01317472	246923 at	At5g25100	unitown protein , supported by Colora, gr_10040752/gb_Ar050772.1_
2,27	0,00086664	247722_at	At5g59150	ATRABA2D (HOARABIDOPSIS RAB GTPASE HOMOLOG A2D); GTP binding
2,27	0,02017116	247925_at	At5g57560	TCH4 (Touch 4); hydrolase, acting on glycosyl bonds / xyloglucan:xyloglucosyl transferase
2,27	0,00005112	258359_s_at	At3g14415	putative glycolate oxidase similar to glycolate oxidase GB:BAA03131 from [Cucurbita sp.]
2,27	0,00568633	258796_at	At3g04630	
2,27	0,00074746	261594_at 249267_at	At1g33240 At5g41600	A1-G1L1 (G12-LIKE 1); DIA binoing/ transcription factor BTI3 (//JR82.INTERACTING PROTEIN 3)
2,26	0.00034136	250994 at	At5g02490	dnaK-type molecular chaperine hsc70.1 - like dnaK-type molecular chaperone hsc70.1. Arabidopsis thaliana
2,26	0,00028592	252468_at	At3g46970	PHS2 (ALPHA-GLUCAN PHOSPHORYLASE 2); phosphorylase/ transferase, transferring glycosyl groups
2,26	0,00020533	254446_at	At4g20890	TUB9; GTP binding / GTPase/ structural molecule
2,25	0,00008974	245238_at	At4g25570	ACYB-2; carbon-monoxide oxygenase
2,25	0,00393611	24/338_at	At5g63680	pyruvate kinase
2,25	0.00129237	253891 at	At4g27720	putative protein polyphosphomosinge origing protein 3512 - Grydne max, PTK: 103933
2,25	0,01256855	260143 at	At1g71880	SUC1 (Sucrose-proton symporter 1); carbohydrate transmembrane transporter/ sucrose:hydrogen symporter
2,24	0,0007505	249374_at	At5g40580	PBB2; endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase
2,24	0,00025624	250800_at	At5g05370	HPR; glycerate dehydrogenase/ poly(U) binding
2,24	0,0027208	253528_s_at	At4g31480	putative protein bcop gene product - Drosophila melanogaster,PID:g472343
2,24	0,00001169	25/983_at	At3g20790	Unknown protein HSP like protein : supported by cDNA: ai 15203148, ab: AV051008.1
2,23	0,00101247	240293_at 247951_at	At5a57240	ORP4C (OSBP(OXYSTEROL BINDING PROTEIN)-RELATED PROTEIN 4C): oxysterol hinding
2,23	0,00099075	250055 at	At5g17770	ATCBR (ARABIDOPSIS THALIANA NADH:CYTOCHROME B5 REDUCTASE 1); cvtochrome-b5 reductase
2,23	0,0016413	250657_at	At5g07000	ST2B (SULFOTRANSFERASE 2B); hydroxyjasmonate sulfotransferase/ sulfotransferase
2,23	0,03591296	259664_at	At1g55330	AGP21
2,23	0,01472725	259860_at	At1g80640	putative protein kinase similar to leucine-rich repeat transmembrane protein kinase 1 GB:AAC27894 from [Zea mays]
2,23	0,00162844	263838_at	At2g36880	MA13 (metnionine adenosyltransferase 3); copper ion binding / metnionine adenosyltransferase putative phoephoelucomutace similar to GB:AAAD13031 and GB:AAC50040
2,23	0.00155343	264967 at	At1g67250	plative prosprogradomitates similar to BLAAD roots raite BLAAD coores
2,23	0,0111957	267172 at	At2g37660	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:13797.
2,22	0,00859345	247023_at	At5g67060	HEC1 (HECATE 1); transcription factor
2,22	0,01729522	253078_at	At4g36180	putative receptor protein kinase Cf-2.1 leucine rich repeat protein, Solanum pimpinellifolium, PATX:G1184075
2,22	0,01013897	255308_at	At4g04910	NSF (N-ethylmaleimide sensitive factor); ATP binding / binding / nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding
2,22	0,00364379	258860_at	At3g02050	KUP3 (K+ UPTAKE TRANSPORTER 3); potassium ion transmembrane transporter
2,22	0,00034491	264561 at	At1q55810	Arr Dictri (Decide Hi), poten distinue isomerase
2,22	0,00333419	267187_s_at	At2g44160	MTHFR2 (METHYLENETETRAHYDROFOLATE REDUCTASE 2); methylenetetrahydrofolate reductase (NADPH)
2,21	0,03573442	247297_at	At5g64100	peroxidase ATP3a (emb CAA67340.1) supported by full-length cDNA: Ceres:3459.
2.21	0,00061492	250180 at	At5a14450	early nodule-specific protein - like early nodule-specific protein, Medicago truncatula, EMBL:AF064775
, ;		200100_u	740911100	
2,21	0,00039634	254192_at	At4g23850	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624
2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974	254192_at 254789_at 255751_at	At4g23850 At4g12880 At1g31950	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. Ieronen synthase family ortotein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terrene synthase family
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432	254192_at 254789_at 255751_at 258470_at	At4g23850 At4g12880 At1g31950 At3g06035	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (damin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490.
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432 0,00001702	254192_at 254789_at 255751_at 258470_at 260305_at	At4g23850 At4g12880 At1g31950 At3g06035 At1g70490	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (damin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432 0,00001702 0,03505605	254192_at 254789_at 255751_at 258470_at 260305_at 261768_at	At4g23850 At4g12880 At1g31950 At3g06035 At1g70490 At1g15550	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-0XIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432 0,00001702 0,03505605 0,00087665	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 262813_at	Attq23850 Attq212880 Attg12880 At1g31950 At1g306035 At1g70490 At1g15550 At1g11670 At2g1450	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family version Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GBBERELLIN 3-X0IDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gij3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPU/DE1/ Cereorard exercision protein protein protein protein protein strong similarity to gij3267522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432 0,00001702 0,03505605 0,00087665 0,00082208 0,00510608	254192_at 254789_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 263064_at 266366_at	Attq23850 Attq23850 Attq21880 Attq31950 Attq70490 Attg70490 Attg15550 Attg11670 At2g18160 At2g18160	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gij3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb AC004392 CPuCRF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432 0,00001702 0,03505605 0,00082208 0,00082208 0,00510608 0,00375869	254192_at 255751_at 255751_at 26005_at 261768_at 262813_at 262813_at 266366_at 248853_at	Att4223850 Att4212880 At1g31950 At1g70490 At1g15550 At1g11670 At1g11670 At2g18160 At2g41420 At5g46570	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin), supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432 0,0001702 0,03505605 0,00087665 0,00087665 0,00087665 0,00087665 0,00087665 0,000510608 0,00375869 0,00201531	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 262813_at 262813_at 26286366_at 248853_at 248853_at	Att4223850 Att4212880 Att1231950 Att3206035 Att1270490 Att3206035 Att1211670 Att22411670 Att22411670 Att2241120 At5246570 At5207440	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family protein putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family models activator/ protein binding ARFA10: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved pecilide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+]
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432 0,0001702 0,03505605 0,00087665 0,00087665 0,00082208 0,000510608 0,000375869 0,00201531 0,02524427	254192_at 254789_at 255751_at 260305_at 260305_at 262813_at 262813_at 266366_at 248853_at 250580_at 252189_at	Att423850 Att4212880 Att131950 At1306035 At1970490 At1315550 At1911670 At2911670 At2941420 At5946570 At59707440 At395070	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) "supported by full-length cDNA: Ceres:4150. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family protein. Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (IGBBERELLIN 3-0XIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding Unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase (NAD(P)+] CYCD3:3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0,00039634 0,00034345 0,00010974 0,00154432 0,03505605 0,0008208 0,0008208 0,000375869 0,00021531 0,002524427 0,00535874	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 262813_at 263064_at 263064_at 248853_at 250580_at 252189_at 255166_at 255167_at	Att423850 Att4212880 Att4312880 At1431950 At396035 At1970490 At1915550 At1911670 At2914120 At5946570 At5946570 At590740 At3950070 At1936920 At1936920	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) "supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PFO1397: Terpene synthase family my Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator / protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPu0RF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / cluatmate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD33; (CFULIN DGS; VNITHASE 1); Collong a subtore/ teoreforence toreaforeing elugocid groups hypothetical protein
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00034345 0.00010974 0.000154432 0.00001702 0.03505605 0.00087665 0.00087208 0.000510608 0.000513869 0.00201531 0.02524427 0.00253874 0.00315548 0.0003486	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 263064_at 248853_at 250580_at 252189_at 256166_at 2557071_at 265771_at	At4g23850 At4g12880 At1g12880 At1g1280 At1g1950 At1g1550 At1g15550 At1g15550 At1g11670 At2g11420 At2g14120 At2g14120 At2g46570 At1g6520 At1g6520 At1g6520	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X48624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBEERELLIN 3-0XIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) Unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3;3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferring glycosyl groups Unknown protein
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00010974 0.001164432 0.0001702 0.03605605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087689 0.0031664 0.00315869 0.00315864 0.00315844 0.00315844 0.00315848	254182_at 254788_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 260306_at 26366_at 260366_at 260368_at 250580_at 255180_at 255180_at 255166_at 257071_at 267040_at	Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g1280 Al1g1950 Al1g1950 Al1g1550 Al1g1550 Al2g18160 Al2g18160 Al2g1420 Al5g07240 Al5g07240 Al5g07240 Al1g6820 Al1g16620 Al1g16620	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family to the protein but and profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family to the protein but and profile: PF01397: Terpene synthase family to the protein but and profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family to gli3067522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gblAC004392 CPuQRF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase (protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase (NAD(P)+] CYCD3;3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00010974 0.001154432 0.00010974 0.0030154432 0.000087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000375689 0.002375869 0.002375869 0.00237584 0.00235874 0.003375648 0.000315548	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 263064_at 263064_at 26366_at 248853_at 255280_at 2552189_at 2556166_at 25571_at 267040_at 26771_at 267740_at	At4g23850 At4g12880 At1g12880 At1g1280 At1g1950 At1g1550 At1g15550 At1g15550 At2g18160 At2g18160 At2g18160 At2g4420 At5g07440 At5g07440 At3g28180 At1g6520 At1g262690	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains PTam profile: PF01397: Terpene synthase family in Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 FBK4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuQRF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYC033; (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLCO4 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00034345 0.00010974 0.00154432 0.00001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000375869 0.002524427 0.00535874 0.00253874 0.002535874 0.00017837 0.00017837 0.00017837	254192_at 254192_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 263064_at 263064_at 26366_at 240853_at 250580_at 252189_at 255166_at 257071_at 267713_at 2677040_at 2677040_at 2677040_at	At4g23850 At4g12880 At1g12880 At1g1280 At1g1280 At1g1550 At1g1550 At1g1550 At1g1550 At1g16750 At2g14120 At2g14120 At5g0740 At3g26070 At1g2620 At1g6520 At1g16520 At1g65220 At5g56220	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) "supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family to terpene synthase family of the protein putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-XXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-XXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / kinase/ thypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein Unknown protein Unknown protein CYCD3; CYCLIN D3;); cyclin-dependent protein kinase (DF12) (CHLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein Unknown protein CH20; GTPase/ structural molecule Dutative protein contains similarity to unknown protein (pir][105382). DIT20 (check first f
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00010974 0.001164432 0.00010974 0.0001702 0.0305665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000315648 0.002153874 0.003155489 0.00201531 0.0053487 0.0003159 0.00083486 0.00017837 0.00018288	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 263064_at 263064_at 263064_at 263066_at 250580_at 255166_at 2557071_at 2657071_at 2657074_at 2657040_at 248453_at 2657040_at 247442_s_at 248046_at 248046_at	Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g12880 Al1g1950 Al1g1950 Al1g16550 Al1g16550 Al2g18160 Al5g46570 Al5g46570 Al5g07440 Al5g65070 Al1g6520 Al1g6520 Al1g6520 Al1g6520 Al1g6529 Al2g3470 Al5g65290 Al5g65290	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X48624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein storing similarity to gi[336752; PK4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecitide upstream open reading frame 1) Unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3;3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein Unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter Differe protein Unknown protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter Differe protein Differe protein contains similarity to unknown protein contain Similarity to unknown protein Differe protein contains similarity to unknown protein contain Similarity to unknown protein Differe protein contains similarity to unknown protein contain Similarity to unknown protein (pir][105382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid tran
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00010974 0.001154432 0.0001702 0.03605605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087669 0.00031608 0.00031654 0.00031554427 0.000315544 0.000315544 0.000315544 0.000315544 0.00018288 0.00017837 0.0001828 0.000279732 0.00023129 0.0023129	254182_at 254788_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 260306_at 260366_at 260366_at 260366_at 260580_at 255189_at 255186_at 257071_at 267071_at 267074_at 267040_at 247442_s_at 248003_at 255816_at 248854_at 248854_at	At4g23850 At4g12880 At1g12880 At1g1280 At1g1950 At1g1950 At1g1550 At1g15550 At1g15550 At2g1480 At2g1480 At2g44670 At2g44670 At5g07440 At5g64670 At3g820 At3g28180 At1g16520 At3g28180 At3g2820 At3g2820 At3g2820 At5g56220 At2g33470 At5g56290 At2g33470 At5g56290 At2g32470 At5g56290 At2g32470 At5g56290 At2g32470 At5g56290 At2g26200 At5g56290 At5g562	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family totelin, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family totelin, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family totelin, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family totelin, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family totelin, supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: (Conserved pecified upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / binding / dutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; 3) (CYCLIN D3;); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein GLTP1 (glycolipid transfer protein 1; glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI75800 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / wichreductase
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00010974 0.001154432 0.00010974 0.0030505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000375869 0.0021531 0.002524427 0.00535874 0.00315548 0.00017837 0.00018288 0.002179732 0.00018288 0.00279732 0.0023129 0.00203129	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 263064_at 263064_at 260366_at 2454850_at 2552189_at 2552189_at 2556166_at 25571_at 262713_at 267040_at 247442_s_at 247442_s_at 246854_at 246854_at 24868_at	At4g23850 At4g12880 At1g12880 At1g1280 At1g1950 At1g1550 At1g1550 At1g15550 At1g15550 At2g18160 At2g18160 At2g18160 At2g18160 At2g4420 At5g07440 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g28180 At3g2820 At3g2820 At3g2820 At3g2820 At3g2820 At3g28400 At3g28400 At3g24800	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X48624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains PTam profile: PF01397: Terpene synthase family in terpene synthase family contains plant profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 FBK4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuQRF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYC033; (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein) ; GLTP1 (glycolipid transfer protein); mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FQR1 (FLAVODCNI-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001874 0.001164432 0.0001702 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087685 0.00087685 0.0002153874 0.00251804 0.00251847 0.00031554 0.00017837 0.00018288 0.00017837 0.00023129 0.00203129 0.00223129 0.0023129 0.00	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 263055_at 261768_at 262813_at 263064_at 263064_at 263064_at 263064_at 263066_at 250580_at 250580_at 2557071_at 2677040_at 2677040_at 2677040_at 248053_at 248053_at 248053_at 248053_at 248162_at 262866_at 262866_at 262866_at 262866_at 262866_at 263183_at	At4g23850 At4g12880 At1g12880 At1g12890 At1g1950 At1g1950 At1g1950 At1g1550 At1g1550 At1g1550 At2g18160 At2g18160 At2g41420 At5g6570 At1g6520 At1g6520 At1g6520 At1g6520 At5g54500 At5g65450 At1g6480 At1g6480 At1g6570	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X48624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1): gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) Unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2): ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GGH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GGH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GGH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / binding / kinase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4): cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups Unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1): glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondria carrier - like protein molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1): FMN binding / oxidoreductase unknown protein
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001974 0.001164432 0.0001702 0.03605605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00031554427 0.00315548 0.0021538 0.0021584 0.0003159 0.00203159 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00221784 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.0020315 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00021784 0.00021784 0.00021784 0.00021784 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.00021778 0.0002158 0.00000000000000000000000000000000000	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 260306_at 260366_at 260366_at 260366_at 2552189_at 255166_at 2557071_at 2657064_at 2657040_at 247442_s_at 246854_at 248654_at 248654_at 248654_at 266366_at 248654_at 248654_at 266366_at 2636363_at 263636_at 263636_at 263636_at 263636_at 263636_at 26	Al4g23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g31950 Al1g31950 Al1g31950 Al1g1050 Al1g10550 Al1g11550 Al2g18160 Al5g46570 Al5g46570 Al5g62690 Al1g16520 Al5g52890 Al5g52890 Al5g52820 Al5g52800 Al5g54500 Al5g6280 Al5g62800 Al5g6280 Al5g6280 Al5g6280 A	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X48624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PPO1397: Terpene synthase family terpene synthase family totelin, totake contains Pfam profile: PPO1397: Terpene synthase family terpene synthase family totelin, totake contains Pfam profile: PPO1397: Terpene synthase family totelin, totake contains Pfam profile: PPO1397: Terpene synthase family terpene synthase family terpene synthase family totelin, totake contains Pfam profile: PPO1397: Terpene synthase family terpene synthase family totake family terpene synthase family terpene synthase family terpene synthase family totake synthesis and totake family totake for the family totake family totake for the family totake for the family family totake for the family family totake for the family totake family totake for the family totake family to take family to the family totake family totake for the family totake family
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001974 0.001154432 0.0001702 0.000087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087669 0.00315648 0.0031554427 0.0053874 0.0031554427 0.000315544 0.000315544 0.000315544 0.000315544 0.000315544 0.00031554 0.00018288 0.0001828 0.0001828 0.0001828 0.0001828 0.0001828 0.00021732 0.00023129 0.02029582 0.00023129 0.00032129 0.00032129 0.00030000000000000000000000000	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 261768_at 260366_at 240853_at 250580_at 250580_at 250580_at 250580_at 25071_at 25071_at 25071_at 25071_at 247442_s_at 24000_at 247442_s_at 246854_at 246854_at 262868_at 262868_at 262868_at 265704_at 265704_at 265704_at	Al4g23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g1280 Al1g1280 Al1g1550 Al1g70490 Al1g15550 Al2g18160 Al2g18160 Al2g18160 Al2g41420 Al5g07440 Al5g07440 Al5g628180 Al1g16520 Al5g620 Al5g620	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTB binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-0XIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gj[3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; 3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase Toppothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups Unknown protein TUB2; 1(2)-Dinding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir[105382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan and genefinder edeobrome bis fordutance a like protein secon
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.000134345 0.00010974 0.00154432 0.0001702 0.0305665 0.00082208 0.000516668 0.00082208 0.000516608 0.000516608 0.002518467 0.00253874 0.003315548 0.0023129 0.0023129 0.00023129 0.0023129 0.000221778 0.000221778	254192_at 254192_at 255751_at 255751_at 265751_at 260305_at 261768_at 262813_at 263064_at 263064_at 260580_at 2552189_at 2552189_at 2556166_at 255021_at 267040_at 247442_s_at 247442_s_at 247442_s_at 247442_s_at 246854_at 246854_at 2685704_at 2625704_at 2625704_at 2625704_at 26267040_at 2626704_at 2626704_at 2626704_at 2626704_at	Al4g23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g1280 Al1g1280 Al1g1550 Al1g70490 Al1g15550 Al2g18160 Al2g18160 Al2g18160 Al2g18160 Al2g46570 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28180 Al3g28200 Al5g56220 Al1g54800 Al1g5570 Al1g5570 Al1g554500 Al1g554500 Al1g554500 Al1g554500 Al1g554500 Al1g554500 Al1g554500 Al1g554500 Al1g554500 Al2g3420 Al2g3420 Al2g20840 Al5g26040 Al5g26040 Al5g26040 Al5g26040 Al5g26040 Al5g26040 Al5g26040 Al5g20080 Al5g20080 Al5g15490	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:4150. terpene synthase family protein, putative contains PTam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi[3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuQRF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYC033; (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODON-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / odioreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan hypothetical protein predicted by genscan hypothe
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001874 0.001164432 0.0001702 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000215869 0.0020153874 0.0020153874 0.000315548 0.000215846 0.00018288 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.000231548 0.002215846 0.002215846 0.00221773 0.00023129 0.002215846 0.002217736 0.000271703 0.000245678	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260055_at 261768_at 262813_at 262813_at 263064_at 263064_at 263064_at 263064_at 263066_at 250580_at 255166_at 255070_at 262713_at 267040_at 248654_at 248065_at 248162_at 268866_at 268866_at 268866_at 268866_at 268866_at 268866_at 268	At4g23850 At4g12880 At1g12880 At1g1280 At1g1950 At1g1950 At1g1950 At1g1650 At1g16550 At1g1650 At2g18160 At2g18160 At5g46570 At5g46570 At5g6290 At1g65290 At1g65290 At1g65280 At1g65280 At1g65280 At5g62800 At5g72800 At5g72800 At5g72800 At5g72800 At5g72800	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein storing similarity to gl(3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb)AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecitide upstream open reading frame 1) Unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; 3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pri[]T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pri[]T05382) FQR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FJNN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan hypothetical protein predicted by genscan hypothetical protein predicted by genscan hypothetical protein enables - like protein cyclorhome-b5 reductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein tUDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL-US3418 putative cyfoline deaminase. Like protein spricelicale bill.
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001974 0.001154432 0.00010974 0.00154432 0.000087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000510608 0.000510608 0.00211531 0.00536874 0.00031554427 0.00031554 0.00031554 0.00031554 0.00023129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00203129 0.00023129 0.00003831 0.00025657 0.00003841 0.000003841 0.00003841 0.00	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 268470_at 260305_at 260305_at 260306_at 260306_at 260366_at 260366_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 26040_at 267040_at 246854_at 246854_at 246854_at 265116_at 265704_at 266895_at 266895_at 246570_at 246570_at 246570_at 246570_at 246570_at	Al4g23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g31950 Al1g31950 Al1g31950 Al1g1550 Al1g1550 Al1g1550 Al1g1550 Al2g18160 Al2g18160 Al2g18160 Al5g46570 Al5g5077 Al1g36820 Al3g28180 Al1g16520 Al5g56290 Al5g56290 Al5g56290 Al5g56290 Al5g56200 Al5g5700 Al5g5700 Al5g28050 Al5g28050 Al5g28050	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X48624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family tools protein by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding Unknown protein storing similarity to gi[3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecide upstream open reading frame 1) Unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; 3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein Unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase Unknown protein hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytchorme-b5 reductase. like protein vptchorme-b5 reductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein vpt-glucose 6-dehydrogenase - Ghycine max, EMBL:CJ3418 putative cytdine deaminase- like protein vpt-glucose 6-derivergroppingenase - Ghycine max, EMBL:CJ3418 putative cytdine deaminase- like protein
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.000087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000510608 0.003155489 0.00315548 0.00315548 0.00315548 0.000315548 0.00018288 0.00018288 0.00018288 0.00018284 0.00018284 0.00018284 0.00018284 0.00018284 0.00018284 0.00018284 0.00018284 0.00018284 0.00021584 0.00021584 0.00021584 0.00021584 0.00021584 0.00021584 0.00027178 0.00025703 0.00025703 0.00025703 0.00025773 0.00025773 0.000257773 0.000257773 0.000257773 0.000257773 0.000257773 0.000257773 0.000257773 0.000257773 0.0002577773 0.0002577773 0.0002577773 0.0002577773 0.0002577773 0.0002577777 0.0002577777 0.00025777777777777777777777777777777777	254182_at 254182_at 255751 at 255751 at 255751 at 260305_at 261768_at 260305_at 260366 at 240853_at 250580_at 250580_at 250580_at 250580_at 250580_at 25071_at 25071_at 25071_at 267040_at 247442_s_at 24003_at 262868_at 268856_at 268856_at 268856_at 268856_at 268856_at 266895_at 266895_at 266571_at 266895_at 266571_at 266571_at 266571_at 266572_at 266572_at 26702_at 24702_at 24702_at 24702_at 24702_at 240220_at	Al4g23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g1280 Al1g1550 Al1g70490 Al1g15550 Al2g18160 Al2g18160 Al2g18160 Al2g41420 Al5g07440 Al5g07440 Al5g67240 Al1g3820 Al1g65280 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6260 Al1g6480 Al1g6570 Al5g26000 Al5g26000 Al5g26000 Al5g26000 Al5g26000 Al5g26000 Al5g26000 Al5g26000 Al5g26000 Al5g26000 Al5g27000 Al5g2	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTB binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-0XIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gj[3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / binding / glutamate dehydrogenase [NAD[P]+] CYCD3; 3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase Matter protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pirl[105382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein Phypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein prediced by genscan hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein che hypolymerase UDP-glucose dehydrogenase-like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:U53418 putative cytidine deaminase - like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:U53418 putative protein strong similarity to unknown protein (gbIAAF04433.1)
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.000136432 0.00010974 0.001154432 0.0001702 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00021538 0.00251808 0.00251808 0.00251846 0.00017837 0.00033159 0.00023129 0.00003328 0.000215846 0.0002177036 0.00221778 0.00023129 0.00003325 0.00023129 0.00003325 0.0000325 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.000035 0.0000035 0.000035 0.0000035 0.0000035 0.0000035 0.0000035 0.00000035 0.0000000000	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 2658470_at 260305_at 261768_at 262813_at 263064_at 263064_at 263064_at 263066_at 250580_at 250580_at 255166_at 257071_at 267040_at 267040_at 262703_at 2627040_at 248162_at 268654_at 268654_at 2685704_at 2695704_at	A 44923850 A 14923850 A 149212880 A 11950 A 11950 A 11950 A 11950 A 11950 A 11950 A 11950 A 11950 A 11950 A 1191550 A 12918160 A 12918160 A 12941420 A 1596570 A 1592619 A 15926290 A 15926400 A 15926400 A 15926400 A 15926400 A 15926	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBEERELLIN 3-OXIDASE 1): gibberlin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2): ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / binding / glutamate dehydrogenase (NAD(P)+] CYCD3;3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][105382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondria carrier - like protein mitochondria carrier protein, Nibes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cylcohrome-b5 reductase - like protein tylo-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein tylo-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:L05418 UDD-glucose dehydrogenase-like protein tylo-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:L05418 UDD-glucose dehydrogenase-like protein ordonin carrier tein (gl)/AAF04433.1) pu
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001974 0.001164432 0.00010974 0.001164432 0.00007665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000315689 0.00215869 0.002158427 0.00053874 0.00053874 0.00053874 0.00018288 0.00017837 0.0001828 0.00021778 0.00023129 0.02209682 0.000217584 0.000217584 0.000217584 0.000217584 0.0002177036 0.000221778 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.00005044 0.0005044 0.0005044 0.0005044 0.0000504 0.000504 0.00000504 0.000050	254182_at 254788_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 263066_at 260366_at 260366_at 255071_at 255071_at 265066_at 2557071_at 2657040_at 247422_s_at 246854_at 266864_at 266864_at 266864_at 266864_at 266864_at 266864_at 266864_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266895_at 266895_at 266704_at 26	Alsg23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g1280 Al1g1280 Al1g1250 Al1g1550 Al1g1550 Al1g1550 Al2g18160 Al5g46570 Al5g46570 Al5g6280 Al1g16520 Al1g16520 Al1g16520 Al1g65280 Al5g52890 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5280 Al5g5710 Al5g5280 Al5g5710 Al5g5280 Al5g710 Al5	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1): gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein storing similarity to gi[3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecitide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2): ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3;3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein unknown protein Unknown protein Unknown protein Unknown protein CHL2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter Mitochondrial carrier protein (pir][T05382) FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase Unknown protein Nypothetical protein predicted by genscan hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein (ychr/mehase). Cicer arietinum, EMBL:RAJ006764 ICU2 ((NCURVATA2); DNA-directed DNA polymerase putativ
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001374 0.001154432 0.0001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000510608 0.003155869 0.003155869 0.003155874 0.003155869 0.003155874 0.003155874 0.003155874 0.003155874 0.003155874 0.000315587 0.00023129 0.00201828 0.00018288 0.00017837 0.00023129 0.002215846 0.00023129 0.002215846 0.00023129 0.002215846 0.000231778 0.000231577036 0.00023129 0.002265773 0.000236577 0.000236577 0.00003841 0.00003841 0.00003841 0.00003841 0.00005044 0.0003841 0.0000149519 0.000138688 0.01264709 0.01264709	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 260306_at 260366_at 260366_at 260366_at 255189_at 255186_at 255186_at 257071_at 2657040_at 255816_at 247442_8_at 246854_at 246854_at 246854_at 263183_at 266386_at 263183_at 266386_at 263183_at 266386_at 263183_at 266385_at 266395_at 266395_at 266395_at 266395_at 266354_at 266354_at 266354_at 265579_at 255579_at 255579_at 255579_at	Alidg23850 Alidg23850 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1650 Alidg1650 Alidg1650 Alidg6740 Alidg6820 Alidg6800 Alidg6800 Alidg6800 Alidg6800 Alidg6800 Alidg6800 Alidg800	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X48624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres: 41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family of the postpolicable activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-0XIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding Unknown protein storing similarity to gi[3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecilide upstream open reading frame 1) Unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3;3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase Invportein aprotein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups Unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein [pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase Unknown protein Hypothetical protein predicted by genscan and genefinder Structure structural protein GP/glucose 6-dehydrogenase, transferring glycosyl groups Lipo-qlucose dehydrogenase-like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:US3418 putative protein predicted by genscan and genefinder Structure rotein medicted by genscan and genefinder Structure structural protein predicted by genscan and genefinder Structure rotein medicted by genscan and genefinder Dytative protein predicted by genscan and genefinder Dytative protein predicted by genscan and genefinder Dytative prot
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.000134345 0.00010974 0.00154432 0.0001702 0.0305665 0.00082208 0.000516608 0.000516608 0.000516608 0.002518467 0.00253874 0.00253874 0.003315548 0.00253874 0.003315548 0.0023129 0.0003841 0.00023129 0.0003841 0.0003841 0.0003841 0.00021778 0.0003841 0.00003841 0.00003841 0.00003841 0.00003841 0.00000000000000	254182_at 254182_at 255751 at 255751 at 255751 at 260305_at 261768_at 260305_at 260366 at 240853_at 260366 at 240853_at 2552189 at 255189 at 255166 at 247442 s_at 247040_at 247040_at 247040_at 2476854_at 268865_at 268855_at 268855_at 266895_at 266895_at 266704_at 26704_at 26702_at 24702_at 24702_at 24702_at 24702_at 2450354_at 2450354_at 245779_at 2450354_at 245779_at 265779_at 265779_at 265779_at 265779_at 265779_at 265779_at	Al4g23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g1280 Al1g1550 Al1g70490 Al1g15550 Al2g18160 Al2g18160 Al2g18160 Al2g18160 Al2g18160 Al5g07440 Al5g07440 Al5g07440 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g6220 Al5g62700 Al5g7100 Al5g72	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D: GTB binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1): gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved pecitide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SiGNALING KINASE 2): ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3.3 (CYCLIN D3.3): cyclin-dependent protein kinase Hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4): cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pirl[T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein Typothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein chordney agenesian Typothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:U537800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:U537800 UDP-glucose 6-dehydrogenase - KBA protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:U537810 UDP-glucose 6-dehydrogenase - KBA poly
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.0001974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.00001702 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000215384 0.00251804 0.00251804 0.00251842 0.000315548 0.000215846 0.00017837 0.00018288 0.00023129 0.00203129 0.002215846 0.00027173 0.00009323 0.002215846 0.0005044 0.0005044 0.0005044 0.0005678 0.000256578 0.00005645 0.0000565 0.00005	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 265751_at 2628470_at 262813_at 262813_at 263066_at 248853_at 250580_at 252189_at 255166_at 2557071_at 267040_at 267040_at 248853_at 265706_at 262713_at 265704_at 248654_at 248656_at 248656_at 248656_at 248656_at 248656_at 248656_at 2486570_at 246570_at 246570_at 246577_at 246577_at 246570_at 246570_at 246579_at 246579_at 246579_at 246579_at 245579_at 250354_at 255579_at 255959_at 265950_at 255950_at 255959_at 265950_at 265950_at 255959_at 265950_at 265950_at 255950_at 255959_at 265950_at	Alsg23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g1280 Al1g1950 Al1g1950 Al1g1950 Al1g1950 Al1g1650 Al1g1650 Al2g18160 Al5g46570 Al5g6700 Al5g62890 Al1g65280 Al1g65280 Al1g65280 Al1g65280 Al5g62890 Al5g62890 Al5g62800 Al5g2080 Al5g62900 Al5g228050 Al5g228050 Al5g228050 Al5g7100 Al5g228050 Al5g7100 Al5g728050 Al5g7280 Al5g728050 Al5g7280 Al5g7280 Al5g7280 Al	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains PTam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-0XIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein guitarity to gi[3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuCRF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / jutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; 3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondria carrier - like protein molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) FQR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein NDP-glucose 6-dehydrogenase - (Sycline max, EMBL-K37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein (pir][045361) putative protein strong similarity to unknown protein (gb]/AF64433.1) putative bitLL DNA-binding protein Cortainse, Ciccar arterium, EMBL-AJ006764 ICU2 (INCURVATA2); DNA-directed DNA polymerase putative bytorien examinase, CiCcar arterium, EMBL-AJ006764 ICU2 (INCURVATA2); DNA-directed DNA polymerase putative bytori
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.00001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.0003155489 0.00211531 0.005516008 0.0003155489 0.000315548 0.000315548 0.000315548 0.00023129 0.00003154 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.000231584 0.000215846 0.00021584 0.00021584 0.00021584 0.0005044 0.0005044 0.0005044 0.0005044 0.0003384 0.0005047036 0.0005044 0.0003346 0.00013828 0.00050477036 0.00003841 0.0005044 0.0003346 0.0003346 0.0003346 0.0003122 0.0000312 0.0000312 0.0000312 0.0002329 0.000256578 0.0002565	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 260305_at 260306_at 260366_at 260366_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255070_at 260400_at 247442_8_at 246084_at 246854_at 246854_at 266886_at 266895_at 266895_at 266895_at 246511_at 26702_at 247022_at 247022_at 24517_at 265579_at 255579	Al4q23850 Al4q23850 Al4q12880 Al1q31950 Al1q31950 Al1q31950 Al1q31950 Al1q31950 Al1q1050 Al1q10550 Al1q11550 Al1q11550 Al2q1420 Al5q46570 Al5q5070 Al5q52890 Al3q28180 Al5q562890 Al5q56280 Al5q56280 Al5q56280 Al5q56280 Al5q56280 Al5q56280 Al5q56280 Al5q56280 Al5q56280 Al5q56290 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5620 Al5q5710 Al5q5620 Al5q5710 Al5q570 Al5q570 Al5q5710 Al5q5710 Al5q5710 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q570 Al5q580 Al5q580 Al5q580 Al5q570 Al5q580	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PPO1397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTb binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein storing similarity to gl(3367522 F8K4.9 from Arabidopsis fhaliana BAC gb)AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecitide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; 3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; 3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein unknown protein Unknown protein GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter Mitochondrial carrier r like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase Unknown protein Hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cyclochrom-b5 reductase - like protein cyclochrome-b5 reductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein tyclind redaminase, Cicer arietinum, EMBL:AJ006764 ICU2 (INCURVATA2); DNA-directed DNA polymerase putative protein predicted by genscan and genefinder cyclochrome-b5 reductase - like protein cyclochrome-b5 feductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein tyclochrome-b5 feductase, Saccharomyces ce
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.0001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000510608 0.00315589 0.00211531 0.002524427 0.000315548 0.00031554 0.00031554 0.00031554 0.00031524 0.00031524 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00225857 0.00003841 0.00003841 0.0003122 0.0023128 0.000312 0.0003124709 0.00268578 0.000312 0.00226855 0.0003124709 0.00226855 0.0003124 0.0003124 0.0003124 0.0003124 0.0003124 0.0003124 0.0003124 0.0003124 0.00032885 0.0003841 0.0003124 0.00003124 0.00003124 0.00003124 0.00003124 0.00003124 0.000	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 260306_at 260366_at 260366_at 260368_at 260580_at 255189_at 255186_at 255186_at 257071_at 2657071_at 2657071_at 265704_at 265816_at 265816_at 265868_at 263183_at 266895_at 266895_at 266895_at 266895_at 2665704_at 2665704_at 2665704_at 2665704_at 2665704_at 266579_at 250354_at 250354_at 26579_at 250354_at 26579_at 269593_at 260774_at 266995_at 260774_at 266995_at 260774_at 266995_at 260774_at 266995_at 260774_at 266995_at 260774_at 26699593_at 2607774_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 266996_at 26698666_at 266986	Alig23850 Alig22860 Alig22860 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig2150 Alig206035 Alig2050 Alig21550 Alig204670 Alig20440 Alig20440 Alig20440 Alig20440 Alig2050 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26040 Alig26040 Alig26040 Alig26050 Alig2700	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X48624 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres: 41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding Unknown protein storing similarity to gi[3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecilide upstream open reading frame 1) Unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3;3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups Unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein [pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase Unknown protein hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:US3418 putative protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:US3418 putative protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:US3418 putative protein predicted by genscan and genefinder Cytochrome-b5 reductase - like protein Vaho Polymerase Dutative protein predicted proteins, Drosop
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.000110974 0.001154432 0.0001702 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.0002153869 0.00251420 0.00251860 0.00251860 0.0021738 0.00031554 0.00031554 0.00031554 0.00017837 0.0003125 0.00003123 0.00003125 0.00003125 0.00005044 0.000217736 0.00025477 0.0000544 0.0005645 0.0000565 0.00005645	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 255751_at 261768_at 262813_at 262813_at 263064_at 263064_at 262833_at 250580_at 250580_at 252189_at 256166_at 257071_at 267040_at 267040_at 267040_at 262713_at 266366_at 262713_at 266366_at 265816_at 262703_at 262864_at 268651_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2685704_at 2695704_at 2695704_at 269573_at 26953_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269573_at 269593_at 269593_at 269393_at 269394_at 255294_at 265294_at 255294_at 255294_at 255294_at 255294_at	A 44923850 A 14923850 A 149212880 A 11921950 A 11921950 A 11921950 A 11921950 A 11921950 A 11921950 A 11921550 A 1191550 A 1191550 A 1191550 A 11915570 A 1192670 A 1192770 A 1197770 A 1197770 A 1197770 A 1197770 A 1197770 A 1197770 A 11	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, JSK (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains PHam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1): gibberlin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gbjAC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2): ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2): ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD33 (CYCLIN D33); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][105382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondria carrier - like protein mitochondria carrier protein, hibes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein vitochrome-b5 reductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein QloPAF04433.1) putative protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase, Drosophila melanogaster and Homo sapiens putative protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:US348 DUD4/gducose dehydrogenase ADH from [Lycopersicon esculentum]
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.0001702 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000215869 0.0020153874 0.0020153874 0.00053874 0.000315548 0.000215846 0.00018288 0.00018288 0.000215846 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.000231548 0.000215846 0.00215846 0.00215846 0.00221778 0.00005044 0.0005044 0.000383866 0.00184188 0.0003122 0.000256577 0.0003122 0.0002567773 0.000184189 0.0003122 0.0002527777	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 261768_at 262813_at 263066_at 260366_at 260366_at 260366_at 255076_at 255076_at 255076_at 262713_at 265060_at 255076_at 262713_at 2657040_at 2657040_at 246854_at 246854_at 266704_at 2667	Atag23850 Atag12880 Atag12880 At1g12880 At1g1950 At1g1950 At1g1950 At1g1950 At1g1950 At1g1650 At1g1650 At1g1650 At2g18160 At5g4670 At5g670 At1g6520 At1g6520 At1g6520 At1g65290 At1g65290 At5g5290 At5g5290 At5g5290 At5g5200 At5g5200 At5g5200 At5g5200 At5g5200 At5g5700 At5g5700 At5g5200 At5g570 At5g2800 At5g570 At5g2800 At5g5200 At5g570 At5g2800 At5g570 At5g2800 At5g2800 At5g570 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2700 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2800 At5g2700 At5g2700 At5g2700 At5g2700 At5g2700 At5g2700 At5g2700 At5g2800 At5g1560 At2g200 At5g1560 At2g200 At5g1560 At2g200 At5g1560 At2g200 At5g1560 At2g200 At5g1560 At2g200 At2g2500	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTb binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein storing similarity to gl(3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb)AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecitide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCO33 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pri[]T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pri[]T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter Mitochondria carrier - like protein molecule putative protein predicted by genscan hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein cytochrome-b5 reductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein iOP-glucose 6-dehydrogenase - Clycrine max, EMBL:U53418 putative protein predicted by genscan hypothetical protein strong similarity to unknown protein (gb]AAF04433.1) putative protein strong similarity to unknown protein (gb]AAF04433.1) putative protein readicted protein my protein (gb]AAF04433.1) putative protein predicted protei
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.00001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087065 0.00031554 0.0021531 0.02524427 0.00315548 0.00031554 0.00031554 0.00031554 0.00023129 0.02209682 0.00023129 0.00203154 0.00023129 0.00203154 0.00023129 0.00203154 0.00023129 0.00203154 0.00023129 0.00203154 0.0003841 0.0003841 0.0003122 0.0003122 0.0003124 0.0003124 0.0003124 0.0003122 0.00023129 0.00226878 0.0003124 0.0003124 0.0003122 0.0003122 0.0003122 0.0003122 0.0003122	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 260305_at 260306_at 260306_at 260306_at 25030_at 255816_at 255816_at 255816_at 255816_at 24040_at 255816_at 24040_at 24040_at 24040_at 24040_at 2404854_at 266386_at 266385_at 266895_at 266895_at 266895_at 266702_at 266702_at 266702_at 247028_at 240511_at 265704_at 265579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 265953_at 266395_at 266395_at 266395_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255629_at 2	Alidg23850 Alidg23850 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1560 Alidg1650 Alidg1620 Alidg6570 Alidg6289 Alidg65290 Alidg65290 Alidg65290 Alidg6570 Alidg65290 Alidg6570 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6480 Alidg6570 Alidg6480 Alidg6570 Alidg790 Alidg790 Alidg790 Alidg790 Alidg790 Alidg790 Alidg6040 Alidg79	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) ;supported by full-length cDNA: Ceres: 41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PPO1397: Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D: GTb binding / phospholipase activator/ protein binding GA3OX1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein storing similarity to gl(3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb)AC004392 CPUQRF1 (Conserved pecilide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3.3 (CYCLIN D3.3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase Unknown protein hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytchrome-b5 reductase - like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Clycine max, EMBL:US37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Shycine max, EMBL:US37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein DP-glucose 6-dehydrogenase - Shycine max, EMBL:US37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein DP-glucose 6-dehydrogenase - Shycine max, EMBL:US37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein protein GbAAG 4 ICU2 (INCURVATA2); DNA-directed DNA polymerase putative protein predicted by genscan and genefinder cytchrome-b5 reductase - like p
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013674 0.00136432 0.0001074 0.00154432 0.0001702 0.00305660 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087685 0.00251860 0.00251860 0.00251860 0.00251860 0.00251860 0.0021778 0.00031554 0.00021773 0.00021773 0.00023129 0.00021773 0.00023129 0.00023129 0.00021773 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00025484 0.0005044 0.0005044 0.0005648 0.0005648 0.0005648 0.0005648 0.0005648 0.0005648 0.0005648 0.00005648 0.0005648 0.0005648 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005643 0.0005644 0.0003122 0.0005647	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 260305_at 260306_at 260366_at 240853_at 250580_at 250580_at 250580_at 250580_at 250580_at 255166_at 267071_at 267040_at 257071_at 267040_at 247422_s_at 247422_s_at 248554_at 248554_at 263183_at 266895_at 266895_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 266704_at 26695_at 260354_at 260354_at 260354_at 260354_at 260354_at 260354_at 260354_at 260354_at 26695_at 260354_at 26695_at 260354_at 26695_at 260354_at 26695_at 260354_at 2603555555555555555555555555555555555555	Alig23850 Alig23850 Alig23850 Alig23850 Alig23850 Alig23850 Alig7289 Alig70490 Alig70490 Alig70490 Alig70550 Alig11670 Alig9740 Alig9620 Alig9620 Alig9620 Alig9620 Alig62620 Alig62620 Alig62620 Alig62620 Alig62620 Alig62620 Alig64500 Alig65040 Alig65040 Alig2750 Alig25050 Alig25050 Alig25040 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2500 Alig2700 Alig2700 Alig2700 Alig2700 Alig2700 Alig2700 Alig2700 Alig2700 Alig2700 Alig2700 Alig9730 Alig9730 Alig9730 Alig9730 Alig9730 Alig9730 Alig9730 Alig9730 Alig9730 Alig9750 Ali	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, JSK (lamin), supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397; Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to gi]3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD33 (CYCLIN D33); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitcohondria carrier - like protein mitcohondria carrier protein, Nibes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicided by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein victorkrome-b5 reductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase - like protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:US3418 putative protein predicided by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase, Jike protein UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:US3418 putative protein protein kong similarity to unknown protein (gl)AAF04433.1) putative protein protein KDP, putative similar to serine-t
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.0001702 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00021584 0.00251804 0.00251804 0.00251804 0.00251874 0.0031554 0.00021584 0.00017837 0.00018288 0.00021584 0.00023129 0.002215846 0.00023129 0.002215846 0.00027170 0.00256578 0.000254427 0.00005044 0.0005044 0.0005044 0.0005678 0.00025677 0.00005648 0.0000564 0.00000564 0.00000564 0.00000000000000000000000000000000000	254192_at 254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 261768_at 262813_at 262813_at 263066_at 262813_at 263066_at 250580_at 255166_at 255170_at 262713_at 267040_at 248853_at 265704_at 248654_at 248065_at 248654_at 248162_at 248654_at 248162_at 248654_at 248657_at 246517_at 246517_at 246577_at 246570_at 246570_at 246579_at 2465579_at 2465579_at 250354_at 2550354_at 2550354_at 255333_at 265894_at 265894_at 255334_at 265894_at 255394_at 255334_at 25539_at 265894_at 25539_at 265894_at 25539_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265894_at 265633_at 265633_at 265633_at 265633_at 265633_at 265633_at 265633_at 265633_at 265633_at 265633_at 266633_at 265633_at 266633_at 265633_at 266633_at 266633_at 266633_at 265633_at 26663	Alsg23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g1280 Al1g1280 Al1g1280 Al1g1550 Al1g1550 Al1g1550 Al1g1550 Al1g1550 Al2g18160 Al5g46570 Al5g4670 Al5g6290 Al1g6520 Al1g65290 Al1g65290 Al5g5280 Al5g5290 Al5g2480 Al5g5200 Al5g2480 Al5g57100 Al5g2600 Al5g5280 Al5	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, 15K (lamin) :supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D: GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-0XIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein storing similarity to gil3367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gbjAC004392 CPuCRF1 (Conserved pecide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; G(YCLUN D3;); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondria carrier - like protein molecule putative protein moteondrial carrier protein, Nibase Ingrum, EMBL:RNI7580 FQR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytochrome-b5 reductase - like protein NDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:NJ3006764 (CU2 (INCURVATA2); DNA-dircted DNA polymerase putative brotein strong ginale is protein (dbjAAF04433.1) putative protein strong similarity to unknown protein (dbjAAF04433.1) putative protein predicted proteins, Drosophila melanogaster and Homo sapiens putative brotein predicted protein, Arabidopsis thaliana putative brotein predicted protein, Arabidopsis
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.00001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00021584 0.0021584 0.00021584 0.00031554 0.0002178 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.000221778 0.00023129 0.0002215846 0.000215846 0.000217736 0.0002215846 0.000217736 0.0002215846 0.000217736 0.0002215846 0.000217736 0.000221778 0.000221678 0.000221678 0.0005044 0.0003841 0.0003841 0.00023657 0.000226577 0.00023657 0.000226577 0.00003841 0.0001382 0.00021278 0.00025657 0.00025	254192_at 254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 260305_at 260306_at 260306_at 260306_at 260306_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255080_at 255070_at 260400_at 267071_at 267040_at 247040_at 247040_at 248654_at 248654_at 248654_at 248654_at 266895_at 266895_at 266895_at 266895_at 266895_at 266895_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 265704_at 266895_at 266895_at 266895_at 266895_at 265579_at 265579_at 265599_at 265629_at 266472_at 266472_at 266472_at 266472_at 266472_at 266472_at 266472_at 266472_at 266472_at 266477	Alidg23850 Alidg23850 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1650 Alidg1650 Alidg650 Alidg650 Alidg650 Alidg650 Alidg650 Alidg62890 Alidg62890 Alidg6280 Alidg8280	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X4824 blue copper-binding protein, EVK (lamin) ; supported by full-length cDNA: Ceres:41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA1D; GTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberrelin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding unknown protein strong similarity to giJ367522 F8K4.9 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuQRF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD33; (CYCLIN D33); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein Unknown protein Unknown protein Unknown protein Unknown protein (GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE CUINONE REDUCTASE 1); FNN binding / oxidoreductase Unknown protein Nppothetical protein predicted by genscan hypothetical protein strong similarity to unknown protein (DP-4)Guose 6-dehydrogenase - Glycine max, EMBL:S37800 UDP-glucose 6-dehydrogenase - Glycine max, E
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.000138435 0.00010974 0.00154432 0.0001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00031554 0.00031554 0.00031554 0.00031554 0.00031554 0.00031554 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023129 0.00221584 0.00023157 0.00023129 0.00226578 0.000286578 0.0003841 0.0003421 0.0003421 0.0003421 0.0003421 0.000341 0.000342 0.0000342 0.0000342 0.0000452 0.0000452 0.0000455	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 260305_at 260306_at 260366_at 260366_at 260366_at 255189_at 255186_at 255180_at 255166_at 257071_at 265166_at 257071_at 265166_at 247442_8_at 246040_at 247442_8_at 246854_at 246854_at 246854_at 263183_at 266895_at 263183_at 266895_at 2663163_at 266895_at 266895_at 265579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 255579_at 2555629_at 255629_at 255629_at 255629_at 255629_at 255629_at 2555629_at 255590_at	Alidg23850 Alidg23850 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1650 Alidg1650 Alidg1680 Alidg6820 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6870 Alidg6800 Alidg7800 Alidg7800 Alidg7800 Alidg7800 Alidg7800 Alidg7800 Alidg7800 Alidg790 Alidg7	acyf-CoA synthetase - like protein acyf-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein strong similarity to gl3305722 F84.49 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPU0RF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein strong similarity to gl3305722 F84.49 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPU0RF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein strong similarity to gl3305722 F84.49 from Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPUC033 (CVCLIN D33); cyclin-dependent protein kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glucamate dehydrogenase, Iransferring glycosyl groups unknown protein TUB2; CFP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein (pir][T05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL:RN17580 FGR1 (FLAVODOXIN-LIKE GUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALST (CALLOSE SYNTHASE 1); 1.3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan and genefinder cytchrome-b5 reductase = like protein cyclorhrom-b5 reductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein volchrom-b5 reductase. ADH from [LyCyperericon esculum] AtCHSUEAR TRANSPORT FACTOR ZB); Ran GTPase binding / protein transporter serine-threoning similarity to unknown protein (gb]AF044
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.00136432 0.00010974 0.001154432 0.00010974 0.0001702 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.0002153869 0.00251806 0.00251806 0.00251806 0.00251846 0.00017837 0.000331554 0.00021778 0.00003325 0.00021788 0.0002178846 0.00017837 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.0000534 0.000149519 0.0005647 0.000149519 0.002268578 0.0003421 0.0000564 0.00149519 0.002268578 0.0003421 0.0000564 0.000149519 0.002268578 0.0003421 0.0003421 0.0003421 0.0003421 0.0003421 0.0000564 0.000149519 0.002268578 0.0003421 0.000269368 0.0003422 0.00026936 0.00026956 0.000056 0.0000056 0.0000000000	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 2658470_at 261768_at 262813_at 263066_at 262813_at 263066_at 255050_at 255180_at 255186_at 255186_at 267040_at 267040_at 267040_at 267040_at 248854_at 248654_at 248162_at 248162_at 24865704_at 248163_at 24865704_at 248163_at 24865704_at 24865704_at 24865704_at 24865704_at 24865704_at 24865704_at 2485702_at 2485702_at 2485704_at 2485702_at 248057_at 2485704_at 255579_at 25559_at 255579_at 25559_	Atsg23850 At4g23850 At4g12880 At1g12880 At1g1280 At1g1280 At1g1950 At1g1950 At1g1950 At1g1550 At1g1550 At1g1550 At2g18160 At2g18160 At5g6570 At1g6529 At1g6529 At1g6529 At1g6529 At1g6529 At1g6529 At1g6529 At1g6529 At1g6570 At5g6290 At5g65710 At5g6290 At5g65710 At5g6290 At5g65710 At1g7290 At1	acyf-CoA synthetase - like protein acyf-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein strong similarity to gl/335752 F84.8 J From Arabidopsis thaliana BAC gb]AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein methods (NIASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROCENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD33; (CYCLIN D33; ycvlin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein Unknown protein Unknown protein UNEX; CTP binding / GTPase/ structural molecule Putative protein contains similarity to unknown protein [p][05382) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transforter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, EMBL-RNI7580 FQR1 (FLAVODCXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FMN binding / oxidoreductase unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1.3-beta-glucan synthase/ transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genscan protein bredicted by genscan and genefinder hypothetical protein predicted by genscan protein predicted by genscan and genefinder protein strong similarity to unknown protein (gb)AAF04433.1) putative protein strong similarity to unknown protein (gb)AAF04433.1) putative protein strong similarity to unknown protein (gb)AAF04433.1) putative protein predicted by ge
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00039634 0.0001974 0.00154432 0.0001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.0002153874 0.002515804 0.002515804 0.002515804 0.000315548 0.00018288 0.00018288 0.000215846 0.00023129 0.00023129 0.000231548 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.00023154 0.000256578 0.0000504 0.00025657 0.0000544 0.0003383 0.0021584 0.0003152 0.00025657 0.0003152 0.0002567778 0.0003152 0.0002547 0.0002547 0.0002547 0.0003152 0.0002547 0.0003152 0.0002547 0.0003152 0.0002547 0.0003152 0.0002547 0.0003152 0.00025457 0.0002545 0.0003152 0.0002545 0.0000554 0.0000554 0.0000555 0.0000554 0.0000555 0.00000555 0.0000555 0.0000555 0.0000555 0.0000555	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 261768_at 262813_at 263066_at 260366_at 260366_at 260366_at 255076_at 255076_at 255076_at 262713_at 265066_at 255076_at 262713_at 2657040_at 2657040_at 2657040_at 247422_s_at 246854_at 246854_at 266896_at 266704_at 2	Atag23850 At4q23850 At4q12880 At1q31950 At1q31950 At1q31950 At1q31950 At1q1050 At1q1050 At1q1050 At1q1650 At1q1650 At1q1650 At1q1650 At1q650 At1q650 At1q650 At1q6520 At1q6520 At1q6520 At1q6520 At1q6520 At1q6520 At1q6520 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q6290 At5q7100 At5q6290 At5q7100 At5q7100 At5q750 At1q7560 At1q750	acyl-CoA synthetase - like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397. Terpene synthase family protein synthesis in synthesis protein strong similarity to gl3357522 FR4.9 (Trom Arabidopsis thaliana BAC gb)AC004392 CPu0RF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein strong similarity to gl3357522 FR4.9 (Trom Arabidopsis thaliana BAC gb)AC004392 CPUC033 (CYCLIN 03:3); cyclin-dependent protein kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROENEASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase (NAD(P)+) CYCD33 (CYCLIN 03:3); cyclin-dependent protein kinase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TVE2; GTP binding / GTPase/ structural melecule putative protein contains similarity to unknown protein (pirl[105382)) GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter mitochondrial carrier - like protein mitochondrial carrier protein, Ribtes nigrum, EMBL-RNI7580 FCR1 (FLAVODCXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FNM binding / oxidoreductase unknown protein ACLS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1.1.3-beta-glucan synthase/ transferase, transferring glycosyl groups hypothetical protein predicted by genescan and genefinder cyclortome-b5 reductase - like protein cyclortome-b5 reductase, Saccharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein cyclortome-b5 reductase, Nacharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose dehydrogenase-like protein cyclortome-b5 reductase, Nacharomyces cerevisiae, PIR:S37800 UDP-glucose
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.00001702 0.03505605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000315869 0.00211531 0.02524427 0.000315548 0.000315548 0.00021533 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.0000341 0.0005044 0.00033841 0.0005044 0.0003326 0.00134219 0.000256578 0.002265778 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.0003122 0.000256578 0.0003421 0.00025446 0.0003122 0.0003475 0.0003122 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003475 0.0003534 0.00024557 0.00025534 0.00005534 0.00005534	254182_at 254788_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 260305_at 260305_at 260306_at 260306_at 260306_at 260306_at 255080_at 255166_at 255166_at 255166_at 2557071_at 260704_at 24742_s_at 24040_at 24742_s_at 240854_at 240854_at 240854_at 240856_at 265704_at 265894_at 255579_at 255579_at 255592_at 265629_at 266623_7_at 266625_at 26672_at 246626_at 266	Alig23850 Alig22860 Alig22860 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig21550 Alig1550 Alig1550 Alig1650 Alig21420 Alig6570 Alig626740 Alig626740 Alig62620 Alig67100 Alig6270 Alig6270 Alig22604 Alig6270 Alig2604 Alig770 Alig22404 Alig770 Alig770 Alig7860 Alig790 Alig790 Alig7860 Alig7950 Alig7950 Alig79	expl-CoA synthetase Ikke protein adj-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 bile cooper-binding protein, BK (Barni), Supported by full-length DDN: Ceres: 41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-ength cDN: Ceres: 6490. ARFA10: CTP binding / Dospholpase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding Unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTMARTE DEHYDROGENASE); ATP binding / putamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD3; 3 (CYCLIN D3;3); cyclin-dependent protein kinase Nypothetical protein TUB2; GTP binding / DROSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / Drase/ structural molecule putative protein contains similarity to unknown protein [R][T05382] GLTF1 (gLvcolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter GLTF1 (gLvcolipid transfer protein micochondia carrier rike protein, Ribes nigrum, EMBL:RNI7580 FORT (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FNN binding / oxidoreductase Unknown protein CALS1 (CALLOSE SYNTHASE 1); 1,3-beta-glucan synthase/ transferase
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.00136432 0.00010974 0.001154432 0.00010702 0.03055605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00021531 0.002524277 0.00535874 0.00251860 0.00251860 0.00251860 0.002179732 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023177036 0.00221778 0.00023177036 0.00025446 0.00023177036 0.00025484 0.00023177036 0.00025484 0.00023177036 0.00025477 0.00025484 0.0005044 0.0005044 0.0005644 0.00005044 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.0003122 0.0005644 0.00005644 0.00005644 0.00026898 0.00005644 0.00026898 0.00028437 0.0003847 0.0003847 0.0003847 0.0003847 0.0003847 0.0003847 0.0003847 0.0003847 0.0003847 0.0003847 0.000384	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 260305_at 260306_at 260366_at 260366_at 260366_at 255189_at 255186_at 255186_at 255166_at 257071_at 2657071_at 2657071_at 265704_at 265866_at 263183_at 266366_at 263183_at 266366_at 263183_at 266395_at 266895_at 266895_at 266895_at 266395_at 265579_at 255599_at 255579_at 255599_at 2555	Alig23850 Alig23850 Alig22860 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig21280 Alig2150 Alig20450 Alig21420 Alig244670 Alig244670 Alig244670 Alig244670 Alig26200 Alig2828180 Alig28180 Alig2828180 Alig28281 Alig2820 Alig28200 Alig28200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig26200 Alig2600 Alig2700 Alig2700 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2700 Alig2700 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2800 Alig2700 Ali	expl-CoA synthetase like protein acyl-CoA synthetase, Brassica napus, X94624 blue copper-binding protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-ength cDNA: Ceres: 6490. ARFA10: CTP binding / Phospholpase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberellin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding Unknown protein strong similarity to giJ3367222 F8K4.9 from Arabidopsis haliana BAC gb/AC004392 CPuORF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein BSK2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase GDH2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / glutamate dehydrogenase (NAD(P)+] CYCO3.3 (CYCLIN D3.3); cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein TACSLCO4 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferrase, transferring glycosyl groups unknown protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule putative protein contains similarly to unknown protein [GI][T05382] GLTF1 (glycoligid transfer protein , Ribes nigrum, RibBL:RNI7580 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FNN binding / oxidoreductase unknown protein TUB2; GTP binding / Drotein mitochondrial carrier protein, Ribes nigrum, RibBL:RNI7580
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00039634 0.0001974 0.001154432 0.0001702 0.03055605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00021537 0.00251804 0.00251804 0.00251804 0.00251804 0.00031554 0.00021584 0.00017837 0.0001783 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.00023129 0.0002315846 0.00001783 0.00221778 0.00023129 0.00023129 0.000256578 0.000256578 0.000256578 0.0005644 0.0003541 0.0003541 0.0005144 0.0003122 0.000256578 0.000256578 0.0014916888 0.00149157 0.0003544 0.0003122 0.00025470778 0.0003544 0.0003122 0.00025470778 0.000254578 0.00184188 0.0001827 0.0003542 0.0003122 0.000254578 0.000184188 0.0001827 0.00025457 0.00025457 0.00025445 0.0001827 0.0002545	254192_at 254789_at 255751_at 255751_at 2658470_at 261768_at 262813_at 263066_at 263066_at 263066_at 255050_at 255050_at 255166_at 255070_at 262713_at 2650704_at 248853_at 248854_at 248063_at 265704_at 248064_at 248064_at 248065_at 248057_at 248057_at 248570_at 255590_at 2553946_at 2553946_at 2553946_at 255590_at 255580_at 2	Alsg23850 Al4g23850 Al4g12880 Al1g12880 Al1g12880 Al1g1280 Al1g1280 Al1g1550 Al1g1550 Al1g1550 Al1g1550 Al2g18160 Al2g18160 Al5g46570 Al5g62690 Al1g6520 Al1g65280 Al1g65280 Al5g62890 Al5g62890 Al5g62890 Al5g62890 Al5g62800 Al5g20800 Al5g20800 Al5g20800 Al5g20800 Al5g20800 Al5g20800 Al5g62800 Al5g62800 Al5g62800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7800 Al1g7850 Al1g1830 Al5g710 Al1g7850 Al1g1830 Al5g750 Al4g2950 Al1g1850 Al1g1820 Al5g750 Al4g2950 Al4g20750 Al4g2950 Al4g2950 Al4g2970 Al4g2790 Al4	expl-CoA synthetase like poper-binding protein, fisk (famin): supported by full-length DDA: Ceres: 41510. terpene synthase family protein, putative contains Pfam profile: PF01397: Terpene synthase family Expressed protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA 1D: C1F binding / phospholpase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERELLIN 3-OXIDASE 1); gibberlin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding Unknown protein stranscription activator/ protein binding CPu.0RF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) Unknown protein stranscription / kinase/ protein kinase/ protein kinase/ protein kinase/ CPu.0RF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) Unknown protein BSX2 (BR-SIGNALING KINASE 2); ATP binding / binding / kinase/ protein kinase/ protein kinase CPu.0RF1 (Conserved peptide upstream open reading frame 1) Unknown protein TOTES: Q: ATP binding / plutamate dehydrogenase [NAD(P)+] CYCD33 (CYCLIN D33); cyclin-dependent protein kinase TUB2; GTP binding / CFPase/ structural molecule putative protein TUB2; GTP binding / GTPase/ structural molecule Utative protein contains similarity to unknown protein (pir[[T05382]) GLTP1 (glycolipid transporter mitcohondria carrier - like protein mitcohondria (Larrier roler, Nites singtrum, EMBL:RNI7590 FOR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1); FNM binding / oxidoreductase unknown protein CALSI (CALLOSE SYNTHASE 1); 1:
2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21 2,21	0.00039634 0.00039634 0.00013974 0.001154432 0.00010974 0.001154432 0.00001702 0.03055605 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.00087665 0.000516008 0.00215869 0.0020153874 0.00053874 0.00053874 0.00053874 0.00018288 0.00017837 0.00018288 0.00021778 0.00021784 0.00021784 0.000221778 0.000221778 0.0002215846 0.000221778 0.000221778 0.0002215846 0.000221778 0.000221778 0.000221678 0.000221678 0.000221678 0.000221678 0.00003841 0.0000504 0.00003841 0.0000512 0.0000512 0.0000512 0.000024707 0.0000544 0.0003122 0.00025657 0.000226875 0.00024795 0.0002567778 0.0000563 0.00011011 0.0007533 0.0000555 0.0000555 0.0000	254182_at 254182_at 255751_at 255751_at 255751_at 260305_at 261768_at 262813_at 260306_at 260366_at 260366_at 255060_at 255060_at 255166_at 255166_at 255071_at 265166_at 2557071_at 2657040_at 2657040_at 2657040_at 265816_at 266854_at 266854_at 266856_at 266855_at 266855_at 266895_at 265704_at 265629_at 265629_at 265590_at 265590_at 265590_at 265591_at 265591_at 265591_at 265591_at 265591_at 265591_at 266287_at 265591_at 266287_at 265591_at 25	Alidg23850 Alidg23850 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg12880 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1550 Alidg1650 Alidg1650 Alidg1650 Alidg1650 Alidg1650 Alidg1650 Alidg1650 Alidg28180 Alidg6200 Alidg1650 Alidg28180 Alidg6200 Alidg1650 Alidg28200 Alidg6200 Alid	expl:CoA synthetase like coper-binding protein, ISK (lamin), supported by full-length CDNX- ceres: 41610. Expressed protein: supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10, CTP binding / phospholipase activator/ protein binding GA30X1 (GIBBERLIN 3-SOLDERS 1); gbberelin 3-beta-dioxygenase/ transcription factor binding Unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres: 6490. ARFA10, Crosseved peptide upstream open reading frame 1) unknown protein Unknown protein stranscription factor binding Unknown protein stranscription factor binding DBY2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein tyrosine kinase DPV2 (GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2); ATP binding / platmate dehydrogenase (NAD(P)+) CYCLIN DAT33; cyclin-dependent protein kinase hypothetical protein ATCSLC04 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE C4); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups Unknown protein Unknown protein Unknown protein Unknown protein Unknown protein Unknown protein CLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transferase, transferring glycosyl groups Hypothetical protein predicted by genscan Hypothetical protein predicted by gensca

2.14	0,0037467	264692_at	At1g/0000	DNA binding protein MybSt1, putative similar to DNA binding protein MybSt1 GI://05206 from [Solanum tuberosum]
2,14	0.00089231	245800 at	At1q46264	AT-HSFB4: DNA binding / transcription factor
2,13	0,02972766	247190_at	At5g65420	CYCD4;1 (CYCLIN D4;1); cyclin-dependent protein kinase regulator
2,13	0,00002121	250515_at	At5g09570	putative protein
2,13	0,00847056	265/16_at	At2g03350	unknown protein (supported by full-length cDNA: Geres:1697.
2,12	0,01005496	247949_at	At5g57220	CYP81F2; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding
2,12	0,00177555	251140_at	At5g01090	lectin - like protein lectin precursor LECSJAbmII, Sophora japonica, EMBL:SJU63012
2,12	0,01482014	252313_at	At3g49390	CID10; RNA binding / protein binding
2,12	0.00119974	255046 at	At4g09650	ATPD (ATP SYNTHASE DELTA-SUBUNIT GENE): hvdrogen ion transporting ATP synthase, rotational mechanism
2,12	0,0009607	258371_at	At3g14410	hypothetical protein contains similarity to putative phosphate/phosphoenolpyruvate translocator protein
2,12	0,01199031	258922_at	At3g10610	putative 40S ribosomal protein S17 similar to 40S ribosomal protein S17 GB:AAD50774 [Lycopersicon esculentum]
2,12	0.01561222	260268_at	At1g68490	unknown protein (supported by full-length CDNA: Ceres.37060.
2,12	0,00100929	265595_at	At2g20140	26S proteasome subunit 4 ;supported by full-length cDNA: Ceres:36815.
2,11	0,03278319	247563_at	At5g61130	PDCB1 (PLASMODESMATA CALLOSE-BINDING PROTEIN 1); callose binding / polysaccharide binding
2,11	0,02377289	248839_at 249159_at	At5g46690 At5g43460	DHLHU/1 (beta HLH protein /1); DNA binding / transcription factor Nicotiana lesion-inducing like : supported by full-length cDNA; Ceres: 327
2,11	0,000192	251920_at	At3g53900	uracil phosphoribosyltransferase-like protein uracil phosphoribosyltransferase - Nicotiana tabacum, PIR:T03969
2,11	0,01184689	253428_at	At4g32410	CESA1 (CELLULOSE SYNTHASE 1); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups
2,11	0.00175333	253927_at	At3g26710	UGT71B1 (UDP-GLUCOSYL TRANSFERASE 71B1): UDP-glvcosyltransferase/ guercetin 3-Q-glucosyltransferase
2,11	0,00049241	259279_at	At3g01120	MTO1 (METHIONINE OVERACCUMULATION 1); cystathionine gamma-synthase
2,1	0,00057328	245784_at	At1g32190	hypothetical protein similar to hypothetical protein GB:AAD18105 GI:4337191 from [Arabidopsis thaliana]
2,1	0.01510809	247444_at 251787_at	At3q55410	2-oxoglutarate debydrogenase. E1 subunit - like protein 2-oxoglutarate debydrogenase. E1 subunit. At
2,1	0,00441774	255438_at	At4g03070	AOP1; oxidoreductase
2,1	0,00484234	261189_at	At1g33040	NACA5 (NASCENT POLYPEPTIDE-ASSOCIATED COMPLEX SUBUNIT ALPHA-LIKE PROTEIN 5)
2,1	0,000225908	266696 at	At2g19680	copia-like retroelement pol polyprotein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 14718.
2,1	0,00412974	266959_at	At2g07690	MCM5 minichromosome maintenance family protein / MCM family protein
2,1	0,00017196	267277_at	At2g30050	putative protein transport protein SEC13 ;supported by full-length cDNA: Ceres:36577.
2,03	0,01094364	249384 at	At5g39890	putative protein hypothetical protein F8M21.10 - Arabidopsis thaliana, PIR:T49947
2,09	0,00570974	250108_at	At5g15150	ATHB-3 (ARABIDOPSIS THALIANA HOMEOBOX 3); DNA binding / transcription factor
2,09	0,02080212	252548_at	At3g45850	kinesin-related protein - like kinesin-related protein TKRP125, Nicotiana tabacum, PIR:T02017
2,03	0,0152654	263137 at	At1g78660	ATGGH1 gamma-glutamyl hydrolase, putative / gamma-Glu-X carboxypeptidase, putative / conjugase, putative
2,09	0,00067492	266693_at	At2g19800	MIOX2 (MYO-INOSITOL OXYGENASE 2); inositol oxygenase
2,09	0,00049388	266857_at	At2g26900	putative Na+ dependent ileal bile acid transporter
2,08	0,0005898	253404_at	At4g32840	PFK6 (PHOSPHOFRUCTOKINASE 6); 6-phosphofructokinase
2,08	0,00002155	255817_at	At2g33330	PDLP3 (PLASMODESMATA-LOCATED PROTEIN 3)
2,08	0,00077049	261410_at	At1g07610	MT1C; copper ion binding
2,07	0,00034389	264809 at	At1g08830	CSD1 (COPPER/ZINC SUPEROXIDE DISMUTASE 1); superoxide dismutase
2,07	0,00090171	266137_at	At2g45010	unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:34688.
2,06	0,00030399	247076_at	At5g66510	GAMMA CA3 (GAMMA CARBONIC ANHYDRASE 3); carbonate dehydratase
2,06	0,0078207	253304 at	At4g33640	putative protein (supported by full-length cDNA: Ceres:31672.
2,06	0,01109483	253836_at	At4g27840	putative protein hypothetical protein F28M11.90 - Arabidopsis thaliana, Pir2:T04067
2,06	0,02298201	255290_at	At4g04640	ATPC1; enzyme regulator
2,06	0.00742098	255797_at	At2g33630	buothetical predicted by deported by converted by CDNA: g_ 16220672_gb_AF426400.1_AF426460
-100		207920 di	Al3423100	hypothotioar protoin produced by genobarn
2,06	0,00633939	266324_at	At2g46710	putative rac GTPase activating protein
2,06 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924	266324_at 251668_at 252888_at	At2g46710 At3g57010 At4g39210	putative ac GTPase activating protein putative protein strictosidine synthese (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) D13 - dirucesa-t-phreehate ademultimenterarea
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,00013327	257925_at 266324_at 251668_at 252888_at 256441_at	At2g46710 At3g57010 At4g39210 At3g10940	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose-1-phosphate adenylyltransferase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:3056.
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,00013327 0,001402	257925_at 266324_at 251668_at 252888_at 256441_at 257820_at	At3g25100 At2g46710 At3g57010 At4g39210 At3g10940 At3g25220	Putative arc GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose-1-phosphate adenylyltransferase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ccres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,00013327 0,001402 0,0000974 0,0001939	257923_at 266324_at 251668_at 252888_at 256441_at 257820_at 258086_at 258702_at	At3g25160 At2g46710 At3g57010 At4g39210 At3g10940 At3g25220 At3g25860 At3g09730	Typotratica protection protection ground gr
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,00013227 0,001402 0,0000974 0,0001939 0,00037846	257923_at 266324_at 251668_at 252888_at 256441_at 257820_at 258086_at 258702_at 259583_at	At2g45710 At2g45710 At3g57010 At4g39210 At3g10940 At3g25220 At3g25860 At3g25860 At3g09730 At1g28070	Typotratica protein specificatory generative putative arcs GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose-1-phosphate adenylytransferase unknown protein: supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase LTA2; dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,00013227 0,001402 0,0000974 0,0001939 0,00037846 0,0137002	266324_at 25668_at 252888_at 256441_at 258086_at 258086_at 258702_at 259583_at 2667440_at	At3g46710 At3g46710 At3g57010 At4g39210 At3g10940 At3g25220 At3g25860 At3g26860 At3g09730 At1g28070 At1g78170	Typottatica (2) Frae activating protein putative ac 67 Pase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate adenylytransferase anknown protein :supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-protyl cis-trans isomerase LTA2; ditydrolipoylysine-residue acetyltransferase tTA2; ditydrolipoylysine-residue acetyltransferase typothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein unknown protein unknown protein
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,00013327 0,001402 0,00013327 0,0001939 0,00037846 0,0137002 0,00014292 0,00014292	207923_at 266324_at 251668_at 252888_at 256441_at 257820_at 258086_at 258702_at 259702_at 259583_at 260081_at 261740_at 263482_at	A15925100 A12946710 A13957010 A13910940 A13925220 A13925860 A13925860 A13925860 A1392700 A11928070 A11927740 A11947740 A12903980	The putative are GTPase activating protein putative are GTPase activating protein putative are GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate adenylytiransferase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-protyl cis-trans isomerase LTA2; dihydrofipolytism-residue acetylytiransferase LTA2; dihydrofipolytism-residue acetylytiransferase LTA2; dihydrofipolytism-residue acetyltiransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein unknown protein hypothetical protein similar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSI-motif [inase/hydrolase similar to APG proteins: pFAM domain PE00657
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,00013327 0,001402 0,00013327 0,00013327 0,00013327 0,00013327 0,00013327 0,000137846 0,0137002 0,00014292 0,0005643 0,00012133	207923_at 266324_at 251668_at 252888_at 256441_at 257820_at 258086_at 258702_at 259583_at 260081_at 260081_at 263740_at 263482_at 264916_at	A15925160 A12946710 A13957010 A13957010 A1391940 A13925220 A13925860 A13925860 A13925860 A13925870 A11928070 A11928070 A11947740 A1293980 A11960810	The putative and the product of the putative and the putative and the putative and the putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose1-phosphate adenylytiransferase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / pepidyl-projk cis-trans isomerase LT42; difydofiopidylsin-residue acetylytiransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein similar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP cirate synthase
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,00013327 0,001402 0,0000974 0,0000974 0,00037846 0,0137002 0,00114292 0,00014292 0,00012133 0,0012133	201923_at 266324_at 251668_at 252888_at 256441_at 256441_at 258026_at 258026_at 258026_at 258026_at 259583_at 260081_at 261740_at 263482_at 264916_at 265117_at	A12g46710 A12g46710 A13g57010 A13g10940 A13g25860 A13g25860 A13g25860 A13g25860 A13g27740 A11g78170 A11g78170 A11g78170 A11g60810 A11g60810 A11g60810 A11g60810	Typottative protections producted by generative putative arc GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose1-phosphate adenylytimaserase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-projk cis-trans isomerase LTA2; dihydrolipolytisert-residue acetyltiransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein similar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative protine-rich cell wall protein (pir](S52885) attrative protein-cell publity unserted by full-length aDNA: Ceres:28200
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,0001327 0,0000374 0,0000374 0,00037846 0,0137002 0,00114292 0,0005643 0,00012133 0,01136477 0,00264253	267982.3 266324_at 25668_at 252888_at 252888_at 257820_at 258702_at 258702_at 258702_at 258702_at 260081_at 260701_at 260482_at 264916_at 264916_at 265117_at 265324_at 245356_s_at	A13945710 A13957010 A13957010 A13957010 A139210 A13925860 A13925860 A13909730 A11928770 A11928770 A11927740 A12903980 A11960810 A11960810 A11962500 A14917260 A14917260 A15928540	Trybonada protecta generative protection generative protection generative protection strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose-1-phosphate adenylytransferase unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-projkl cis-trans isomerase LTA2; dihydrolipolytisine-residue acetyltransferase LTA2; dihydrolipolytisine-residue acetyltransferase Unknown protein hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein similar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA2; APT citrate synthase putative proline-rich cell wall protein (pir]IS52985) lactate dehydrogenase (LDH1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BP2; ATP binding
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001327 0,001402 0,0001327 0,001402 0,000139 0,000139 0,000139 0,000139 0,001137002 0,00114292 0,0005643 0,0012133 0,00012133 0,00012133 0,000411 0,0024253	2679823 at 266324 at 256688 at 252888 at 252888 at 257820 at 258702 at 258702 at 258702 at 258702 at 260061 at 260740 at 2661740 at 266174 at 266317 at 265517 at	A1592/3100 A12946710 A13957010 A13957010 A1392580 A13925860 A13925860 A13925860 A1392870 A11928070 A11947740 A1290730 A11960810 A11962500 A1492500 A15928540 A15928540	Typotiativa proteina spreaktowne protein of the second spreaktowne protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) putative ac GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate ademylyltransferase unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP16-1; FK506 binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase LTA2: dihydrolipoylysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein imilar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP birtate synthase putative protein-rich cell wall protein (prl S52985) lacate dehydrogenase (LDH1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2: ATP binding scp35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001932 0,0013327 0,001332 0,0001332 0,0001332 0,0001332 0,0001332 0,000142 0,00114292 0,00012133 0,0002133 0,0002134 0,00024734 0,000247639 0,000247639	267982.at 266324 at 25668.at 252688.at 252688.at 252888.at 258066.at 2580066.at 258702.at 258702.at 258593.at 260081.at 261740.at 263482.at 2663147.at 263482.at 2663472.at 265475.at 265475.at 256556.s.at 255577.at 255374.at 255374.at	A1592/160 A12946710 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1392870 A11947740 A1196770 A11962500 A1492500 A1492500 A1492500 A1492500 A15928540 A1	The second seco
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001402 0,0001337 0,001402 0,00037846 0,0137002 0,00017849 0,00012133 0,01136477 0,000212133 0,001247639 0,00024764 0,00024764	257982.3 at 266324 at 25668 at 252688 at 252888 at 258086 at 258086 at 258086 at 268702 at 269583 at 260081 at 263482 at 264916 at 263482 at 264916 at 265477 at 255374 at 256374 at 255374 at 25537457575757575757575757575757575757575	A1592/160 A12946710 A13957010 A13957010 A1392520 A13925860 A13925860 A13909730 A1192870 A11978170 A11978170 A11978170 A11962500 A14917260 A14922540 A1493140 A14922190 A11912845	Typottatica protectica protection putative ac GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate adenylyttransferase unknown protein :supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-protyl cis-trans isomerase LTA2; dihydroipolytisine-residue acetylyttransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein unknown protein putative rose protein unknown protein putative rose hypothetical protein unknown protein putative protein unknown protein putative of DSL-motif Ilpase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative proline-rich cell wall protein (pir]IS52985) lactate dehydrogenase (LDH1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2; ATP binding spl35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_15982924_gb AY057570.1_ hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 13526.
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001402 0,0000374 0,0000374 0,00037846 0,0137002 0,0001543 0,00114292 0,0005643 0,00012133 0,01136477 0,00247639 0,000247639 0,000247639 0,00024794 0,00024794	267982.3 at 266324 at 25668 at 256841 at 256841 at 258086 at 258086 at 258086 at 2580702 at 258086 at 269702 at 269702 at 269402 at 269401 at 263482 at 264916 at 265482 at 264916 at 265492 at 265956 s. at 253374 at 253374 at 26635_at	A1592/3160 A12946710 A13957010 A13957010 A1392580 A1392580 A1392580 A1392580 A1392580 A11947740 A11947740 A11947740 A11962500 A1497280 A15928540 A	The second seco
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001924 0,00013227 0,001402 0,0000974 0,00001332 0,00037846 0,0137002 0,00114292 0,00114292 0,00114292 0,00012133 0,010247639 0,000247649 0,000247650000000000000000	267982.3 at 266324 at 266324 at 266324 at 252888_at 252888_at 252888_at 256471 at 258066 at 258702_at 258066 at 268702_at 269066 at 269066 at 269066 at 269066 at 269066 at 2694966 at 2694966 at 265374 at 245356 st 265374 at 265356 at 265375 at 266753 at 2667553 at 2667553 at 266755555555555555555555555555555555555	A1592/160 A12946710 A13957010 A13957010 A1392580 A1392580 A1392580 A1392580 A1392580 A11928070 A119770 A1197710 A1197710 A11960810 A11960810 A11960810 A11960810 A15928540 A1592	The second seco
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001322 0,001402 0,0001327 0,001402 0,0001327 0,0013202 0,0001329 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,000247639 0,000768 0,000776 0,000768 0,000776 0,0007776 0,0007777 0,0007777 0,0007777777777	267382.3 at 266324 at 266324 at 25688 at 252888 at 252888 at 256441 at 257820 at 25806 at 258702 at 258702 at 260081 at 260081 at 261740 at 266496 at 266496 at 245324 at 245356 s.at 245356 s.at 253374 at 253374 at 253374 at 264366 at 261203 at 26120040 at 261200 at 26120	A15946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13925800 A13925860 A13925860 A13925860 A1392700 A11978170 A11978170 A11978170 A11962810 A15908260 A15908260 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A159285650 A15948300 A15948300 A15947200	Typotiatica protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) putative ac GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate adenylyltransferase unknown protein .supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase LTA2; dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein imilar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative protein-rich cell wall protein (plr]IS52985) lactate dehydrogenase (LDH1) supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2: ATP binding scpl35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein ; supported by cDNA: gl. 15982924, gb. AV057570.1_ hypothetical protein supported by full-length cDNA: Ceres: 5848. Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 3526. putative protein similar to unknown protein (gb]CAB16809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gb]CAB16809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gb]CAB16809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150.
2,06 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,0012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,000411 0,00247639 0,00024794 0,0013024 0,0013024 0,0013024 0,0013202 0,00733275 0,0000788 0,000783275	207982.3.41 2066324 at 2066324 at 2066324 at 20688 at 20688 at 20688 at 20688 at 20688 at 20688 at 20686 at 20698 at 206988 at 20698 at 206988 at 20698 at 206988 at 2069888 at 2069888 at 2069888 at 2069888 at 2069888 at 2	A15946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1392680 A11928070 A1192700 A1192700 A1497700 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928560 A15928560 A15948500 A15948500 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200	The set of
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001924 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,00114292 0,0012425 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,00078 0,00078 0,00078 0,000078 0,000078 0,000078 0,000078 0,000078 0,0000078 0,0000000000	207982.3 at 266324 at 25668 at 25688 at 256841 at 257820 at 258986 at 258966 at 2589702 at 2689702 at 269702 at 269703 at 269704 at 269704 at 269704 at 269704 at 269704 at 269704 at 269704 at 269704 at 269704 at 2697	A15946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A11947740 A11947740 A11962500 A1492500 A1492500 A1492500 A1492500 A1492190 A15928560 A15948500 A15948500 A15947200 A15907460 A1590740 A15	Inspondence protein services of the service of the
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001402 0,0001332 0,001327 0,001327 0,001332 0,00037846 0,0137002 0,00114292 0,0001243 0,0012425 0,00024794 0,00024794 0,0002474539 0,00024784 0,000247839 0,00024784 0,00024784 0,000247839 0,00024784 0,0002784 0,00024784 0,000220 0,00024784 0,000220 0,000248250 0,0002205500000000000000000000000000	257982.3 at 2566324 at 256686 at 252688 at 252688 at 255886 at 258086 at 258066 at 258702 at 259583 at 260081 at 263740 at 263742 at 264916 at 263482 at 264916 at 263482 at 264916 at 265177 at 255374 at 255374 at 255374 at 255374 at 255374 at 255374 at 255374 at 266735 at 266735 at 266735 at 266735 at 26735 at 26775 at 26775 at 26775 at 27757 at 277577 at 277577 at 277577 at 2775777 at 2775777 at 27757777	A15946710 A12946710 A13957010 A13957010 A1392520 A13925860 A13925860 A13925860 A11928700 A1197740 A1197740 A1197740 A11962500 A1497740 A15908260 A1493140 A15965650 A15965650 A15948500 A1597460 A1590740 A1590740	In putative proteins productory generative putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) Putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) Putative protein sisupported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FKS06 binding / peptidyl-protyl cis-trans isomerase ITA2; ditydrolipoyllysine-residue acetylyttransferase ITA2; ditydrolipoyllysine-residue acetylyttransferase ItA2; ditydrolipoyllysine-residue acetylyttransferase Itypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein similar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative of DSL-motif Ipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA2; ATP citrate synthase putative protein-rich cell wall protein (pir]IS52985) Iactate dehydrogenase (LDH1): supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2; ATP binding SpJ35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_15882924_gb_AY057570.1_ hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 13526. putative protein similar to unknown protein (per)[AD8294_gb_AY057570.1_ hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_15450060 gb_AY052671.1_ putative protein similar to unknown protein (pir)[AD28645.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (pir)[AD28645.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. Putative protein similar to unknown protein (pir)[AD28645.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group of donors analyrin-like protein POSIBLE APOSPORY-ASSOCIATED PROTEINC - Pennisetum ciliare (Buffelgrass) 405 divsomal protein fobsomal protein S21, cytosolic - Oryza sativa, PIR:S38367
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,04 2,04 2,04 2,04 2,04 2,04 2,04 2,04	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001402 0,0001332 0,001402 0,00037846 0,0137002 0,00114292 0,0001539 0,00012133 0,01162477 0,00024794 0,00024794 0,00024794 0,00024794 0,00024794 0,00024794 0,00024794 0,00024793 0,00024794 0,0002305 0,0002305 0,0002305 0,0002305 0,0002305	257982.3 at 2566324 at 25668 at 25688 at 256841 at 257820 at 258086 at 258086 at 258066 at 258702 at 260081 at 260081 at 263482 at 264916 at 263482 at 264916 at 263482 at 264916 at 265975 at 250577 at 250577 at 250573 at 245324 at 266373 at 26735 at 247505 at 247505 at 247505 at 247505 at 247505 at 250761	A15946710 A12946710 A13957010 A13957010 A1392520 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A11947740 A11978170 A11978170 A11978170 A11962500 A1497260 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A1592850 A1594720	The second seco
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001402 0,0001327 0,001402 0,0001329 0,0001329 0,00013202 0,00114220 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,0001247639 0,00024763 0,00024763 0,00013202 0,00793275 0,00013202 0,007848 0,000485726 0,000485726 0,000485726 0,00023055 0,0023055 0,0023055 0,0023558	257982.3.4 266324_at 266324_at 256484_at 257888_at 255288_at 255288_at 255288_at 2552641_at 2559702_at 258906_at 2589702_at 2589702_at 2589702_at 2664916_at 2664916_at 265474_at 265374_at 265374_at 265374_at 265374_at 265374_at 265374_at 265374_at 265374_at 266735_at 247150_at 266735_at 247150_at 266735_at 248985_at 248985_at 248985_at 248926_at 255976_at 255	A1592/160 A12946710 A13957010 A13957010 A1392580 A1392580 A1392580 A1392580 A1392580 A11928070 A1197710 A1197710 A1197710 A1197710 A11962500 A15908260 A15908260 A15908260 A15908260 A1594500 A15947200 A15947	In putative proteins predicted by generative putative arc GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate adenylytransferase unknown protein :supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase LT22; dihydrofipolylisine-residue acetylytransferase LT22; dihydrofipolylisine-residue acetylytransferase unknown protein hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein unknown protein unknown protein putative protein unknown protein Subase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative protein-(ell wall protein (pir)IS52985) actate dehydrogenase (LDH1); supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2; ATP binding scpl35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 13526. putative protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 3526. putative protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 3526. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB609.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 13526. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB609.6), supported by full-length cDNA: Ceres: 13526. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB609.6), supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB26804.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB26805.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB26805.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB26805.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB26805.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein sillar to unknown protein (ell/CAB26805.1); supported by full-
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001924 0,0001322 0,001327 0,001327 0,001329 0,0001329 0,0001329 0,0001242 0,00012422 0,0005643 0,00012133 0,00012133 0,0001247639 0,00024784 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000245726 0,00003055 0,00023055	267982.3 at 266324 at 266324 at 25668 at 25688 at 257820 at 257820 at 257820 at 257820 at 257820 at 258066 at 267702 at 26740 at 26740 at 26740 at 26740 at 26740 at 26740 at 26740 at 26740 at 26740 at 26756 at 26775 at 26775 at 26775 at 26775 at 267761 at 267761 at 257371 at 267761 at 257371 at 267761 at 257371 at 267761 at 257371 at 267761 at 257371 at 257371 at 267761 at 257371 at 267761 at 257371 at 257371 at 257371 at 267761 at 257371 at 257371 at 257371 at 257371 at 267761 at 257371 at 257371 at 257371 at 257371 at 257371 at 257371 at 267761 at 257371 at 257	A15946710 A12946710 A13957010 A13957010 A139257010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A11928070 A1192870 A1192870 A1192870 A1192870 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15924560 A15947200 A1594740 A11928580 A1594545454545454545454545454545454545454	In putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) putative ac GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) Putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) Putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) Putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) Putative protein supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase LTA2: dhydrolipoyllysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein in lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative protein-eric cell wall protein (pir)[S52985) lactate dehydrogenase (LDH1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2: ATP binding scpl35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_1582924_gb_AY057570.1_ hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_15450606_gb_AY052671.1_ putative protein similar to unknown protein (gb]AAD28645.1);supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gb]AAD28645.1);supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gb]AAD28645.1);supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gb]AAD28645.1);supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group of donors ankyrin-like protein SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group of donors ankyrin-like protein SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group o
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001924 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,0012425 0,0012425 0,00024784 0,00024783 0,0002478 0,00002478 0,0002025 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002478 0,0002035 0,0002035 0,0002035 0,0002035 0,0002035 0,0002708 0,000270	257982.3 at 2566324 at 256682 at 256843 at 257820 at 257820 at 257820 at 258066 at 258702 at 258702 at 269583 at 260081 at 26740 at 269583 at 260081 at 261740 at 269583 at 260384 at 269585 at 269585 at 269585 at 269585 at 269585 at 269585 at 269585 at 269585 at 261203 at 269575 at 261203 at 2612	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13926700 A11978170 A11960810 A11960810 A11962500 A1497200 A1492500 A1492190 A15928500 A15945200 A1594720 A1594740 A1594740 A1594740 A1594740 A15947	In putative proteins predicted by geneticities of the set of the s
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001924 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,00114292 0,00012133 0,00021734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024735 0,0002455 0,0002455 0,0002455 0,0002455 0,0002455 0,000275 0,0002455 0,000205 0,0002455 0,000205 0,0002455 0,000205 0,0000000000	257982.3 at 2566324 at 2566824 at 256883 at 252688 at 252888 at 258066 at 2580702 at 2580702 at 2580702 at 2650702 at 2650702 at 2650702 at 2650702 at 2650702 at 2650702 at 2650702 at 2650702 at 2650702 at 25050702 at 25050701 at 250507000000000000000000000000000000000	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1392680 A1198770 A1198770 A1198770 A1198770 A11962500 A1497740 A15928540 A15928540 A159285650 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A1594740 A1592850 A15947200 A1594740 A1592850 A15947200 A1594740 A1592850 A15947200 A15927460 A15924560 A12924560 A12924560 A1292450 A129220 A1292450 A129220 A12920 A129220 A129220 A129220 A129220 A129220 A129220 A129220 A129220 A129220 A129	In putative proteines productory generative protein putative arc GTPase activating protein putative arc GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate adenylytransferase unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-protyl cis-trans isomerase LTA2; dhydrolipoylysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein ismillar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDS-motif [page/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA2; ATP citrate synthase putative GDS-motif [page/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA2; ATP binding scpl35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2; ATP binding scpl35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein ; supported by tull-length cDNA: Ceres:1326. putative protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:1326. putative protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:1326. putative protein simular to unknown protein (gb)AAD28645.1); supported by full-length cDNA: Ceres:118150. putative protein simular to unknown protein (gb)AAD28645.1); supported by full-length cDNA: Ceres:118150. putative protein similar to unknown protein (gb)AAD28645.1); supported by full-length cDNA: Ceres:118150. putative protein similar to unknown protein (gb)AAD28645.1); supported by full-length cDNA: Ceres:118150. putative protein SILE APOSPORY-ASSOCIATED PROTEIN C - Pennisetum ciliare (Buffelgrass) 40S ribosomal protein S21 homolog ribosomal protein S21, cytosolic - Oryza sativa, PIR:S38357 hypothetical protein S11 homolog ribosomal protein S21, cytosolic - Oryza sativa, PIR:S38357 hypothetical protein POSIBLE APOSPORY-ASSOCIATED PROTEIN C - Pennisetum ciliare (Buffelgrass) 40S ribosomal protein S11
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001402 0,0001327 0,001402 0,000374 0,00037846 0,0137002 0,00114292 0,0001243 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024783 0,00024784 0,00024783 0,000248526 0,0002788 0,00028555 0,00027089 0,00114326 0,0003804 0,000509 0,00114326	257982.3 at 2566324 at 2566824 at 256888 at 255888 at 255888 at 255886 at 255806 at 258906 at 258906 at 269702 at 269906 at 269702 at 269906 at 26	A15946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A1392520 A13925860 A13925860 A13925860 A11928770 A1197740 A1197740 A11962500 A1497740 A15908260 A14977260 A14922190 A14922190 A15965650 A15948500 A1597480 A15965650 A1597480 A15965650 A1597480 A1597480 A15967480 A1597480 A1597480 A1597480 A1597480 A15967480 A15974740 A15974740 A15974740 A15974740 A15974740 A15974740 A159	In putative proteins productory generative protein putative ac GTPase activating protein protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate adenylytransferase advisating and the adenylytransferase advisating and the protein supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-protyl cis-trans isomerase advisation protein isomerase advisating and the protein advisation
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001402 0,0001327 0,001402 0,0001327 0,001402 0,0001337 0,001337 0,001337 0,001429 0,00012133 0,0012473 0,00024794 0,00024794 0,00024794 0,00024793 0,000788 0,00078255 0,000788 0,000788 0,000788 0,000788 0,0003054 0,000305 0,00035 0,00005 0,00005 0,000	257982.3 at 2566324 at 2566824 at 256888 at 2568441 at 257820 at 258086 at 258086 at 258702 at 258086 at 268702 at 268081 at 260081 at 260081 at 261740 at 263482 at 264916 at 263482 at 264916 at 265677 at 255374 at 255374 at 265673 at 266735 at 266735 at 267751 at 267791 at 266793 at 266793 at 2567791 at 266793 at 266793 at 266793 at 266793 at 266793 at 267791 at 266793 at 266791 at 266791 at 266793 at 266793 at 266793 at 266791 at 266791 at 265791 at	A15946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925800 A13925860 A13925860 A13925860 A11947740 A11978170 A11978170 A11978170 A11962500 A1497740 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A1594760 A15947200 A1594740 A1594720	In protectica protection productory generative protection productory generative protection strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) putative ac GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose 1-phosphate ademylytransferase unknown protein :supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-protyl cis-trans isomerase LTA2; dihydroippylysine-residue acetylytransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein infnown protein hypothetical protein similar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative of DSL-motif Ilpase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative proline-rich cell wall protein (pir)[S52985) lactate dehydrogenase (LDH1) :supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2; ATP binding SpJ35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein : supported by cDNA: gj _15450606 gb, AY057670.1_ hypothetical protein : supported by CDNA: gj _15450606 gb, AY052671.1_ putative petien similar to unknown protein (gb)[AD228484. Expressed protein : supported by CDNA: gj _15450606 gb, AY052671.1_ putative protein similar to unknown protein (gb)[AD28464.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gb)[AD28464.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gb)[AD28464.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group of donors ankyrin-like protein putative protein aprodiced by genecan+supported by full-length cDNA: Ceres: 14816. ATRAB1A; GTP binding PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group of donors ankyrin-like protein putative protein predicted by genecan+supported by full-length cDNA: Ceres: 404
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,0011327 0,001132 0,0001327 0,001132 0,0001327 0,000132 0,000132 0,0001242 0,0005564 0,00112132 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00024764 0,00024764 0,00024764 0,00024764 0,00024764 0,00024763 0,00024764 0,00024763 0,0002465726 0,00023055 0,00023055 0,00023056 0,0003048 0,00066595 0,0003048 0,00066595 0,0003048 0,0015198 0,01326264 0,0002356	267982.3 at 266324 at 266324 at 25668 at 25688 at 257820. at 267920. at 2679200. at 26792000. at 2679200. at 2679200. at 267920000000000000000	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1392680 A11928070 A1192870 A119270 A11947740 A12903980 A11928740 A13928740 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A1594500 A1594720 A1394780 A1192850 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A13948060	Typotiatical proteins productory generative putative rac GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) PAL3; glucose 1-phosphate adem/yltransferase unknown protein .supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase LTA2: dhydrolipoyllysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein in predicted by genefinder hypothetical protein in genetic protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative goSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP cirate synthase putative protein -rix orall wall protein (pir]IS52985) lacatar dehydrogenase (LDH1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2: ATP binding scri35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein ; supported by cDNA: gl : 158/2924, gb _AY057670.1 putative protein similar to unknown protein (gbl/AAD28645.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gbl/AAD28645.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (gbl/AAD28645.1); supported
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,0012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,0002476 0,000256 0,000256 0,0005659 0,000559 0,000559 0,000559 0,000	2079823 at 2266324 at 2266324 at 2266324 at 25688 at 2568411 at 257820 at 258086 at 258066 at 258702 at 269583 at 260081 at 26740 at 269583 at 260081 at 266342 at 266342 at 2663474 at 2663476 at 266377 at 266366 at 26735 at 26735 at 26735 at 26735 at 26735 at 26761 at 250671 at 250673 at 267761 at 250673 at 26761 at 250761 at 256063 at 267791 at 266303 at 266793 at 266703 at 266703 at 26761 at 256063 at 267791 at 266303 at 266791 at 266503 at 266791 at 266503 at 266791 at 266503 at 267591 at 267591 at 266503 at 267591 at 257514 at 257517 at 257514 at 257514 at 257514 at 257514 at 257517 at 257514 at 257517 at 257514 at 257517 at 257514 at 257517 at 2575177 at 2575177 at 2575177 at 257517	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1392680 A11928070 A1192870 A119270 A119270 A119270 A1192500 A1497200 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928560 A15948500 A15945	In protectical protection spectrates of periodic and peri
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001924 0,0001924 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,00114292 0,0012425 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024735 0,00024734 0,00024735 0,00023055 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,0002659 0,0015188 0,000659 0,0015188 0,0002056	207982.3 at 2266324 at 2266324 at 25668 at 252688 at 252688 at 252888 at 258066 at 258702 at 2580702 at 2650702 at 2650701 at 265070	A139246710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A11928070 A1192870 A1192870 A1192870 A1192870 A1192870 A1192850 A1492190 A1492190 A1492190 A1592850 A15948500 A15948500 A15948500 A15948500 A1594780 A15928560 A1594780 A15924560 A159245	Intervention of the second sec
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,00114292 0,00114292 0,00114292 0,00114292 0,00012133 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024783 0,00024784 0,00024783 0,00024784 0,00024783 0,00024855 0,000248558 0,00027089 0,0015198 0,0003046 0,0002055 0,0002055 0,0003046 0,0002659 0,0105198 0,0002056 0,0002235	257982.3 at 2566324 at 2566824 at 256686 at 252888 at 255288 at 255288 at 255286 at 255286 at 2559583 at 2650702 at 2659702 at 26597	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A11947740 A11960810 A11960810 A11960810 A1196200 A1497740 A15908260 A14933140 A1592850 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A1594780 A1394610 A1395880 A1394780 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A1395810 A139478	Intervention of the second sec
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001327 0,0011324 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,000132 0,001327 0,000132 0,00114292 0,0001243 0,00024784 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,00024784 0,000247639 0,00024783 0,0000788 0,00000059 0,0015182 0,00020456 0,0002243 0,00022452 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,0002245 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,000224 0,0000224 0,0000224 0,0000224 0,0000224 0,0000224 0,0000224 0,0000224 0,0000224 0,0000000000	201982.34 2266324 at 2266324 at 256686 at 252688 at 252688 at 258086 at 258086 at 258086 at 268702 at 269081 at 269081 at 260081 at 261740 at 263482 at 264916 at 265177 at 263482 at 264916 at 265177 at 265374 at 253374 at 253374 at 253374 at 253374 at 253374 at 266735 at 267735 at 267735 at 267735 at 267735 at 250761 at 251921 at 251925 at 261731 at 251925 at 261731 at 251925 at 261731 at 251925 at 261731 at 251925 at 261731 at 251925 at 261731 at 251926 at 261731 at 2617	Al3946710 Al2946710 Al3957010 Al3957010 Al3957010 Al392580 Al392520 Al392580 Al1928070 Al1928070 Al197740 Al197740 Al197740 Al1962500 Al497740 Al1962500 Al497740 Al5908260 Al493140 Al5908260 Al493140 Al596560 Al5948500 Al5948500 Al5947200 Al5948500 Al5948500 Al594740 Al596660 Al5948500 Al597460 Al597460 Al596650 Al39610 Al597460 Al597760 Al597760 Al597760 Al597760 Al59777777777777777777777777777777777777	nypotiativa protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) putative rac GTPase activating protein PAL3; glucose 1-phosphate adenylytransferase unknown protein : supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FK506 binding / peptidyl-prolyt cis-trans isomerase LTA2; dhydrolipoylysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein in predicted by genefinder hypothetical protein in a unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative GDSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative robit in a protein (pri/[S52985) lactate dehydrogenase (LDH1) : supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP: ATP binding scpl35 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein : supported by cDNA: gl : 15962244 gb : AV05770.1_ hypothetical protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 5326. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB168009.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB168009.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB168009.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB168009.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB168009.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118160. ATRAB14; GTP binding PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group of donors ankyrin-like protein Protein S21 homolog ribosomal protein S21, cytosolic - Oryza sativa, PIR:S38357 hypothetical protein predicted by genscar+.supported by full-length cDNA: Ceres:98961. lipase, putative cortein S21 homolog ribosomal protein S21, cytosolic - Oryz
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001322 0,0001322 0,001322 0,001322 0,001322 0,001322 0,001322 0,001320 0,0013202 0,0013202 0,0013202 0,0012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,00023055 0,0023055 0,0023055 0,0023055 0,0023055 0,0023055 0,0023055 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,0007089 0,000703848 0,0007089 0,0015186 0,00023055 0,00023055 0,00023055 0,000302855 0,00023055 0,000302855 0,000302855 0,000302855 0,000302855 0,000302855 0,000302855 0,00023057 0,000302855 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,00026595 0,0002655 0,0002655 0,0002655 0,0002655 0,0002655 0,0002655 0,0002655 0,0002655 0,0002655 0,00026 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,0000005 0,0000005 0,0000005 0,00000000	267982.3 at 266324 at 2566324 at 25668 at 25688 at 256880 at 257820 at 257820 at 257820 at 257820 at 257820 at 257820 at 267920 at 26792	Al3g46710 Al2g46710 Al3g57010 Al3g57010 Al3g57010 Al3g25860 Al3g25860 Al3g25860 Al3g25860 Al1g28070 Al1g28070 Al1g2870 Al1g2870 Al1g2870 Al1g2870 Al1g2870 Al1g60810 Al1g60810 Al1g62500 Al4g17260 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g47200 Al5g47200 Al5g47200 Al5g47200 Al5g47200 Al5g47200 Al5g47200 Al5g47200 Al5g48500 Al3g14740 Al1g28450 Al5g28750 Al3g48750 Al3g49790 Al3g49790 Al3g49790 Al3g49790 Al3g49790 Al3g49790 Al3g49790 Al3g4666 Al2g2160 Al3g49790 Al3g49790 Al3g22160 Al2g22050 Al4g2050 Al2g2050 Al4g20050 Al4g15910 Al5g0250	 Typotiatica protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) Putative rac GTPase activating protein Putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) PL3; glucose 1-phosphate adem/yltransferase LTA2: dhydrolipoyllysine-residue acetyltransferase LTA2: dhydrolipoyllysine-residue acetyltransferase LTA2: dhydrolipoyllysine-residue acetyltransferase LTA2: dhydrolipoyllysine-residue acetyltransferase Hypothetical protein predicted by genefinder Hypothetical protein in predicted by genefinder Hypothetical protein in all protein (br]lS52985) Iactate dehydrogenase (LDH1) supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BlP2: ATP binding scpl35 (serine carboxypeptidase-like 35): serine-type carboxypeptidase Hypothetical protein : supported by cDNA: gl 15982924, gb AV057570.1
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,0012133 0,00012133 0,00012133 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,00024763 0,000245726 0,0004575 0,000255 0,000255 0,000255 0,000255 0,000255 0,000255 0,000555 0,0002243 0,000555 0,0002243 0,0002255 0,0002255 0,0002255 0,000255 0,000225 0,000225 0,000255 0,000225 0,000225 0,000255 0,000225 0,000225 0,000225 0,000255 0,000225 0,000225 0,000255 0,000225 0,000255 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00025 0,00055 0,0005 0,	207982.34 2266324 at 2266324 at 2266824 at 2576820 at 257820 at 257820 at 257820 at 257820 at 257820 at 267820 at 26789 at 26781 at 26791 at	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1492700 A1492700 A1492500 A1492500 A1492500 A1492500 A1492500 A1492500 A1492500 A1492500 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15928540 A15945000 A15945000 A15947200 A15945000 A15945000 A15947200 A15945000 A15945000 A1594500 A1594	Injointoise proteins and proteins of the second sec
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,00114292 0,0012425 0,0002473 0,000255 0,002655 0,002655 0,002655 0,0006559 0,0015138 0,0006559 0,0006559 0,000255 0,0002655 0,00027028 0,0002655 0,0002655 0,0002655 0,00027028 0,0002655 0,0002655 0,0002732 0,0002655 0,0002655 0,0002732 0,0002655 0,0002732 0,0002655 0,0002732 0,0002636 0,0002433 0,0002433 0,0002433 0,0002433 0,0002433 0,0002433 0,0002433 0,0007433 0,0007433 0,0007433 0,000743 0,000743 0,000743 0,000743 0,000743 0,000743 0,000743 0,000247 0,000247 0,000247 0,000555 0,00025 0,00025 0,00025 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,00005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,000005 0,0000005 0,00000000	257982.3 at 2568324 at 256682 at 256868 at 2568411 at 257820 at 258086 at 258096 at 258702 at 268702 at 268703 at 268703 at 268703 at 268703 at 268703 at 268703 at 268703 at 268703 at 268739 at 268737 at 268729 at 269729 at 26	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A11928070 A1192870 A1192870 A1192870 A1192870 A11928500 A1492190 A14923140 A15928500 A1594720 A1395750 A1394600 A1394600 A1394570 A1394600 A1594730 A1595730 A159730 A15910120 A15910120 A15910120 A15910120 A15910120 A15910120 A15910120 A15910120	Inspontational proteins and proteins (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) putative rac GTPase activating protein Putative protein stirctosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3: glucose-1-phosphate adenylytransferase unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres:3056. FKBP15-1; FKS06 binding / pepidyl-protytic (si-trans isomerase LTA2: dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein impredicted by genefinder hypothetical protein imilar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSL-motif lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA-2; ATP citrate synthase putative profine-rich cell wall protein (pir][S52985) lactate dehydrogenase (LDH1): supported by full-length cDNA: Ceres:33509. lactate dehydrogenase (LDH1): supported by full-length cDNA: Ceres:33509. lactate dehydrogenase (LDH1): supported by full-length cDNA: Ceres:3509. BIP2; ATP binding scpl35 (serine carboxypepidase-like 35); serine-type carboxypepidase hypothetical protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 13526. putative protein simported by full-length cDNA: Ceres: 13526. putative protein simplar to unknown protein (emb[CAB16809.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (emb[CAB16809.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (emb[CAB16809.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (emb[CAB16809.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (emb[CAB16809.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (emb[CAB16809.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (emb[CAB16809.1]; supported by full-length cDNA: Ceres: 328357 hypothetical protein predicted by genecan-supporte
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,00114292 0,0012425 0,00024734 0,00024734 0,00024734 0,00024745 0,00024734 0,00024745 0,00024745 0,00024745 0,00024745 0,00024745 0,00024745 0,0002478 0,000248 0,000248 0,0004055 0,00028056 0,0003804 0,0002056 0,00028056 0,0002036 0,0002432 0,0002438 0,000243 0,000243 0,000243 0,000243 0,000243 0,000243 0,000243 0,0003384 0,000243 0,000243 0,000243 0,0003384 0,000243 0,000243 0,0003384 0,000243 0,0003384 0,000243 0,0003384 0,000243 0,0003384 0,000243 0,0003384 0,000243 0,0003383 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729727 0,0003384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,000384 0,000729 0,0007	257923.at 256324 at 25668 at 25668 at 256841 at 257820 at 25898 at 258966 at 258702 at 258966 at 268702 at 269583 at 260081 at 26740 at 269583 at 260081 at 261740 at 263482 at 265174 at 263482 at 265171 at 253374 at 253374 at 253374 at 253374 at 253376 at 253374 at 253376 at 253374 at 253374 at 253376 at 253374 at 25339 at 25533 at 25534 at 255343 at 2554343 at 255443 at 255443 at 255443 at 25544343 at 25544343 at 255443443 at	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1392700 A1198770 A1198770 A1198770 A1198770 A1198770 A1198770 A1198770 A1198770 A1198800 A1492190 A1492190 A15947200 A1395110 A1395110 A1395110 A1395110 A15957330 A159575730 A1595757757757757757757757775777577777777	Insponsous process process of the second sec
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,05 2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,00114292 0,00114292 0,00114292 0,0001243 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024784 0,00024783 0,00024784 0,00024783 0,00024784 0,00024783 0,000788258 0,000248576 0,0000788 0,0002855 0,0002855 0,0002805695 0,0003804 0,00026595 0,000280767 0,000280767 0,000280767 0,0002243 0,0002243 0,0002243 0,0002243 0,0002243 0,0002243 0,00024855 0,0003384 0,0002243 0,00024855 0,0003384 0,0002483 0,0002483 0,0002483 0,0002483 0,0002483 0,0002481 0,00024813	257982.3 at 256324 at 25668 at 25668 at 25688 at 25688 at 257820 at 258986 at 258986 at 258966 at 2589702 at 269916 at 269702 at 269916 at 269916 at 269916 at 263482 at 269916 at 263482 at 269916 at 263374 at 26339 at 266735 at 26773 at 26779 at 26792 at 26339 at 265933 at 26792 at 26339 at 265933 at 26792 at 26339 at 265939 at 265920 at 2659200 at 26592	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A11947740 A11960810 A11960810 A11960810 A11960810 A11960810 A11960810 A11962800 A1497740 A15908260 A14933140 A1592850 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A15947200 A1594780 A1394580 A1394580 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394780 A1394670 A1394780 A	Inputative race GTPase activating protein putative race GTPase activating protein putative protein stinctosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose1-phosphate ademly/transferase unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres:3056. [KRBP151: FKS06 binding / peptidyl-poyl oli-strans isomerase LTA2; dhydrolipoyllysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein similar to unknown protein GB AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDS1-modf lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00057 ACLA2; ATP Lintal gynthase putative gols2modf lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00057 ACLA2; ATP Lintal gynthase putative groline-rich cell wall protein (prif[SS2985) lactate dehydrogenase (LDH1); supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2; ATP binding Str36 (serine carboxypeptidase-like 35); serine-type carboxypeptidase hypothetical protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 13526. putative peclinesterase : supported by full-length cDNA: Ceres: 13526. putative peclinesterase : supported by full-length cDNA: Geres: 13526. putative peclinesterase : supported by full-length cDNA: Geres: 13526. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB f6809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB f6809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB f6809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB f6809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB f6809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein similar to unknown protein (mb)CAB f6809.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 118150. putative protein protein SPDPY-ASSOCIATED PROTEINC - Pennisetum clikare (Buffejgrass) 405 fbbosmain protein S2T homolog ribosomal protein S2T, cytosoli - Coryc
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001322 0,0001322 0,001322 0,001322 0,001322 0,001322 0,001322 0,001322 0,001320 0,0013202 0,0013202 0,0012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,00012133 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,000247639 0,0002485726 0,00023055 0,00282558 0,00282558 0,00282558 0,00023055 0,00023055 0,00023055 0,0002659 0,0002659 0,0002659 0,0002659 0,00002659 0,00002659 0,00002659 0,00000000000000000000000000000000000	257982.3 at 2566324 at 2566824 at 256686 at 2552888 at 2552888 at 2552888 at 2552888 at 2552868 at 2552868 at 2653702 at 2653702 at 2653702 at 2653704 at 265374 at 265374 at 265374 at 255374 at 2553744 at 2	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1392670 A11947740 A11947740 A11947740 A11947740 A11960810 A11962500 A14947740 A1592840 A1592840 A1592840 A1592840 A1592840 A1592840 A1592840 A1592840 A1592840 A15948500 A15948500 A1594720 A13947780 A1192850 A12947780 A1192850 A12947780	Inspecticular produced by protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) putative race GTPase activating protein putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3: glucosei -Fjokopshate adem/yltransferase unknown protein -supported by full-length CDNA: Ceres:3056. [FKBP15:1;FKS06 binding / peptidyl-poyl) clis-trans isomerase LTA2; divydrolipoyllysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein similar to unknown protein GB:AAD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative GDSL-motil lipase/hydrolase similar to APG proteins; pFAM domain PF00657 ACLA2; ATP Linding and the addition of the addit
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001322 0,0001322 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,000132 0,001327 0,0001242 0,0012133 0,0002478 0,000247639 0,0002465726 0,00026559 0,00026559 0,00026559 0,00026559 0,00026559 0,0002659 0,0002659 0,0002659 0,0002659 0,0002659 0,0002659 0,0002659 0,0002659 0,0002473 0,0002659 0,0002659 0,0002473 0,0002473 0,0002659 0,0002473 0,0002473 0,0002473 0,0002659 0,0002473 0,0002443 0,0002443 0,0002443 0,0002443 0,0002443 0,00	201982.34 2016324 at 2266324 at 2266324 at 2267820 at 225808 at 225953 at 226958 at 22559 at 22558 at 225578 at 225579 at 225579 at 225579 at 2255720 at 2255720 at 2255720 at 2257710 at 2257710 at 225795 at 225795 at 225795 at 257705 at 257705 at 257705 at 257868 at 257958 at 257705 at 257868 at 257958 at 257959 at 2579590 at 25795900	Al3g46710 Al2g46710 Al3g57010 Al3g57010 Al3g57010 Al3g25860 Al3g25860 Al3g25860 Al3g25860 Al3g25860 Al1g28070 Al1g2870 Al1g2870 Al1g2870 Al1g2870 Al1g2870 Al1g60810 Al1g62500 Al4g17260 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28540 Al5g28560 Al5g45200 Al5g45200 Al5g45200 Al5g45200 Al5g4560 Al5g45200 Al5g4560 Al5g4560 Al5g4560 Al5g45700 Al5g65650 Al5g4570 Al5g657330 Al5g64570 Al5g6060 Al3g2050 Al4g2060 Al4g2060 Al4g2060 Al5g600 Al1g74940	Inplative rac GTPase activating protein putative protein stinctosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment) APL3; glucose1-phosphate ademylytransferase unknown protein stupported by full-ength CDNA: Ceres:3056. [KRBP15.1; KSO6 binding / peptidyl-provid_is-trans isomerase LTA2; dhydrolipoyliysine-residue acetyltransferase hypothetical protein predicted by genefinder hypothetical protein similar to unknown protein GB:AD23672 GI:4567258 from [Arabidopsis thaliana] putative gold=-motif lipase/hydrolase similar to APC proteins; pFAM domain PO0667 ACLA-2; ATP cirate synthase putative protein-erich cell wall protein (pir]IS52985) lactate dehydrogenase (LDH1) supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2; ATP binding Cartate dehydrogenase (LDH1) supported by full-length cDNA: Ceres:33509. BIP2; ATP binding Cartate dehydrogenase (LDH1) supported by full-length cDNA: Ceres:3526. [Jutative protein: supported by full-length cDNA: Ceres: 13528. [Latve telptide] protein simported by full-length cDNA: Ceres: 13528. [Latve protein similar to unknown protein (mb[CAB16800.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 14816. [ATRAB1A; GTP binding PMSR14; GTP binding PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group of donors ankyrin-like protein putative protein similar to unknown protein (gb]AAD28645.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 14816. [ATRAB1A; GTP binding PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase, acting on sulfur group of donors ankyrin-like protein putative protein POSSIBLE APOSPORY-ASSOCIATED PROTEIN C - Pennisetum ciliare (Buffegrass) do5 rbosomal protein S21, cytosolic - Oryza sativa, PIRT:S3357 hypothetical protein predicted by genscan+supported by full-length cDNA: Ceres: 14816. [ATRAB4], GTP binding PMSR2 (PETIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2]; oxidoreductase, acting on sapiens CSY2 (cirtate synthase 2); ocin synthase putative protein PCARL 4, Arabidopsis thaliana, PATCH2: G871782 [Jutate works ontain a prophosphorylase 2]; inorgan
2,06 2,05 2,05 2,05 2,05 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06 2,06	0,00633939 0,02552818 0,0001324 0,0001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,001327 0,0012133 0,0012133 0,00024763 0,00247639 0,00247639 0,00247639 0,00247639 0,00247639 0,00247639 0,00739275 0,00024794 0,0002478 0,000248 0,000248 0,000248 0,000248 0,000485726 0,0002558 0,0008585 0,0008589 0,0014326 0,0006598 0,0014326 0,0002659 0,0008048 0,0002658 0,0002659 0,0008048 0,0002659 0,0002658 0,0002658 0,0002659 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,0002658 0,000243 0,000243 0,000243 0,000243 0,000248 0,000243 0,000248 0,000258 0,000248 0,000248 0,000248 0,000258 0,000248 0,000258 0,000248 0,000248 0,000248 0,000248 0,000248 0,000248 0,0000248 0,0000248 0,00000000000000000000000000000000000	201982.3 at 2266324 at 2266324 at 2266834 at 226888 at 225808 at 225808 at 225808 at 225808 at 225808 at 225808 at 225808 at 226800 at 2268702 at 2268702 at 266342 at 26634916 at 26634916 at 26634916 at 26634916 at 26634916 at 266356 at 266356 at 266356 at 266356 at 266356 at 266356 at 26756 at 266363 at 26761 at 2550571 at 266363 at 266761 at 2550571 at 266303 at 266761 at 255050 at 2667791 at 255050 at 266799 at 266503 at 266791 at 255141 at 255250 at 266503 at 265791 at 255250 at 25514 at 255251 at 255250 at 2652791 at 255250 at 255250 at 2652791 at 255250 at 255250 at 2652791 at 255250 at 255270 at 265270 at 265270 at 265270 at 265270 at 255371 at 266070 at 265270 at 255371 at 266070 at 265270 at 255371 at 260707 at 255365 at 267707 at 262466 at 267707 at 2624707 at 267707 at 262466 at 267707 at 26770707 at 267707 at 26770707 at 26770707 at 267	A13946710 A12946710 A13957010 A13957010 A13957010 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A13925860 A1392680 A11928070 A1192870 A119270 A119270 A119270 A11928500 A1492700 A15928540 A1592850	Inspectational and a second se

2	0,01668502	247835_at	At5g57910	putative protein similar to unknown protein (emb CAB79781.1);supported by full-length cDNA: Ceres:31005.
2	0,00660429	251231_at	At3g62760	ATGSTF13; glutathione transferase
2	0,003785	256964 at	At3q13520	AGP12 (ARABINOGALACTAN PROTEIN 12)
2	0.00080853	257244 at	At3g24240	receptor kinase, putative similar to CLV1 receptor kinase GB:AAB58929 from [Arabidopsis thaliana]
2	0.00796623	258087 at	At3g26060	ATPRX Q: antioxidant/ peroxiredoxin
2	0.00228794	259955 s at	At1g75080	RZPL/(RPASSINAZOI E.F.F.SISTANT 1): DNA binding / transcription regulator/ transcription repressor
2	0.00701200	200000_0_ut	At1 g90520	advisible protein among the tensor of the second se
2	0,00701299	200200_dt	At1960530	nodominike protein similar to hodine-specific protein Ni/70 GB.AAC39300 from (Lotus Japonicus)
2	0,01097044	200333_at	Al2941800	
2	0,00401668	260657_at	ALIG21880	LTIMI (LTSM DOMAIN GPLANCHORED PROTEIN I PRECORSOR)
2	0,00037292	263074_at	Al2g17560	HWGB4 (FIGH WOBILITY GROUP B 4); DNA binding / criomatin binding / structural constituent of chromatin
2	0,00210385	264052_at	At2g22330	CYP/9B3; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding
2	0,00145855	267008_at	At2g39350	putative ABC transporter
2	0,00078542	267151_at	At2g30970	ASP1 (ASPARTATE AMINOTRANSFERASE 1); L-aspartate:2-oxoglutarate aminotransferase
-2	0,00097316	247672_at	At5g60220	TET4 (TETRASPANIN4)
-2	0,0006026	248336_at	At5g52420	unknown protein ; supported by cDNA: gi_15146255_gb_AY049269.1_
-2	0,00321862	266072 at	At2q18700	ATTPS11; transferase, transferring glycosyl groups
-2,01	0,03273865	251882 at	At3q54140	PTR1 (PEPTIDE TRANSPORTER 1); dipeptide transporter/ transporter/ tripeptide transporter
-2.01	0.00464945	252092 at	At3q51420	SSL4 (STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 4): strictosidine synthase
-2.01	0.04034094	253672 at	At4g29820	CFIM-25
-2.01	0.01461976	253984 at	At4g26590	OPT5 (OLIGOPEPTIDE TRANSPORTER 5): gligopeptide transporter
-2.01	0.01297962	255255 at	At4q05070	coded for by A. thaliana cDNA T44741
-2.01	0.0362259	257333 at	cox1	cytochrome c oxidase subunit 1
-2.01	0.00868155	258026 at	At3rd19290	AREA (ARRE RINDING FACTOR 4): DNA binding / protein binding / transcription activator/ transcription factor
-2.01	0.00006145	258702 ot	At3g04640	hundhatical protein predicted by applications of the sub-sub-sub-sub-sub-sub-sub-sub-sub-sub-
-2.01	0.00084788	267321 at	At2g19320	hypothetical protein predicted by genetimed, supported by full rengin (DFA). Getes 6552.
-2.02	0,00504100	248558 at	At5g/0000	normace
2,02	0,00003324	240330_at	At3qE0930	CODA12 DM2 (COLD RECULATED 412 DLASMA MEMPRANE 2)
-2,02	0,00080078	202100_at	Al3930630	COR413-FWZ (COLD-REGULATED 413-FLASMA MEMORANE Z)
-2,02	0,00337949	262703_at	ALIG16510	putative auxin-induced protein similar to gb/D14414 indole-3-acetic acid induced protein from vigna radiata
-2,03	0,00173809	240901_at	Al5g04660	unknown protein
-2,03	0,00030926	246161_at	Al5g54290	cytochrome c biogenesis protein precursor (gp AAr 33369.1) ;supported by full-tength cDNA: Ceres:32771.
-2,03	0,03460632	∠53048_at	A14g3/560	ATCYX51 (C torginal existing registing registing in the second se
-2,03	0,01916201	261821_at	At1g11530	AT USAST (U-terminal cysteine residue is changed to a serine 1); protein disulfide isomerase
-2,03	0,03139298	266690_at	At2g19900	A I NAUP-ME1 (NAUP-malic enzyme 1); malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxylating) (NADP+)
-2,04	0,00035049	246463_at	At5g16970	AT-AER (alkenal reductase); 2-alkenal reductase
-2,04	0,04221219	247793_at	At5g58650	PSY1 (plant peptide containing sulfated tyrosine 1)
-2,04	0,01177257	255418_at	At4g03200	predicted protein of unknown function
-2,04	0,00126608	257216_at	At3g14990	4-methyl-5(b-hydroxyethyl)-thiazole monophosphate biosynthesis protein, putative similar to ThiJ [Escherichia coli]
-2,04	0,00474373	259275_at	At3g01060	unknown protin ;supported by full-length cDNA: Ceres:37425.
-2,05	0,00051553	246595_at	At5g14780	FDH (FORMATE DEHYDROGENASE); NAD or NADH binding / binding / catalytic/ cofactor binding / oxidoreductase
-2.05	0,01319133	250380 at	At5g11600	putative protein
-2,05	0,00323231	250627 at	At5g07360	putative amidase
-2.05	0,00083136	261135 at	At1g19610	PDF1.4
-2.05	0.03631806	261663 at	At1a18330	EPR1 (EARLY-PHYTOCHROME-RESPONSIVE1): DNA binding / transcription factor
-2.06	0.00004709	250476_at	At5g10140	El C (El OWERING LOCUS C): specific transcriptional representation factor
-2.06	0.00264531	256071 at	At1g13640	ubiquitin putative similar to ubiquitin GL10177083 from [Arabidonsis thaliana]
-2,00	0,00204001	250071_at	At1913040	uniquitati, parative similar to buquitati or. To moto more interconsistentiati and bu full length aDNA: Corco: 7072
-2,00	0,02909227	200909_at	At1g76080	unknown protein predicted by generinder, multiple est matches, supported by funderingth conva. Ceres. 7073.
-2,00	0,0130223	201751_dt	At1970000	by attriand practice dwo generation and appreciated
-2,06	0,00328914	205276_at	Al2g28400	hypothetical protein predicted by genscan and genemote
-2,06	0,0125183	267084_at	At2g41180	Unknown protein ; supported by CDNA: g_ 16323164_gp_AY057686.1_
-2,07	0,01172469	248311_at	At5g52570	BETA-OHASE 2 (BETA-CAROTENE HTDROXTLASE 2); carotene beta-ring hydroxylase
-2,08	0,00942381	246222_at	At4g36900	RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor
-2,08	0,01825782	24/1/2_at	At5g65550	anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransterase
-2,08	0,03542792	250465_at	AL5009990	ARDYERS (Elicitor peptide 5 precursor)
-2,08	0,00014914	230740_dt	Al5g05710	ALT HINKE PIOLEIN, Supported by full-length CDNA. Ceres. 192240.
-2,08	0,01463392	204910_5_dt	At5g55750	cysteme proteinase contains similarity to cysteme proteinase KD21A (mor protease) nom (Alabidopsis trialiana)
-2.09	0.00389427	249806 at	At5g23850	anatom protein contains similarity to unknown protein (emblCAB62012.1)
-2.00	0,00000427	251870 at	At3q54200	putative protein bind protein Nicetiana tabacum Dieter (cmp)/rad/265/supported by full-length cDNA: Cores:1678
-2,03	0,00021337	250001 at	At3d04800	burget being protein and protein, with the anscars supported by full-length cDVA. Ceres. 1070.
-2.00	0,00100113	250077_at	At1g76500	hypothetical protein resupported by general, apported by remining the one cores. 1200.
-2.00	0.00264170	262047_at	At1g80160	hyrothetical product an product aby the honger of her cores of the full length cDNA: Cores:21663
-2,09	0,00204179	202047_dt	At1960100	hybrine tical protein predicted by genemark initial, subported by full-hengin CDNA. Ceres.21003.
-2,03	0,00307040	200314_at	AtE a 27220	putative znicemiger protein (5-00x znic miger domain)
-2,1	0,01700101	240010_at	Al5g27220	putative protein megimi analogue, saccharomyces cerevisiae, Empl. Scinnarya.
-2,1	0,00109501	247343_at	Al5g01000	bive bit of potent - tike bive bit of the bi
-2,1	0,00028191	251300_at	Al3g61960	nypoinencial protein "supported by run-tength cDNA". Ceres:20356.
-2,1	0,01022092	252415_at	Al3g47340	ASIVI (GLUTAMINE-DEPENDENT ASPARAGINE STIVITASE 1); asparagine syntasse (glutamine-hydrolyzing)
-2,1	0,00173092	255625_at	At4g01120	GBF2 (G-BOX BINDING FACTOR 2); DNA binding / sequence-specific DNA binding / transcription factor
-2,11	0,00026378	250944_at	At5g03380	putative protein
-2,11	0,00431097	251306_at	At3g61260	putative DNA-binding protein DNA-binding protein (dbp) - Arabidopsis thaliana, EMBL:ATDNABP
-2,11	0,00426852	251620_at	At3g58060	putative protein hypothetical protein F12L6.11 - Arabidopsis thaliana, PIR:T00555
-2,11	0,00728315	258873_at	At3g03240	hypothetical protein similar to unknown protein GB:AAD21437 from F2H17
-2,11	0,00289111	262700_at	At1g76020	unknown protein
-2,11	0,00095296	264092_at	At1g79040	PSBR (photosystem II subunit R)
-2,12	0,00645268	245089_at	At2g45290	putative transketolase precursor ; supported by cDNA: gi_15982841_gb_AY057528.1_
-2,12	0,00459431	250340_at	At5g11840	putative protein predicted proteins in Synechococcus, Cyanophora and other organisms
-2,12	0,00026576	254013_at	At4g26050	putative leucine-rich-repeat protein leucine-rich-repeat protein - Helianthus annuus, PID:e120583
-2,12	0,01220327	259705_at	At1g77450	anac032 (Arabidopsis NAC domain containing protein 32); transcription factor
-2,12	0,00027761	260662_at	At1g19540	2-hydroxyisoflavone reductase, putative similar to PIR:T08106 from [Betula pendula]
-2,12	0,00070634	262118_at	At1g02850	BGLU11 (BETA GLUCOSIDASE 11); catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
-2,12	0,00137104	262290_at	At1g70985	Expressed protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 102374.
-2,13	0,00149714	245194_at	At1g67820	F12A21.5 similar to protein phosphatase 2C emb CAA72341.1
-2,13	0,0015539	247883_at	At5g57790	unknown protein
-2,13	0,00372203	259212_at	At3g09180	hypothetical protein predicted by genefinder; supported by full-length cDNA: Ceres: 119803.
-2,13	0,00154273	260272_at	At1g80570	F-box protein family, AtFBL14 contains similarity to F-box protein FBL2 GI:6063090 from [Homo sapiens]
-2,13	0,00030781	260917 at	At1g02700	unknown protein similar to hypothetical protein GB:CAB80707 GI:7268598 from [Arabidopsis thaliana]
-2,14	0,04482246	248086 at	At5g55490	GEX1 (GAMETE EXPRESSED PROTEIN 1)
-2,14	0,00207861	252395 at	At3g47950	AHA4; ATPase/ hydrogen-exporting ATPase, phosphorylative mechanism
-2,14	0,01071414	255787 at	At2g33590	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.37;supported by full-length cDNA: Ceres:11254.
-2.14	0,0298126	256518 at	At1a66080	hypothetical protein
-2.14	0,03753916	259012 at	At3q07360	PUB9 (PLANT U-BOX 9)
-2.14	0,00018715	262536 at	At1a17100	SOUL-like protein Similar to SOUL Protein [Mus musculus] (ail4886906) and [Homo saniens] (ail4886910)
-2.14	0.00497011	262635 at	At1006570	PDS1 (PHYTOENE DESATURATION 1): 4-bydroxyohenyloyruvate doxyoenase
-2.15	0.00241966	246299 at	At3q51810	EM1 (LATE EMBRYOGENESIS ABUNDANT 1)
-2.15	0.0069685	250281 at	At5a13240	putative protein prdeicted proteins. Schizosaccharomyces pombe
-2 15	0.00757189	259528 at	At1n12330	hypothetical protein
-2.16	0.00040179	249330 at	At5q40970	putative protein similar to unknown protein (emb CAB62355 1):supported by full-length cDNA: Ceres:94968
-2 17	0.00199454	245807 at	At1n46768	RAP2.1 (related to AP2.1): DNA binding / transcription factor
-2 17	0.00041128	247074 at	At5066590	putative protein contains similarity to pathogenesis-related protein supported by full-length cDNA: Cares:2152
-2 17	0.00028457	247280 at	At5g64260	EXL2 (EXORDIUM LIKE 2)
-2 17	0.01045947	254759 at	At4n13180	short-chain alcohol dehydrogenase like protein short-chain alcohol dehydrogenase -Picea ahies DIR2-S34678
-2 17	0.00334810	262379 at	At1n73020	hypothetical protection predicted by descent
-2.17	0.03641557	262569 at	At1a15180	hypothetical protein Strong similarity to gil4734005 F3L12.7 hypothetical protein from At BAC gblAC007178
-2.17	0.00195727	266034 at	At2q06005	FIP1 unknown protein
-2.17	0,00053318	267500 s at	At2a45510	CYP704A1; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxvaenase/ oxvaen binding
-2.18	0,00045858	248763 at	At5a47550	putative protein similar to unknown protein (pir/IH71431):supported by full-lenoth cDNA: Ceres:31680.
-2.18	0,00821198	255077 at	At4a09150	putative protein
-2.18	0,00033849	261711 at	At1g32700	unknown protein similar to hypothetical protein GB:AAF25968 GI:6714272 from [Arabidoosis thaliana]
-2,18	0,02212415	262164 at	At1g78070	unknown protein ; supported by cDNA: gi_13937194_gb_AF372951.1_AF372951
-2.19	0.00063734	258682 at	At3g08720	S6K2 (ARABIDOPSIS THALIANA SERINE/THREONINE PROTEIN KINASE 2); kinase/ protein kinase
	0,00000101			μ
-2,2	0,00011801	246289 at	At3g56880	putative protein predicted protein At2g41010 - Arabidopsis thaliana, EMBL:AC004261
-2,2	0,00011801 0,00521094	246289_at 248138_at	At3g56880 At5g54960	putative protein predicted protein At2g41010 - Arabidopsis thaliana, EMBL:AC004261 PDC2 (pyruvate decarboxylase-2); carboxy-lyase/ catalytic/ magnesium ion binding / pyruvate decarboxylase

-2,21 0,00027131 249532_at At5g38780 AtPP - like protein AtPP protein, Brassica napus, EMBL:BNA245479	0
-2,21 0,01331958 253177 s at At4q35150 O-methyltransferase - like protein caffeic acid O-methyltransferase, Pinus taeda,	qb:U39301
-2,21 0,01202602 253322_at At4g33980 putative protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:8161.	
-2,21 0,00155502 253358_at At4g32940 GAMMA-VPE (GAMMA VACUOLAR PROCESSING ENZYME); cysteine-type en	ndopeptidase
-2,21 0,01010616 254414_at At4g21320 HSA32 (HEAT-STRESS-ASSOCIATED 32); catalytic	
-2,21 0,00024164 266126_at A12945040 putative metalloproteinase; supported by cDNA: gg_3128476_gb_AF-V62640.1_/	AF062640
-2,22 0,0004471 258723 at A14902050 putative glutamater/asparater-binoing peptide similar to rait withertin/b-asparate	receptor glutamate-binding chain
-2.22 0.00461963 260005 at A11667920 unknown protein :supported by full-length cDNA: Ceres: 13102.	
-2.22 0.00103094 264941 at At1g60680 auxin-induced protein, putative similar to auxin-induced protein(atb2) GI:6562980) from [Arabidopsis thaliana]
-2,22 0,00789201 266689_at At2g19930 hypothetical protein predicted by genscan and genefinder	
-2,23 0,00745216 248193_at At5g54080 HGO (HOMOGENTISATE 1,2-DIOXYGENASE); homogentisate 1,2-dioxygenase	9
-2,23 0,0022712 257081_at At330460 RING zinc finger protein contains Pfam profile: PF00097 zinc finger, C3HC4 type	e (RING finger)
-2,23 0,009/7677 257122 at At3g20250 APUM5 (Arabidopsis Pumilio 5); RNA binding / binding	
-2,24 0,01011315 201342_at At3900390 putative protein 3x0x3xc1, atablopsis manana, FIK. 10004 -2,24 0,00410148 255192 at At1o30110 ATMIDX25 (ARABIDOPSIS THAI JANA MUDX HYDROI ASE HOMOLOG 25); b	nis(5-nucleosyl)-tetraphosphatase
-2.24 0.00168621 259149 at At3010340 PAL4 (Phenvialanine ammonia-lyase 4); ammonia ligase/ ammonia-lyase/ cataly	tic
-2,24 0,02293081 259432_at At1g01520 myb-related protein, putative similar to myb-related protein GI:2505876 from [Ara	bidopsis thaliana]
-2,24 0,01407747 263931_at At2g36220 unknown protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:12251.	
-2.25 0,0001379 262098_at A11g56170 NF-YC2 (NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT C2); DNA binding / transcription activ	vator/ transcription factor
-2,25 0,00568389 262250_at At1g48280 Expressed protein predicted by genscan+; supported by cUNA: gi_15983/92_gb.	_AY056802.1_
-2,25 0,0013030 203417_at Al220920 Unknown protein -2,26 0,00605583 250207_at Al5013930 TT4/TRANSPARENT TESTA 4): naringenin-chalcone synthese	
-2.26 0.00176448 262667 at At1g62810 amine oxidase, putative similar to amine oxidase GB:AAD49420 GI:5733089 [Ca	navalia lineata]
-2,27 0,00103721 255007_at At4g10020 AtHSD5 (hydroxysteroid dehydrogenase 5); binding / catalytic/ oxidoreductase	
-2,27 0,04222661 258984_at At3g08970 ATERDJ3A; oxidoreductase	
-2.27 0,0002299 261294_at A11g48430 dihydroxyacetone kinase, putative similar to GB:U09771 from [Citrobacter freund	iii]
-2.27 0,01129416 262185_at At1g77950 AGL67 (AGAMOUS-LIKE 67); transcription factor	
-2,26 0,00224044 244951=21 C00452 C/t000m0me c biogenesis 0n452	liana
-2.28 0.0000477 252962 at At438780 splicing factor like protein solicion factor Pro8. Homo sabiens AF092565	
2,29 0,00039866 25035 at At512030 AT-HSP17.6A (ARABIDOPSIS THALIANA HEAT SHOCK PROTEIN 17.6A); unfr	olded protein binding
-2,29 0,00031691 250611_at At5g07200 GA20OX3 YAP169; gibberellin 20-oxidase	
-2,29 0,00680331 256697_at At3g20660 At0CT4 (Arabidopsis thaliana ORGANIC CATION/CARNITINE TRANSPORTER	4); sugar
-2,29 U,U1199833 260014.at At1g68010 HPR; glycerate dehydrogenase/ poly(U) binding	
2,3 0,01270788 252005 447199.at At5gbs210 1GAT; UNA binding / calmodulin binding / transcription tactor	
-2.3 0.00109548 254722 at At413530 putative protein fire inclusion in the protein Arabitans interregicus, FIRZ-A014	DNA: Ceres: 112156.
-2,3 0,00133985 258141_at At3g18035 HON4; DNA binding	
-2,3 0,00103411 261803_at A11g30500 NF-YA7 (NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT A7); specific transcriptional repressor	r/ transcription factor
-2,31 0,01263705 253496_at At4g31870 ATGPX7 (glutathione peroxidase 7); glutathione peroxidase	
-2,32 0,01154797 250874_at At5g04010 putative protein	
-2.32 0,00893812 254833_s_at At4g12280 copper amine oxidase like protein (tragment2) copper amine oxidase - Cicer anet	tinum,PID:e1335964
-2.32 0.00541082 200551 at A1047900 Destactionereated protein, putative similar to destaction-related protein roll (C	naterostigina plantagineurij
-2.32 0.000775 261901 at A11g8020 J8: heat shock protein binding / unfolded protein binding	
-2,33 0,00010354 245555_at At4g15390 HSR201 like protein	
-2,33 0,00328565 252019_at At3g53040 late embryogenesis abundant protein - like late embryogenesis abundant protein,	, Arabidopsis thaliana, PIR:JC6171
-2,33 0,00134217 262499_at At1g21770 unknown protein EST gb]T41993 comes from this gene;supported by full-length of the second s	DNA: Ceres:97320.
-2.34 0,02805646 255818_at A12g33570 hypothetical protein predicted by genetinder and genscan;supported by full-length	h cDNA: Ceres:119054.
-2,34 0,0005705 236972_at At3g01920 inpotiencial protein predicted by genscart+	
The second se	
-2.35 0.0003453 249827 at At502330 unknown protein ; supported by full-length cDNA: Cefes: 103171.	
-2,05 0,00029120 240010_att Atogrados Explessed protein supported by full-length cDNA: Ceres:103171. -2,35 0,0002453 249827_att At5g23330 unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres:158431. -2,35 0,000272448 260025_att At1g30070 unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres:270659.	
-2,03 0,00029120 240010_att Atog10030 Expletesed protein supported by full-length cDNA: Ceres:103171. -2,35 0,0003453 249827_att At5g23330 unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres:158431. -2,35 0,000272448 260025_att At1g30070 unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres:270659. -2,35 0,00097735 261496_att At1g28360 ERF12 (ERF DOMAIN PROTEIN 12); DNA binding / transcription factor/ transcription	ption repressor
-2,05 0,00027120 240010_att Hug routers captessed protein supported by full-regit DNA: Ceres: 103171. -2,35 0,00027448 260025 att At15203070 unknown protein supported by full-regit DNA: Ceres: 158431. -2,35 0,000277448 260025 att At12030070 unknown protein supported by full-regit DNA: Ceres: 270659. -2,35 0,000277735 261496 att At1203806 ERF12 (ERF DOMAIN PROTEIN 12); DNA: briding / transcription factor/ transcription -2,35 0,00927735 261496 att At12023021 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor -2,35 0,01582791 267477 att At20202710 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor	ption repressor
2:30 0;00029120 240010_att Alog 10090 c.pitessed protein supported by full-regit DNA: Ceres: 103171. 2:35 0;00029143 249827 att Al5g23330 unknown protein supported by full-regit DNA: Ceres: 158431. 2:35 0;0003735 261496_att At1g203070 unknown protein supported by full-regit DNA: Ceres: 270659. 2:35 0;00097735 261496_att At1g203070 upothetic DNA: Deres: 103171. 2:35 0;001582791 267477_att At1g202710 PLPB (PAS/LOV PROTEIN 12); DNA binding / transcription factor/ transcription factor/ transcription factor/ transcription factor/ transcription factor/ transcription factor / transcription f	ption repressor
2:30 0;00029120 240010_at Atog10030 Expletised protein supported by full-regit DNA: Ceres: 103171. 2:35 0;0003453 249827, at Atfog23300 unknown protein supported by full-regit DNA: Ceres: 158431. -2:35 0;00097735 261496_at At1g30070 unknown protein supported by full-regit DNA: Ceres: 270659. -2:35 0;00097735 261496_at At1g20320 ERF12 (ERF DOMAIN PROTEIN 12); DNA binding / transcription factor/ transcr	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178.
2,35 0,00027120 240010_at Atog10030 Expletised protein supported by full-length CDNA: Ceres: 103171. -2,35 0,00027448 260025_at Atfog23300 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 56431. -2,35 0,000272448 260025_at At1g30070 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2,35 0,00097735 261496_at At1g28360 ERF12 (ERF DOMAIN PROTEIN 12); DNA binding / transcription factor/ transcriptice/ transcription factor/ transcription factor/ transcr	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178.
2,03 2,03<	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178.
2:30 0:00029120 240010_att Atog 10090 Expletesed protein supported by full-length CDNA: Ceres: 103171. 2:35 0:00029145 24987_att Atfsg23330 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 158431. 2:35 0:00039735 261496_att At1g203070 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. 2:35 0:00097735 261496_att At1g203070 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor 2:37 0:00558241 261065_att At1g20710 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor 2:38 0:00028353 256145_att At1g47500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm -2:38 0:00024024 261026_att At1g04870 lipid transfer protein predicted by genemark.hmm -2:38 0:000740234 261026_att At1g04870 lipid transfer protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: -2:38 0:000740234 261026_att At1g04370 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: -2:39 0:00005062 267336_att At1g213310 unknown pro	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178.
2,35 -2,00029120 240010_att -Risg10090 Expletesed protein supported by full-length CDNA: Ceres: 103171. -2,35 0,00027448 260025_att Atfg20300 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 158431. -2,35 0,00097735 261496_att At1g203070 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2,35 0,00097735 261496_att At1g20370 Unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2,37 0,00558241 261065_att At1g07500 PLPB (PASLOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor -2,38 0,00024305 256145_att At1g07500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: -2,38 0,00024025 264821_att At1g01240 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: -2,38 0,00024005 264821_att At1g01240 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: -2,39 0,00001982 264889_att At1g02305 unknown protein -2,39 0,00005062 267336_att At2g19310 <t< td=""><td>ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. proplourported by full-length cDNA</td></t<>	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. proplourported by full-length cDNA
-2.35 0.00025120 2400 To_att Atog tools Expletesed protein supported by full-length CDNA: Ceres: 103171. -2.35 0.00027448 260025 att Atf3g2330 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2.35 0.00027735 261496 att At1g20070 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2.35 0.00057735 261496 att At1g202710 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor -2.37 0.000556241 261065 att At1g02700 hypothetical protein predicted by genemark.hmm -2.38 0.000270234 261026 att At1g02700 hypothetical protein predicted by genemark.hmm -2.38 0.000240205 264821 att At1g02300 hypothetical protein predicted by genemark.hmm; supported by full-length cDNA: -2.38 0.000240205 264821 att At1g23050 unknown protein senfinder -2.39 0.00001982 264889 att At1g23050 unknown protein senfinder senfinder -2.39 0.000250521 267368 att At2g19310 putative small heat shock protein isupp	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. i rapa];supported by full-length cDNA m. PIR:55278
-2.35 0.00029120 2400 To_att Atog tools Expletesed protein supported by full-length CDNA: Ceres: 103171. -2.35 0.00027448 269025 att At15203007 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 158431. -2.35 0.000272448 260025 att At1320070 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2.35 0.00097735 261496 att At13203070 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2.35 0.016562791 267477, att At2202710 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor -2.37 0.000558241 261065 att At1907500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm -2.38 0.0002353 256145 att At1901240 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: -2.38 0.00024035 266421 att At1901240 hypothetical protein predicted by genemark.hmm;supported by full-length cDNA: -2.38 0.00024005 264821 att At1902470 hypothetical protein in;supported by full-length cDNA: -2.39 0.000001982 264489 attt1123010 unknown	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa];supported by full-length cDNA m, PIR:S52578
-2,03 -2,000,027120 2400 To_at -2,010 Hog -2,010 Explosible Dy Limientgin Curva, CefeS, 103171. -2,35 0,00027448 260025 at At1g203070 unknown protein ;supported by full-length CDNA: Ceres:270659. -2,35 0,0003735 261496_at At1g203070 unknown protein ;supported by full-length CDNA: Ceres:270659. -2,35 0,00097735 261496_at At1g202710 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor -2,37 0,00558241 261065 at At1g07500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm -2,38 0,000740234 261026_at At1g047500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm -2,38 0,000740234 261026_at At1g047500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm.supported by full-length cDNA: -2,38 0,000740234 261026_at At1g04700 hypothetical protein predicted by genemark.hmm.supported by full-length cDNA: -2,39 0,00001982 264489_at At1g023070 hypothetical protein in supported by full-length cDNA: Ceres:99763. -2,4 0,00027712 24989_at At1g12310 pervative worotein isupported by full-length cDNA: Ceres:99763. <td>ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. In rapa];supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max]</td>	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. In rapa];supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max]
2,35 0,00028123 240010_at Atog 10037 Expletised protein supported by full-regit DNA: Ceres: 103171. -2,35 0,00027448 260025 at At1g30070 unknown protein supported by full-regit DNA: Ceres: 270659. -2,35 0,0003735 261496_at At1g203070 unknown protein supported by full-regit DNA: Ceres: 270659. -2,35 0,00097735 261496_at At1g202710 PLPB (PAS/LOV PROTEIN 12); DNA binding / transcription factor/ transcripticacinetin factor/ transcripticacin factor/ transcription factor/	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. a rapa]:supported by full-length cDNA im, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max]
-2.33 -2.000029120 240010_att Atog tools Expletesed protein supported by full-length CDNA: Ceres: 103171. -2.35 0,00003453 249827_att At5g23330 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2.35 0,000077448 260025 att At1g20070 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2.35 0,00057735 261496, att At1g202710 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transducer/ two-component sensor -2.37 0,000558241 261065, att At1g07500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm -2.38 0,0002533 256145, att At1g07500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm -2.38 0,000740234 261026, att At1g03470 hypothetical protein predicted by genemark.hmm.supported by full-length cDNA: -2.38 0,000740234 261026, att At1g03470 hypothetical protein predicted by genemark.hmm.supported by full-length cDNA: -2.39 0,00001982 264889_att At1g03470 putative smail heat shock protein : supported by full-length cDNA: Ceres:9763. -2.4 0,00025751 2499803, att At5g258540	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa];supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max]
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. r rapa]:supported by full-length cDNA rm, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. r rapa];supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. arpaa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa];supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa].supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa];supported by full-length cDNA am, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] gosyl bonds ycosyl bonds
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. arpa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds xygen binding [Arabidopsis thaliana]
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. Ir rapa]:supported by full-length cDNA Ir, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] gi:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa];supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds ygen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462.
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA am, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds yycosyl bonds yygen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462.
-2,05 -2,050 2400 Housing -2,050 -2	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres: 34178. by full-length cDNA: Ceres: 154037. rapa].supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds yygen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462.
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa].supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds ycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462.
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] grosyl bonds ycosyl bonds ycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462.
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir papa]:supported by full-length cDNA im, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds yygen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor
2:305 0:000035123 2:49010.att Page 108010 ExpletSB4 protein Supported by full-length cDNA: Ceres: 156431. 2:335 0:000272448 260025.att Af1g20307 unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres: 156431. 2:335 0:00097733 261496.att Af1g20307 unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres: 156431. 2:336 0:000588241 261065.att Af1g20300 PLPB (PAS/LOV PROTEIN B); signal transduce/! two-component sensor 2:337 0:000580241 261045.att Af1g07500 hypothetical protein predicted by genemark.hmm. 2:338 0:00024025 2644821.att Af1g03700 hypothetical protein predicted by genemark.hmm. 2:338 0:00024025 2644821.att Af1g03700 putative small heat shock protein: supported by full-length cDNA: 2:339 0:00005062 267336.att Af1g03701 putative small heat shock protein: sinsupported by full-length cDNA: 2:44 0:000254721 24983.att Af1g20500 unknown protein send attrastical protein predicted protein: sinsupported by full-length cDNA: 2:44 0:0000305309 250938.att Af1g22600<	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA im, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] gi:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds yggen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor saminase
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] goosyl bonds ycosyl bonds ycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462. full-length cDNA: Ceres: 41462.
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir apa]:supported by full-length cDNA am, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] grosyl bonds ycosyl bonds ygen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor saminase
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres: 34178. by full-length cDNA: Ceres: 154037. rapa].supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds gi:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase
- 2.03 - 2.04 - 2.03 - 2.04 - 1.03 - 2.03 - 2.04 - 1.03 - 2.03 - 2.04 - 1.03 - 2.03 - 2.04 - 1.03 - 2.03 - 2.04 - 1.03 - 2.03 - 0.0024234 - 2.81 - 4.12 - 2.33 - 0.0024234 - 2.81 - 1.01 - 1.01 - 1.01 - 2.33 - 0.0024234 - 2.41 - 0.0025421 - 2.41 - 1.02753:supported - 1.01 - 1.01 - 1.01 - 1.01 - 1.01 - 1.01 - 1.01 - 1.01 - 1.01 - 1.01 <t< td=""><td>ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa]:supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds yggen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase inding / protein binding</td></t<>	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa]:supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds yggen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase inding / protein binding
- 2.35 - 2.000 (2008) 1249827, att. - Attgr0005 - 2.41 - 2.000 (2008) 1249827, att. - 2.42 - 2.000 (2008) 1249827, att. - 2.000 (2008) 1249708, att. - 2.0000 (2008) 1249708, att.	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa];supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] goosyl bonds ycosyl bonds ycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase
- cub - cubure - cubure <t< td=""><td>ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. r rapa]:supported by full-length cDNA am, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds gygen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase inding / protein binding</td></t<>	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. r rapa]:supported by full-length cDNA am, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds gygen binding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase inding / protein binding
-c.,odd CAURDAGE	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds gi:4836403 from [Glycine max] full-length cDNA: Ceres: 41462. full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor saminase inding / protein binding
 c_avid_status_12:0 c_avid_status_12:	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir apa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] grosyl bonds groups i thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor saminase inding / protein binding ycosyl groups / transferase ygen binding
- 2.00 - 2.000000000000000000000000000000000000	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. r rapa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] goosyl bonds gycosyl bonds gycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462. full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor saminase inding / protein binding gycosyl groups / transferase gygen binding
-cod 0.00023123 244827.at Atsg23303 captressed protein supported by full-length CDNA: Ceres: 109471. 2.35 0.00027448 260025 at At1g20070 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 129631. 2.35 0.00058721 261496 at At1g23020 ERF12 (ERF DOMAIN PROTEIN 12); DNA binding / transcription factor/ transcription 2.35 0.0055821 261477, at At2g02710 PLPB (PAS/LCV PROTEIN 12); DNA binding / transcription factor/ transcription 2.36 0.00058231 261451.at At1g03700 hypothetical protein predicted by genemark.hmm 2.38 0.000740234 261462.at At1g03700 hypothetical protein predicted by genemark.hmm 2.38 0.00005062 264883.at At1g03700 putative smill not pace putative smillar to hypothetical protein schedinder 2.39 0.00005062 264883.at At1g60740 putative smillar to hypothetical protein schedinder pace/LS330.ponted 2.44 0.00035760 249953.at At1g60740 putative protein srinefhytonins-specific proteins, Arabidopis thaliana 2.441 0.000035742 249477.at At1g22080 <td>ption repressor abidopsis thaliana] Ceres: 34178. by full-length cDNA: Ceres: 154037. rapa].supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds glycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase inding / protein binding ycosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds</td>	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres: 34178. by full-length cDNA: Ceres: 154037. rapa].supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds glycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase inding / protein binding ycosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds
- 2.00 Conception - Expression protein - Supported by full-length CDNA: Ceres: 10471. -2.35 0.00027448 260025 at A1522330 unknown protein supported by full-length CDNA: Ceres: 270659. -2.35 0.00027448 260025 at A1122060 ERF12 (ERF DOMAIN POTEIN 12): DNA holing / transcription factor/ transcription -2.35 0.00058631 261496.at A1120270 PLPB (PASILOV PROTEIN 12): DNA holing / transcription Transcription -2.36 0.00058632 266145.at A1190470 hypothetical protein predicated by genemark.mm -2.38 0.00028053 266481.at A1190470 hypothetical protein predicated by genemark.mm -2.39 0.00006062 267336.at A11201470 putative small next shock protein supported by full-length cDNA: Ceres.99763. -2.4 0.00037501 249483.at A1501470 putative small next shock protein supported by full-length cDNA: Ceres.99763. -2.4 0.00037502 264889.at A1502080 unknown protein supported by full-length cDNA: Ceres.99763. -2.44 0.00003509 20939.at A15020840	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa].supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds glycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462. full-length cDNA: Ceres: 41462. full-length cDNA: Ceres: 41462. saminase inding / protein binding ycosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds ng
2.300 0.0000381201 2.448627.all Adaptose Learliessed ploteint: supported by full-length CDAN. Ceres: 10471. 2.35 0.000074025.all Adaptose Larliessed ploteint: Supported by full-length CDAN. Ceres: 10471. 2.35 0.000074025.all Addaptose Larliessed ploteint: Supported by full-length CDAN. Ceres: 200631. 2.35 0.00087244 280025.all Addaptose Larliessed ploteint: Supported by full-length CDAN. 2.36 0.00088531 2874466.all Addaptose PLPS (PASILOV PROTEIN 12): DNA huming: funsational function	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] goosyl bonds inding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor saminase inding / protein binding ycosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds ng 864
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres: 34178. by full-length cDNA: Ceres: 154037. rapa].supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds gI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase inding / protein binding ycosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds ng 864
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA im, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] goosyl bonds [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. [Arabidopsis thaliana] goosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds ng 864
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. rapa]:supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds ygen binding (Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. nscription factor saminase inding / protein binding ycosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds ng 864
 Loudes 1120 2 enviro an environment expressed protein: supported by full-length cDNA. Ceres: 158431. Link and Link and Li	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA um, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] goosyl bonds ivgosyl bonds inding [Arabidopsis thaliana] full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor isaminase inding / protein binding ivgosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds ng 864
	ption repressor abidopsis thaliana] Ceres:34178. by full-length cDNA: Ceres:154037. ir rapa]:supported by full-length cDNA m, PIR:S52578 GI:4836403 from [Glycine max] ycosyl bonds gi:4836403 from [Glycine max] full-length cDNA: Ceres: 41462. full-length cDNA: Ceres: 41462. inscription factor saminase inding / protein binding ycosyl groups / transferase ygen binding glycosyl compounds ng 864 238 from [Arabidopsis thaliana]

-2,67	0,00174134	246133_at	At5g20960	AAO1 (ARABIDOPSIS ALDEHYDE OXIDASE 1); aldehyde oxidase/ indole-3-acetaldehyde oxidase
-2,67	0,00059898	263647_at	At2g04690	unknown protein
-2,71	0,00669634	248625_at	At5g48880	PKT2 (PEROXISOMAL 3-KETO-ACYL-COA THIOLASE 2); acetyl-CoA C-acyltransferase/ catalytic
-2,71	0,00010361	262527_at	At1g17010	SRG1-like protein Strong homology to SRG1 protein, a new member of the Fe(II)/ascorbate oxidase superfamily
-2,72	0,01932352	254839_at	At4g12400	stress-induced protein sti1 -like protein stress-induced protein sti1 -Glycine max,PID:g872116
-2,73	0,0053529	254580_at	At4g19390	putative protein ; supported by cDNA: gi_14190356_gb_AF378856.1_AF378856
-2,74	0,00104231	252183_at	At3g50740	UGT72E1 (UDP-glucosyl transferase 72E1); UDP-glycosyltransferase/ coniferyl-alcohol glucosyltransferase
-2,75	0,00036112	259520_at	At1g12320	hypothetical protein
-2,76	0,00007102	257841_at	At3g25260	nitrate transporter, putative similar to nitrate transporter (NTL1) GB:AAC28086 [Arabidopsis thaliana]
-2,77	0,02080162	248657_at	At5g48570	ROF2 peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, putative / FK506-binding protein, putative
-2,78	0,01382904	247774_at	At5g58660	putative protein fruit ripening expressed protein, Lycopersicon esculentum, EMBL:LEETHYBR
-2,78	0,0271754	249575_at	At5g37670	low-molecular-weight heat shock protein - like cytosolic class I small heat-shock protein HSP17.5, Castanea sativa
-2,78	0,00027422	252515_at	At3g46230	ATHSP17.4
-2,82	0,00392479	254396_at	At4g21680	peptide transporter - like protein peptide transporter (ptr) - Hordeum vulgare,AF-023472
-2,83	0,00007746	263985_at	At2g42750	unknown protein (supported by full-length CDNA: Ceres: 15743.
-2,83	0,00105939	265095_at	At1g03880	CRU2 (CRUCIFERIN 2); nutrient reservoir
-2,84	0,01696872	246932_at	Al5g46050	PTR3 (PEPTIDE TRANSPORTER 3); alpeptide transporter/ transporter/ transporter/ transporter
-2,04	0,00007009	203320_at	At2g47160	Algors (Alabidops transiend galactinor synthase 1), transiendse, transiening grycosyl gloups / transiendse
-2,00	0,00009598	202009_at	At1g00070	putative protein I DR YL-22: ATD binding / kinase/ protein kinase/ protein serine/threenine kinase
-2,00	0,00023000	2/04003_at	Attg03370	ENC AF25, ATF binding / Arrase protein kinase protein semeration intervine kinase
-2,03	0,00039413	255844 at	At2d33580	expressed protein predicted protein, Synecholystis sp., rm. 37 132, supported by humengur CDNA. Ceres. 3331.
-2.92	0.00215308	256454 at	At1g75280	NADEP oxidoreductase outative similar to GI:1208420 from [Arabidonsis thaliana]
-2.94	0.0002581	247128 at	At5g66110	
-2.95	0,00058164	247463 at	At5g62210	embryo-specific protein - like embryo-specific protein 3, Arabidoosis thaliana. PIR:T48490
-2.95	0,00600981	267313 at	At2g34740	putative protein phosphatase 2C
-2,96	0,00224096	265675 at	At2g32120	HSP70T-2 (HEAT-SHOCK PROTEIN 70T-2); ATP binding
-2,99	0,00243617	258322_at	At3g22740	HMT3; homocysteine S-methyltransferase
-3	0,0144089	254339_at	At4g22100	BGLU3 (BETA GLUCOSIDASE 2); catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
-3,02	0,01089221	247293_at	At5g64510	putative protein similar to unknown protein (pir T03813)
-3,03	0,00050504	248544_at	At5g50240	PIMT2 (PROTEIN-L-ISOASPARTATE METHYLTRANSFERASE 2)
-3,03	0,00060524	262505_at	At1g21680	unknown protein ESTs gb N96028, gb F14286, gb T20680, gb F14443, gb AA657300 and gb N65244
-3,04	0,01373827	248676_at	At5g48850	ATSDI1 (SULPHUR DEFICIENCY-INDUCED 1); binding
-3,05	0,00001614	250539_at	At5g08560	WD-repeat protein-like ; supported by cDNA: gi_15450909_gb_AY054535.1_
-3,05	0,00260365	259410_at	At1g13340	nyponencai protein predicted by genemark.nmm
-3,05	0,00092004	202310_at	At1970640	MEPSI (MEP-LIKE PROTEIN ST)
-3,00	0,00010337	251066 at	At5g01880	putative auximegulateu protein nutative auximegulateu protein RHA3a - Arabidonsis thaliana EMRI : AE078824
-3.11	0.00018188	266321 at	At2q46660	CYPT8A6: electronic carrier/ heme binding / icon / habitages/ monocyvenase/ oxygen binding
-3.12	0.00005749	262609 at	At1g13930	unknown protein :supported by full-length cDNA: Ceres:1505.
-3.12	0.03382708	263402 at	At2g42560	putative seed maturation protein
0,12	0,00002100	203432_at	AL2942000	putative seed maturation protein
-3,13	0,00220015	266265_at	At2g29340	putative seed maturation protein putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_
-3,13 -3,14	0,00220015 0,00531029	263432_at 266265_at 263433_at	At2g29340 At2g22240	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase
-3,13 -3,14 -3,15	0,00220015 0,00531029 0,00011452	263432_at 266265_at 263433_at 262281_at	At2g42300 At2g29340 At2g22240 At1g68570	putative seen induator protein putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana]
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,0035927	263432_at 266265_at 263433_at 262281_at 248332_at	At2g29340 At2g22240 At1g68570 At5g52640	Dutative seen insulator protein putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-8 GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,0035927 0,00040018	263432_at 266265_at 263433_at 262281_at 248332_at 267041_at	At2g29340 At2g29340 At2g22240 At1g68570 At5g52640 At2g34315	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-8 GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,21	0,0022015 0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,0035927 0,00040018 0,00469626	263432_at 266265_at 263433_at 262281_at 248332_at 267041_at 262656_at	At2g29340 At2g29340 At2g22240 At1g68570 At5g52640 At2g34315 At1g14200 At5g54070	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein Catalytic (transporter) (transporter) (transporter) Unknown protein [Catalytic (transporter) (transporter) (transporter) DIA bit Side (transporter) (transporter) (transporter) (transporter) DIA bit Side (transporter) (transporter) (transporter) (transporter)
-3,13 -3,14 -3,15 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,0035927 0,00040018 0,00469626 0,00158568	203432_at 266265_at 263433_at 262281_at 248332_at 267041_at 262656_at 248188_at 245243_at	At2g29340 At2g29340 At2g22240 At1g68570 At5g52640 At2g34315 At1g14200 At5g54070 At1g4414	Dutative seed integration protein by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor bunchbonden cortein protein device by bunchbonden by b
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,0035927 0,00040018 0,00469626 0,00158568 0,00170313 0,0284493	2003-92_at 266265_at 263433_at 262281_at 267041_at 267041_at 262666_at 248188_at 245243_at 249752_at	At2g22340 At2g22340 At2g22240 At1g68570 At5g52640 At2g34315 At1g14200 At5g54070 At1g44414 At5g24660	Dutative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb Z26679 AT-HSFA3; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm S1/0 (FESPONSE TC 1.0W SUI EI IR 2)
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28 -3,28 -3,28 -3,34	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,0035927 0,00040018 0,00469626 0,00158568 0,00170313 0,02884493 0,00056654	2602665_at 2662665_at 262281_at 262281_at 267041_at 26266_at 248188_at 245243_at 249752_at 265425_at	At2g22340 At2g22240 At1g68570 At5g52640 At2g34315 At1g14200 At5g54070 At1g44414 At5g24660 At2g20770	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ IMIPS2 (MYO-INOSITQL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein Unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCl 2 (GCR2-LIKE 2); catalytic,
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,34 -3,35	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,0035927 0,00040018 0,00469626 0,00158568 0,00170313 0,02884493 0,00056654 0,0007857	260265_at 266265_at 263433_at 262281_at 248332_at 267041_at 262656_at 248188_at 245243_at 249752_at 269752_at 26925_at	At2g22340 At2g2240 At1g82570 At5g52640 At2g34315 At1g14200 At5g54070 At1g44414 At5g24660 At2g20770 At3g15780	putative seen instandar, protein putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1.PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein
-3,13 -3,14 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,34 -3,35 -3,37	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,0035927 0,00040018 0,00469626 0,00158568 0,00170313 0,02884493 0,00056654 0,00007857 0,00037237	260265_at 266265_at 263433_at 262281_at 248332_at 267041_at 262656_at 245245_at 2452423_at 2452425_at 265425_at 265425_at 265263_at 246944_at	At2g22340 At2g2240 At1g68570 At5g52640 At5g52640 At2g34315 At1g14200 At5g54070 At1g44414 At5g24660 At2g20770 At3g15780 At5g25450	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytici inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein biquinolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2)
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,34 -3,35 -3,37 -3,37 -3,42	0,00220015 0,00220015 0,00011452 0,0035927 0,00040018 0,00469626 0,00158568 0,00170313 0,02884493 0,00056654 0,00037237 0,00037237	265265_at 265265_at 263433_at 262281_at 248332_at 267041_at 248188_at 245243_at 245243_at 245243_at 245245_at 258265_at 258265_at 26944_at 263296_at	At2g22340 At2g22340 At1g68570 At1g68570 At1g52640 At2g34315 At1g14200 At5g54070 At1g44414 At5g24660 At2g20770 At3g15780 At5g25450 At2g38800	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,34 -3,35 -3,37 -3,42 -3,44	0,00220015 0,000531029 0,00011452 0,000531029 0,00040962 0,00158568 0,00158568 0,00158568 0,001585654 0,0005654 0,0005654 0,00037237 0,00019285 0,00019285	265265_at 265265_at 262281_at 262281_at 248332_at 267041_at 262656_at 248188_at 249752_at 249752_at 265425_at 258263_at 246944_at 263296_at 254691_at	A12g22340 A12g22340 A12g22240 A11g68570 A15g52640 A12g34315 A11g14200 A15g54070 A11g44414 A15g24660 A12g20770 A11g44414 A15g24660 A12g20770 A15g25450 A12g38800 A14g17840	putative seen instandor protein putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytici inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RCSP-UNSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein ubiquinolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein (LSU2 (RCSP) Supported by full-length cDNA: Ceres: 38412.
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,21 -3,21 -3,21 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,34 -3,35 -3,37 -3,37 -3,42 -3,42 -3,44 -3,47	0.00220015 0.000230129 0.00011452 0.00040018 0.0044018 0.00469626 0.00178356 0.00178318 0.00268654 0.0007857 0.00026654 0.00007857 0.00037237 0.00019285 0.00226632 0.01094126	200452_a1 266265_at 266265_at 262281_at 248332_at 267041_at 262656_at 248188_at 248724_at 248725_at 265425_at 265425_at 265425_at 265425_at 256691_at 256691_at 25666_at	At2g22340 At2g22340 At1g68570 At1g68570 At1g68570 At1g14200 At5g54070 At1g44414 At5g24660 At2g20770 At3g15780 At2g25450 At2g28800 At4g17840 At1g51680	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytici inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein biguinolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein hypothetical protein ; supported by full-length cDNA; Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase
$\begin{array}{c},$	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,00041452 0,0004018 0,00469626 0,00170313 0,002884493 0,00066654 0,00007857 0,00007857 0,00007285 0,000007285 0,00000000000000000000000000000000000	200492_a1 266265_at 266265_at 262281_at 262281_at 262281_at 262265_at 262666_at 245243_at 245243_at 245243_at 2459243_at 2459243_at 255265_at 255265_at 255265_at 255691_at 2556166_at 2550733_at	Att2g22340 Att2g22240 Att2g22240 Att1g68570 Att5g52640 Att2g34315 Att1g14200 Att5g54070 Att1g4414 Att5g24660 Att2g20770 Att3g15780 Att3g25450 Att2g28800 Att2g28800 Att2g17840 Att951680 Att5g05600	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1
-3,13 -3,14 -3,15 -3,15 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,34 -3,35 -3,35 -3,37 -3,42 -3,44 -3,47 -3,55 -3,55	0.0022015 0.00531029 0.00011452 0.00040018 0.00469626 0.00158568 0.00158568 0.00158568 0.00178313 0.02884493 0.00056654 0.00037237 0.000019285 0.00037237 0.00019285 0.00028632 0.01094126	200452_a1 2662665_at 2662665_at 262381_at 262281_at 262281_at 2622656_at 248188_at 245243_at 245243_at 245762_at 265265_at 255263_at 265265_at 265296_at 2656186_at 255763_at 265733_at 265733_at	At1292340 At1292340 At1292240 At196870 At196870 At194414 At1924407 At1944414 At192460 At1944414 At192460 At194414 At192460 At19460 At19780 At19780 At19780 At19780 At195600 At19600 At19600	Dutative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytici inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RCSPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein ubiquinolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) Hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:13012. Hsp70b (heat shock protein 70B); ATP binding
$\begin{array}{c},$	0.00220015 0.000230129 0.00011452 0.00040018 0.0044018 0.00469626 0.00158568 0.00170313 0.00268654 0.00056654 0.00007857 0.00026652 0.00026652 0.001928125 0.00028632 0.000327 0.0000307 0.00032131 0.00032131	200452_a1 266266_at 266266_at 262281_at 262281_at 262281_at 262266_at 248188_at 248243_at 248243_at 248726_at 268425_at 268425_at 258266_at 256361_at 256166_at 256166_at 256166_at 256193_at	At2g22340 At2g22340 At1g68570 At1g68570 At1g68570 At1g14200 At5g54070 At1g14414 At5g2460 At2g20770 At3g15780 At3g15780 At4g28460 At5g25450 At4g17840 At1g161680 At1g16030 At4g25200	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytici inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein biguinolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-COA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein supported by full-length cDNA: Ceres:13012. Hsp70b (heat shock protein T0B); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6)
$\begin{array}{c}$	0.00220015 0.00531029 0.00011452 0.00011452 0.0004018 0.00469626 0.00158568 0.00158568 0.00170313 0.02884493 0.00056654 0.0007857 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037285 0.001226632 0.01094126 0.00005341	200492_a1 266265_at 266265_at 262381_at 262281_at 262281_at 262261_at 262666_at 248188_at 249752_at 249752_at 264255_at 256265_at 256265_at 256296_at 256296_at 256296_at 256691_at 256091_at 256093_at 256093_at 256095_at 256005	Att2g22340 Att2g22340 Att2g22240 Att1g68570 Att5g52640 Att2g34315 Att1g14200 Att5g54070 Att5g54070 Att5g2450 Att5g2450 Att5g2450 Att2g20770 Att3g15780 Att3g15780 Att4g17840 Att4g17840 Att4g17840 Att4g17840 Att4g17840 Att4g05600 Att4g05600 Att4g05600 Att4g05600 Att4g05600 Att4g05600	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi 14334839_gb_AY035093.1
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,23 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,24 -3,44 -3,47 -3,55 -3,58 -3,55 -3,55 -3,55 -3,55 -3,55 -3,55 -3,7 -3,8 -3,55 -3,	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,00040018 0,00469626 0,00158568 0,00158568 0,00158568 0,0017813 0,02884493 0,00056654 0,00037237 0,00019285 0,00037237 0,00019285 0,00028632 0,01094126 0,0000367 0,00036141 0,0003544125	200452_a1 2662665_at 2662665_at 262343_at 262281_at 262281_at 262265_at 248188_at 245243_at 245762_at 245762_at 246944_at 265266_at 2554691_at 2554691_at 2554691_at 255793_at 265567_at 255757_at 265567_at 265567_at 265567_at 265567_at	A12g22340 A12g22340 A12g22240 A12g8570 A15g52640 A12g34315 A11g14200 A15g5450 A11g14200 A15g24660 A12g20770 A11g44414 A15g24660 A12g28800 A15g25450 A12g38800 A14g17840 A11g16300 A14g17840 A11g16300 A14g25200 A12g05580 A12g4580 A12g45	Dutative seed integration process putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-8 GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]226679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein bypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyandin doxgenase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:13012. Hsp70b (heat shock protein 70B); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein predicted by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein LKGT1 (endoxyloglucan transferase). Pisum sativum, EMBL-AB015428 minic factor endoxyloglucan transferase-like protein texperitor hore? Cereases 20.2000
-3,13 -3,14 -3,15 -3,18 -3,2 -3,21 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,28 -3,34 -3,35 -3,37 -3,42 -3,44 -3,55 -3,58 -3,57 -3,8 -3,84 -3,84 -3,26 -3,88 -3,85 -3	0.00220015 0.000230129 0.00011452 0.00040018 0.0044018 0.00469626 0.00158568 0.00170313 0.00268654 0.0007857 0.00026654 0.00027827 0.00027852 0.00027852 0.00027852 0.00027852 0.00005341 0.00005418 0.00007612	200452_a1 266265 at 266265 at 262343 at 262281_at 262281_at 262265_at 262265_at 248188_at 249752_at 266425_at 266425_at 256265_at 256491_at 256491_at 256491_at 2564951_at 25649	At2g22340 At2g22340 At2g22240 At1g68570 At5g52640 At5g52640 At5g54070 At5g54070 At5g54070 At5g2460 At5g2460 At5g2460 At3g15780 At5g25450 At5g25450 At4g28800 At4g17840 At1g16030 At4g25200 At2g05580 At3g48580 At1g14940	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytici inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein lougiunolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein hypothetical protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein supported by full-length cDNA: Ceres:13012. Hsp20b (heat shock protein TOB); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein predicted by genefinder endoxylogiucan transferase-like protein EXGT1 (endoxyloglucan transferase) - Pisum sativum, EMBL:AB015428 major latex protein type3 identical to major latex protein type3 GB:CAA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana]
	0.00220015 0.00531029 0.00011452 0.00011452 0.0004018 0.00469626 0.00158568 0.00158568 0.00170313 0.02884493 0.00056654 0.0007857 0.00037237 0.00037285 0.00027652 0.00027652 0.0000372 0.00037285 0.00027652 0.00005341 0.00226632 0.00005341 0.00005341 0.000054125 0.00005341 0.000054125 0.00005415 0.00005415 0.0000545 0.0000000000	200492_a1 266265_at 266265_at 262381_at 262281_at 262281_at 262281_at 262656_at 248188_at 249752_at 2652656_at 255265_at 255265_at 255265_at 255266_at 2554691_at 2554691_at 2554691_at 2554695_at 2554695_at 2554595_at 2554595_at 2554595_at 2554595_at 2554595_at 2554595_at 2554595_at 2554556_at 255456_at 255456_at 255456_at 255456_at 255567_at 2	Att2g22340 Att2g22340 Att2g22240 Att2g8570 Att5g52640 Att5g52640 Att5g54070 Att5g54070 Att5g54070 Att5g2460 Att2g20770 Att3g15780 Att5g25450 Att2g25450 Att2g1580 Att9g1580 Att9g1580 Att9g5580 Att9g25580 Att9g4580 Att9g4580 Att9g4840 Att	Putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi 14334839_gb_AY035093.1
$\begin{array}{c},$	0.00220015 0.00531029 0.00011452 0.00040018 0.00040018 0.00469626 0.00158568 0.00158568 0.00158568 0.0017813 0.002884493 0.00056654 0.00037237 0.00019285 0.000292632 0.01094126 0.0000367 0.00035441 0.00005611 0.00005411 0.000054125 0.000054125 0.00007612 0.00171668 0.00007612	200452_a1 2662665_at 2662665_at 262343_at 262281_at 262281_at 262265_at 248188_at 246265_at 248762_at 246243_at 246762_at 256263_at 256263_at 256263_at 2564691_at 256793_at 265186_at 256793_at 265657_at 265567_at 265	At1292340 At1292340 At1292240 At1298570 At15952640 At12934315 At1595470 At1595470 At194414 At15924660 At2920770 At194414 At15924660 At12928800 At15925450 At12928800 At191680 At191680 At191680 At191680 At191680 At191680 At191680 At191680 At191680 At191680 At191680 At191680 At1926580 At1914940 At1920566 At1914940 At1920566 At191570	Dutative seed integration processing supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1
$\begin{array}{c} \cdot 3, 13\\ \cdot 3, 14\\ \cdot 3, 15\\ \cdot 3, 18\\ \cdot 3, 28\\ \cdot 3, 37\\ \cdot 3, 42\\ \cdot 3, 37\\ \cdot 3, 44\\ \cdot 3, 47\\ \cdot 3, 55\\ \cdot 3, 58\\ \cdot 3, 86\\ \cdot 3, 86\\ \cdot 3, 86\\ \cdot 3, 86\\ \cdot 4, 11\\ \cdot 4, $	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,00011452 0,0004018 0,00469626 0,00158568 0,00170313 0,02884493 0,00065654 0,0007857 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,000362131 0,028654 0,00005341 0,00005341 0,0000534415 0,0000534415 0,0000534415 0,000054415 0,000054415 0,000054415 0,000054415 0,000054415 0,000054415 0,000054415 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00002865 0,00000601	200452_a1 266266_at 266266_at 262343_at 262281_at 262281_at 262266_at 248382_at 262666_at 249762_at 249762_at 249762_at 265425_at 258266_at 256491_at 256186_at 256191_at 256196_at 256059_at 266567_at 265250_at 265250_at 266567_at 265250_at 265250_at 265250_at 265350_at 265450_at 265550	A12g22340 A12g22340 A12g22340 A11g68570 A15g52640 A15g52640 A15g54070 A15g54070 A15g54070 A15g2460 A15g2460 A15g25450 A15g25450 A15g25450 A15g25450 A15g15680 A15g15680 A15g15680 A15g15680 A15g15680 A15g15680 A15g15680 A15g15680 A15g2560 A12g05580 A13g48580 A15g2560 A15g18130 A14g15620 A15g2660 A15g18130 A14g15620 A15g2640	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytici inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein unknown protein unknown protein unknown protein hypothetical protein : supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein supported by full-length cDNA: Ceres:13012. HSP205.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein predicted by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein EXGT1 (endoxyloglucan transferase) - Pisum sativum, EMBL:AB015428 major latex protein type3 identical to major latex protein type3 GB:CAA63027 G1:1107495 (Arabidopsis thaliana] putative heat shock protein i Supported by full-length cDNA: Ceres:2528. putative protein ismilar to retion incovidase-like protein type3 GB:CAA63027 G1:1107495 (Arabidopsis thaliana] putative heat shock protein isupported by full-length cDNA: Ceres:2528. putative protein similar to retion incovidase-like protein GB:CAB45849 GI:5262223 from IArabidopsis thaliana]
$\begin{array}{c} \cdot 3, 13 \\ \cdot 3, 14 \\ \cdot 3, 15 \\ \cdot 3, 18 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 21 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 28 \\ \cdot 3, 32 \\ \cdot 3, 32 \\ \cdot 3, 32 \\ \cdot 3, 34 \\ \cdot 3, 35 \\ \cdot 3, 36 \\ \cdot 3, 37 \\ \cdot 3, 44 \\ \cdot 3, 47 \\ \cdot 3, 55 \\ \cdot 3, 58 \\ \cdot 3, 56 \\ \cdot 3, 58 \\ \cdot 3, 84 \\ \cdot 3, 86 \\ \cdot 3, 86 \\ \cdot 4, 11 \\ \cdot 4, 23 \\ \end{array}$	0.00220015 0.00531029 0.00011452 0.00035927 0.0004096 0.00158568 0.00158568 0.00158568 0.00170313 0.02884493 0.00056654 0.0007857 0.00037237 0.00037237 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00035213 0.00005341 0.00005341 0.00005412 00	200492_a1 266265_at 266265_at 262381_at 262281_at 262281_at 262285_at 248332_at 2662656_at 248188_at 249752_at 2662656_at 256265_at 256265_at 256265_at 2562666_at 2562666_at 256266_at 256266_at 256266_at 256266_at 256266_at 25	Att2g22340 Att2g22340 Att2g22240 Att2g8570 Att5g52640 Att5g52640 Att5g54070 Att5g54070 Att5g54070 Att3g24660 Att2g20770 Att3g15780 Att3g25450 Att2g26580 Att2g18800 Att9g5800 Att9g1580 Att9g2580 Att9g1580 Att9g2580 Att9g1580 Att9g1580 Att9g5880	Putative seed intervalence is supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1
$\begin{array}{c},$	0.0022015 0.00531029 0.00011452 0.00040018 0.00040018 0.00469626 0.00158568 0.00158568 0.00158568 0.0017813 0.02884493 0.00056654 0.00037237 0.00019285 0.00028632 0.01094126 0.00003787 0.00028632 0.000284125 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00002854 0.00007612 0.00002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.0002854 0.00002855 0.00002855 0.00002855 0.00002855 0.000002855 0.0000000000000000000000000000000000	200452_a1 2662665_at 2662665_at 262343_at 262281_at 262281_at 262265_at 248332_at 2662665_at 248188_at 246243_at 246243_at 246245_at 256263_at 256263_at 256263_at 256261_at 256733_at 265186_at 256733_at 265567_at 265265_at 2653567_at 265567_a	At1292340 At1292340 At1292240 At1298570 At15952640 At15952640 At1294414 At15954070 At194414 At15924660 At12924660 At1292460 At1292460 At12928800 At197840 At197840 At197840 At197840 At197840 At197840 At1914940 At12920560 At19440 At12920560 At19440 At195880 At195840 At195840 At195840 At195840 At195840 At195840	Dutative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z6679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z66679 GGL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GGL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein uncle protein cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein uncle protein cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein proteined by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein type3 GB:CAA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana] putative protein sequence by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein type3 GB:CAA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana] putative protein simi
$\begin{array}{c} \cdot 3, 13\\ \cdot 3, 14\\ \cdot 3, 15\\ \cdot 3, 18\\ \cdot 3, 28\\ \cdot 3, 34\\ \cdot 3, 34\\ \cdot 3, 35\\ \cdot 3, 34\\ \cdot 3, 34\\ \cdot 3, 35\\ \cdot 3, 35\\ \cdot 3, 58\\ \cdot 3, 86\\ \cdot 3, $	0.00220015 0.00531029 0.00011452 0.00011452 0.0004018 0.00168568 0.00170313 0.02884493 0.00066654 0.0007857 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00037237 0.00035418 0.000053418 0.000053418 0.000053418 0.00002865 0.00007612 0.00005448 0.00007612 0.00005448 0.00002865 0.00002865 0.0000601 0.0000601	200492_ai 266265_at 266265_at 266281_at 262281_at 267281_at 267281_at 267264_at 2662666_at 245243_at 245243_at 245243_at 245245_at 265425_at 265425_at 256426_at 256426_at 256426_at 256426_at 256426_at 256456_at 256656_at 256656_at 256656_at 256656_at 256656_at 256656_at 256656_at 25665	Att2g22340 Att2g22240 Att2g22240 Att1g68570 Att3g52640 Att2g34315 Att1g14200 Att3g54070 Att3g24471 Att3g24660 Att3g2580 Att3g2580 Att3g2580 Att3g4580 Att3g2580 Att3g4580 Att3g580 Att3g580 Att3g580 Att3g580 Att3g580 Att3g580	Putative seen instantion protein putative seen insporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2+G B:P46022 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein protein protein protein protein protein binding Unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein protein protein protein protein protein protein protein LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic Unknown protein LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic Unknown protein Hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 13012. HSP70b (heat shock protein 70B); ATP binding ATHSP26.AMTO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) Unknown protein protein FXGT1 (endoxyloglucan transferase) - Pisum sativum, EMBL:AB015428 major latex protein jusported by full-length cDNA: Ceres: 2528. putative protein jusportein by full-length cDNA: Ceres: 2528. putative protein is supported by full-length cDNA: Ceres: 2528. putative protein is millar to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana] putative heat shock protein isoportein by full-length cDNA: Ceres: 10299. hypothetical protein ismillar to reticuline oxidase-like protein dB: CAA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana] heat shock protein (At 1-156) Identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana] heat shock protein india to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana] heat shock protein (At 1-156) Identical to GI:4376161 from (Arabidopsis thaliana) putative protein india to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63049 GI:5262223 from [Arabidopsis thaliana] heat sh
$\begin{array}{c} \cdot 3, 13 \\ \cdot 3, 14 \\ \cdot 3, 15 \\ \cdot 3, 18 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 21 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 28 \\ \cdot 3, 32 \\ \cdot 3, 32 \\ \cdot 3, 32 \\ \cdot 3, 32 \\ \cdot 3, 34 \\ \cdot 3, 35 \\ \cdot 3, 36 \\ \cdot 3, 37 \\ \cdot 3, 44 \\ \cdot 3, 47 \\ \cdot 3, 55 \\ \cdot 3, 58 \\ \cdot 3, 58 \\ \cdot 3, 84 \\ \cdot 3, 86 \\ \cdot 3, 86 \\ \cdot 3, 86 \\ \cdot 4, 11 \\ \cdot 4, 23 \\ \cdot 4, 34 \\ \cdot 4, 36 \\ \cdot 4, 55 \\ \end{array}$	0.0022015 0.00531029 0.00011452 0.000531029 0.00011452 0.00053927 0.000469626 0.00158568 0.00178313 0.02884493 0.00056654 0.0007857 0.00037237 0.00037237 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00035241 0.00005341 0.00005412 0.00002865 0.00002865 0.00002865 0.00002865 0.00002805 0.00005302 0.00041677 0.00052001 0.00052001	200492_a1 266265_at 266265_at 262343_at 262281_at 262281_at 262285_at 248332_at 2662656_at 248188_at 249752_at 2662656_at 2558263_at 2558263_at 2558263_at 255826_at 255826_at 255926_at 255926_at 255926_at 255926_at 255926_at 263374_at 263374_at 2653374_at 265028_at 265374_at 2563374_at 2563374_at 2563374_at 2653574_at	At1292340 At1292340 At1292240 At1298570 At15952640 At15952640 At1595470 At15954770 At1594414 At5924660 At12920770 At3915780 At15925450 At1293800 At191580 At191580 At191580 At1916030 At1916030 At1916030 At1916030 At1916030 At1916030 At192580 At191620 At192860 At192860 At192580 At192580 At192860 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At192580 At19260 At192580 At1925	Putative seed instantiator protein putative seed insporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2+0 6B:44032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein protein of Utanscription factor hypothetical protein protein of Utanscription factor Unknown protein LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GGL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GGL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein unknown protein hypothetical protein protein hypothetical protein signation (State 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein hypothetical protein 708); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein protein fortein (Supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein ubiquinol- hypothetical protein protein fortein supported by full-length cDNA: Ceres: 13012. Hsp70b (heat shock protein 708); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein predicted by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein (kg)/AF00631.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 1029. hypothetical protein similar to network on protein GB:CAA63027 G1:107495 [Arabidopsis thaliana] putative protein protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63027 J1:107495 [Arabidopsis thaliana] putative protein protein (kg)/AF00631.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 10299. hypothetical protein hypothetical protein (AA 1-156) identical to G1:4376161 from (Arabidopsis thaliana] putative protein nuknown protein G1:9617 from [Medicago astiva] 17.6 KDa LCASS II HEAT SHOCK PROTEIN)
$\begin{array}{c},$	0.0022015 0.00531029 0.00011452 0.00040018 0.00040018 0.00469626 0.00158568 0.00158568 0.00158568 0.0017813 0.02884493 0.00056654 0.00037237 0.00019285 0.00037237 0.00019285 0.00028632 0.01094126 0.00003541 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00002865 0.00002854 0.00002854 0.00002854 0.00002854 0.00002854 0.00002854 0.00002854 0.00002854 0.00002854 0.00002857 0.0005201 0.0005201 0.0005201	200452_a1 2662665_at 2662665_at 262343_at 262281_at 262281_at 262265_at 248332_at 267041_at 262656_at 248188_at 2462425_at 2462425_at 256263_at 256263_at 256263_at 256261_at 256733_at 265186_at 256733_at 265567_at 26	At1292340 At1292340 At1292240 At1298570 At15952640 At15952640 At1595407 At15954070 At1594471 At1594471 At1594470 At1594470 At159460 At1592460 At1592580 At15905600 At1691680 At15905600 At1691680 At1691680 At1691680 At1691680 At1691680 At1691680 At1691680 At1693540 At	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to tepPTIDE TRANSPORTER PTR2-8 GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z6679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein Hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:13012. Hsp70b (heat shock protein 70B); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein predicted by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein [AST1 (endoxyloglucan transferase)- Pisum satirum, EMBL:AB015428 major latex protein type3 identical to major latex protein type3 GB:CAA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana] putative protein similar to unknown protein (bJ)AF00631.1);supported by full-length cDNA: Ceres:1029. hypothetical protein hypothetical protein (A1-156) identical to GI:4376161 from [Medicago sativa] 17.6 KDA heat shock protein (A1-156) identical to GI:4376161 from [Medicago sativa] heat shock protein (A1-156) identical to GI:4376161 from [Arabidopsis thaliana] heat shock protein (A1-156) identical to GI:4376161 from [Arabidopsis thaliana] heat shock protein (A1-156) identical to GI:4376161 from [S
$\begin{array}{c} -3,13\\ -3,14\\ -3,15\\ -3,15\\ -3,22\\ -3,23\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,28\\ -3,37\\ -3,44\\ -3,36\\ -3,56\\ -3,58\\ -3,58\\ -3,58\\ -3,58\\ -3,63\\ -3,84\\ -3,86\\ -3,86\\ -3,86\\ -3,86\\ -3,86\\ -3,86\\ -4,11\\ -4,11\\ -4,23\\ -4,36\\ -4,55\\ -4,56\\ -4,56\\ -4,6\\ -$	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,00011452 0,0004018 0,00469626 0,00158568 0,00170313 0,02884493 0,0006664 0,00007857 0,00007857 0,00007827 0,00003285 0,0104126 0,00005341 0,00005341 0,000053448 0,000053448 0,000053448 0,000053448 0,000053448 0,000053448 0,000053448 0,000053448 0,000053448 0,000053448 0,0000585 0,00058528 0,00058558 0,00058558 0,0005858 0,	200492_a1 266265_at 266265_at 266281_at 267281_at 267281_at 267281_at 267265_at 267265_at 266266_at 246128_at 246752_at 256265	Att2g22340 Att2g22240 Att2g22240 Att1g68570 Att5g52640 Att2g34315 Att1g14200 Att5g5470 Att2g34315 Att1g14200 Att5g24660 Att2g20770 Att3g15780 Att3g25450 Att2g28800 Att2g15780 Att2g5200 Att2g1680 Att2g1680 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48590	Putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1
$\begin{array}{c} \cdot \cdot$	0,0022015 0,00531029 0,00011452 0,000531029 0,00011452 0,00053927 0,000469626 0,00178313 0,02884493 0,00056654 0,00178313 0,00056654 0,0007857 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,00037237 0,000354125 0,00005341 0,00005341 0,00005341 0,00005341 0,00005341 0,00005341 0,00002865 0,00002865 0,0002865 0,0002865 0,0002865 0,0002865 0,0002597 0,0005201 0,0002597 0,00002597 0,0000577 0,0000577 0,000057	200492_a1 266265_at 266265_at 262343_at 262281_at 262281_at 262285_at 262656_at 248188_at 249752_at 249752_at 249752_at 249752_at 254263_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 263374_at 263374_at 263374_at 263374_at 263374_at 263374_at 263374_at 263374_at 262028_at 263374_at 262028	Att2g22340 Att2g22340 Att2g22240 Att2g22240 Att5g52640 Att5g52640 Att5g5470 Att5g5470 Att5g54770 Att3g4471 Att5g24660 Att2g20770 Att3g25450 Att2g38800 Att4g17840 Att3g55600 Att4g25200 Att2g5560 Att2g5560 Att2g5560 Att2g5560 Att2g18130 Att2g20560 Att2g20560 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g2540 Att3g48570 Att3g48570 Att3g48570 Att3g48570 Att3g4570 Att3g4570 Att3g4570	Putative seed instandard protein putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1
$\begin{array}{c},$	0.0022015 0.00531029 0.00011452 0.00040018 0.00040018 0.00469526 0.00158568 0.00158568 0.00158568 0.0017813 0.002864493 0.00056654 0.00017857 0.00037237 0.00019285 0.00028632 0.0002873 0.00028632 0.00035412 0.0000284125 0.0000284125 0.0000284125 0.000028412 0.00000000000000000000000000000000000	200452_a1 2662665_at 2662665_at 262343_at 262281_at 262281_at 262265_at 248332_at 267041_at 2626566_at 248188_at 249752_at 2462425_at 2462425_at 256266_at 256266_at 256266_at 265266_at 2	At1292340 At1292340 At1292240 At1298570 At15952640 At15952640 At15954070 At15954070 At1594414 At15924660 At2920770 At1592460 At3915780 At5925600 At15925600 At1916830 At4917840 At1916830 At4925200 At1920560 At1916200 At1920560 At1920560 At1940 At1925580 At1940 At1925580 At1940 At1925580 At192740 At192590 At192740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740 At19740	Putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z6679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GGL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein ubiquinolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein Hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxyenase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:13012. Hsp70b (heat shock protein 70B); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein predicted by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein [KST1 (endoxyloglucan transferase) - Pisum sativum, EMBL:AB015428 major latex protein type3 identical to major latex protein (SB):AA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana] putative protein similar to unknown protein (gb]AAF00631.1);supported by GII-length cDNA: Ceres:10299. hypothetical protein hypothetical protein (A1-156) identical to GH:376161 from [Medicago sativa] 17.6 KDA heat shock protein (A1-156) identical to GH:3761761 from [Medicago sativa] heat shock protein (A1-156) identical to GH:376161 from [Singis alba] ATESP101 (ARABIDOPSIS THALLANA EXPANSIN-LIKE A1) GH3.4; indel-3-acetic ad aimdo synthetase ATHSP101 (ARABIDOPSIS THALLANA EXPANSIN-LIKE A1) GH3.4; in
$\begin{array}{c}$	0.00220015 0.00531029 0.00011452 0.00011452 0.00011452 0.0004018 0.00158568 0.00158568 0.00170313 0.02884493 0.0006664 0.00007857 0.00007857 0.00007857 0.00007828 0.01094126 0.00005341 0.000052842 0.00002865 0.0002865 0.000252842 0.00024058 0.000252842 0.000252842 0.000252842 0.000252842 0.000252842 0.000252842 0.000252842 0.0002579 0.000252842 0.0002579 0.0002579 0.0002579 0.0002579 0.0002579 0.0002408 0.0002408 0.0002797 0.00039774	200492_a1 266265_at 2663433_at 266265_at 262381_at 262281_at 262281_at 262281_at 262265_at 262284_at 266266_at 245243_at 249752_at 256265_at 25626	Att2g22340 Att2g22340 Att2g22240 Att2g22240 Att1g68570 Att3g52640 Att2g34315 Att1g14200 Att3g54070 Att3g24414 Att3g24660 Att3g2670 Att3g25450 Att3g25450 Att3g15780 Att3g2580 Att3g15780 Att3g2580 Att3g1680 Att3g1680 Att3g2580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48580 Att3g48590 Att3g48570 Att3g5400 Att3g5400 Att3g45970 Att3g5407 Att3g5407 Att3g5407 Att3g5407 Att3g5407 Att3g5407 Att3g5407 Att3g5407 Att3g5407 Att3g45970 Att3g45970 Att3g45970 Att3g46570 Att3g46570 Att3g46570	Putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-8 GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein protein focation of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z26679 GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein hypothetical protein - supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein :supported by full-length cDNA: Ceres: 13012. Hsp70b (heat shock protein 70B); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein redicted by generinder endoxyloglucan transferase-like protein date; protein type3 GB:CAA63027 G1:107495 (Arabidopsis thaliana] putative heat shock protein :supported by full-length cDNA: Ceres: 2528. Unative heat shock protein :supported by full-length CDNA: Ceres: 1029. Hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63027 G1:107495 (Arabidopsis thaliana] putative heat shock protein is nuportein to heat shock protein (bp)AF00631.1);supported by full-length cDNA: Ceres: 10299. Hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63027 G1:107495 [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63027 G1:107495 [Arabidopsis thaliana] putative heat shock protein (AA1-156) identical to G1:4376161 from (Arabidopsis thaliana] hypothetical protein hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein G1
$\begin{array}{c} \cdot 3, 13 \\ \cdot 3, 14 \\ \cdot 3, 15 \\ \cdot 3, 18 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 21 \\ \cdot 3, 21 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 28 \\ \cdot 3, 32 \\ \cdot 3, 34 \\ \cdot 3, 35 \\ \cdot 3, 35 \\ \cdot 3, 36 \\ \cdot 3, 37 \\ \cdot 3, 44 \\ \cdot 3, 47 \\ \cdot 3, 55 \\ \cdot 3, 58 \\$	0.0022015 0.00531029 0.00011452 0.000531029 0.00011452 0.00053927 0.000469626 0.00158568 0.00178313 0.02884493 0.00056654 0.0007867 0.00037237 0.00037237 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.00037287 0.000352412 0.00005341 0.00005341 0.00002865 0.00002865 0.0002865 0.0002865 0.0002597 0.0002597 0.0005201 0.0002597 0.00002597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.0000597 0.00000000000000000000000000000000000	200492_a1 266265_at 266265_at 262343_at 262281_at 262281_at 262281_at 262265_at 248188_at 249752_at 249752_at 249752_at 249752_at 254263_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 255265_at 263374_at 263374_at 260285_at 26028_at 26028_at 260295_a	At1292340 At1292340 At1292240 At1298570 At15952640 At15952640 At1595470 At1595470 At1594471 At1594471 At1594471 At1594471 At15924660 At1292770 At1294780 At1291780 At1291780 At1291780 At1291780 At1291780 At1291780 At1291780 At12918800 At12918800 At12920560 At129200 At1	Putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi 14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein Unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z66679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein protein tocation of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z66679 GGL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein locaticed by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GGL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein unknown protein hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein hypothetical protein 70B); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein predicted by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein LKGT1 (endoxyloglucan transferase) - Pisum sativum, EMBLAB015428 putative protein similar to unknown protein (gb]AAF00631.1); supported by full-length cDNA: Ceres: 1029. hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63027 GI:1107495 [Arabidopsis thaliana] putative protein jamilar to reticuline oxidase-like protein GB:CAA63027 JCI:1107495 [Arabidopsis thaliana] putative protein jamilar to reticuline oxidase-like protein GB:CAB45849 GI:5262223 from [Arabidopsis thaliana] putative protein jamilar to reticuline oxidase-like protein GB:CAB45849 GI:526223 from [Arabidopsis thaliana] putative protein jamilar to tretsCH PAPANSIN-LIKE A1) GH3.4; indole-3-acetic acid amido synthetase ATHSP101 (ARABIDOPSIS THALLANA EXPANSIN-LIKE A1) GH3.4; indole-3-acetic acid amido synthetase ATHSP101 (ARABIDOPSIS THALLANA EXPANSIN-LIKE A1) GH3.4; indole-3-acetic acid ami
$\begin{array}{c},$	0.0022015 0.00531029 0.00011452 0.00040018 0.00040018 0.00040018 0.00469526 0.00158568 0.00158568 0.00158568 0.00178313 0.002864493 0.00056654 0.00037237 0.00019285 0.00023237 0.00019285 0.00023231 0.0002612 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.0000264125 0.00002851 0.0002851 0.00000000000000000000000000000000000	200452_a1 2662665_at 2662665_at 262343_at 262281_at 262281_at 262265_at 248332_at 267041_at 2626565_at 248188_at 249752_at 265265_at 265	At12g22340 At12g22340 At12g22340 At12g8570 At15g52640 At15g52640 At15g52640 At15g5460 At15g4471 At15g4471 At15g4471 At15g4471 At15g4477 At15g1680 At15g25600 At15g15600 At15g15600 At15g15600 At15g15600 At15g15600 At15g1680 At15g15600 At15g1680 At1	Dutative seed interval putative seed interval putative seed interval supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PEPTIDE TRANSPORTER PTR2-8 GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein Unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gbl226679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein ubiquinolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein Ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1): 4-coumarate-CoA ligase leuxoanthocyanidin dioxyanase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:13012. Hsp70b (heat shock protein 70B); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6)
$\begin{array}{c} \cdot \cdot$	0.00220015 0.00531029 0.00011452 0.00011452 0.00011452 0.0004018 0.00158568 0.00178313 0.0026654 0.00170313 0.0026654 0.00007857 0.00037237 0.0003723 0.0104126 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00005341 0.00002865 0.00032979 0.00025979 0.00025979 0.00025979 0.00025979 0.00025979 0.00025979 0.00025979	200492_a1 266265 at 2663433_at 266265 at 2663433_at 267241_at 2662666 at 248188_at 249752_at 249752_at 249752_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 256265_at 26626_at 266265_at 266265_at 26626_at 26626_at 266265_at 26626_at 26666_at 26666_at 26666_at 26666_at 26666_at 26666_at 26666_at 26666_at 26666_at 26666_at 26666_at	Att2g22340 Att2g22340 Att2g22340 Att2g22340 Att2g22340 Att2g22340 Att2g34315 Att1g14200 Att5g5470 Att2g34315 Att1g14200 Att5g24660 Att2g20770 Att3g15780 Att3g25450 Att2g238800 Att3g15780 Att3g2580 Att3g15780 Att3g15780 Att3g2580 Att3g18130 Att3g2580 Att3g4880 Att3g18130 Att3g26400 Att3g184970 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860 Att3g12020 Att3g5860	Putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1
$\begin{array}{c} \cdot 3, 13 \\ \cdot 3, 14 \\ \cdot 3, 15 \\ \cdot 3, 18 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 21 \\ \cdot 3, 22 \\ \cdot 3, 32 \\$	0.0022015 0.00531029 0.00011452 0.000531029 0.00011452 0.00053927 0.00040918 0.00158568 0.00158568 0.00170313 0.02884493 0.00056654 0.00017837 0.00007857 0.00037857 0.00037857 0.00037857 0.00037857 0.00037857 0.00037857 0.00035411 0.00005201 0.000354125 0.00002865 0.00002865 0.00002865 0.00002865 0.00002805 0.00025979 0.00025971 0.00025971 0.00025974 0.00025975 0.0002595 0.0002595 0.0002595 0.0002595 0.0002595 0.0002595 0.0002595 0.00002595 0.0000050 0.000000000000000000000000	200492_a1 266265_at 266265_at 262343_at 262281_at 262281_at 262281_at 262265_at 248332_at 2662656_at 248188_at 249752_at 264225_at 255263_at 255263_at 255263_at 255266_at 255266_at 255266_at 255266_at 255266_at 255266_at 255266_at 255266_at 255266_at 263374_at 260374_at 260374_at 260374_at 260374_at 260374_at 260374_at 260376_at 262656_at 262656_at 262656_at 262656_at 262656_at 262656_at 263374_at 260374_at 260376_at 262656_at 262656_at 262656_at 262656_at 262656_at 262656_at 262656_at 262656_at 263374_at 260978_at 2626978_at 2626978_at 2626978_at 262698_at 26	At2g22340 At2g22340 At2g22340 At2g22340 At1g68570 At5g52640 At5g52640 At5g5470 At5g54770 At1g4414 At5g24660 At2g20770 At3g15780 At2g38800 At4g17840 At1g51680 At2g38800 At4g17840 At1g51680 At2g36560 At1g16030 At4g25200 At2g05580 At3g48580 At1g14940 At2g20560 At1g14940 At2g20560 At1g128400 At1g52500 At1g52500 At1g5340 At1g5340 At1g54800 At1g84800	Putative seed instandard protein putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi 14334839_gb_AY035093.1
$\begin{array}{c} .3,13\\ .3,14\\ .3,15\\ .3,2\\ .3,21\\ .3,23\\ .3,21\\ .3,23\\ .3,23\\ .3,23\\ .3,23\\ .3,24\\ .3,34\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,35\\ .3,36\\ $	0,00220015 0,00531029 0,00011452 0,00040018 0,00040018 0,00040018 0,00469526 0,00158568 0,00158568 0,00178313 0,02884493 0,00056654 0,00037237 0,00019285 0,00028632 0,01094126 0,00003787 0,00028632 0,000284125 0,000284125 0,00003541 0,0000284125 0,0000284125 0,000028412 0,000028412 0,000028412 0,000028412 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00002841 0,00000000000000000000000000000000000	200452_a1 2662665_at 2662665_at 262343_at 262281_at 262281_at 262281_at 262265_at 248138_at 248332_at 248332_at 248343_at 249752_at 245243_at 245265_at 255265_at 255296_at 255296_at 255296_at 255296_at 255296_at 265265_at 26526_at 265265_at 26526_at 265265_at 265265_at 265265_at 265265_at 265265_at 265265	At2g22340 At2g22340 At2g22340 At2g22340 At1g68570 At5g52640 At5g52640 At2g34315 At1g14200 At5g54070 At1g4414 At5g24660 At2g20770 At3g15780 At5g25450 At5g25450 At2g38800 At4g17840 At1g15780 At4g25800 At1g1683 At4g15620 At1g16830 At4g15620 At1g59500 At1g59500 At1g7310 At2g46240 At1g59500	Putative seed inductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_ MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase peptide transporter, putative similar to PETIDE TRANSPORTER PTR2-B GB:P46032 from [Arabidopsis thaliana] ATHSP90.1 (HEAT SHOCK PROTEIN 90.1); ATP binding / unfolded protein binding unknown protein unknown protein location of EST TAT5A03; 5 end, gb]Z6679 AT-HSFA9; DNA binding / transcription factor hypothetical protein predicted by genemark.hmm LSU2 (RESPONSE TO LOW SULFUR 2) GCL2 (GCR2-LIKE 2); catalytic unknown protein ubiquinolcytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein ubiquinol-cytochrome-c reductase-like protein ubiquinolcytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) unknown protein hypothetical protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 38412. 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein :supported by full-length cDNA: Ceres:13012. Hsp70b (heat shock protein 70B); ATP binding ATHSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6) unknown protein predicted by genefinder endoxyloglucan transferase-like protein [LAFF06631.1]; supported by GlI-length cDNA: Ceres:1002. Hsp70b (heat shock protein issupported by full-length cDNA: Ceres:25628. putative protein similar to refluctine oxidase-like protein GI:9617 from [Medicago sativa] hypothetical protein issupported by full-length cDNA: Ceres:2502. putative protein similar to refluctine oxidase-like protein GI:9617 from [Medicago sativa] heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from [Medicago sativa] heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from [Medicago sativa] heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from [Medicago sativa] heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from [Medicago sativa] heat shock protein (AA 1-156) identical to GI:4376161 from [Medicago sativa] heat shock protein (AA 1-156)