

## Regulation events in Ingrid (*Mlo*)

Match ID	Signature	Description
1828968	AGCTAGAAGGGATGCGCC	
1829397	AGCTTTNGCTGTCCCTGC	Cysteine synthase (O-acetylserine sulfhydrylase) (O-acetylserine (Thiol)-lyase) (CSase A) (OAS-TL A) pir  JS0762 cysteine synthase
1830188	AGCTATACGGACATYCCA	UDP-D-glucuronate decarboxylase [ <i>Hordeum vulgare</i> ] ---- 78 0.0 AAT80327.1
1831156	AGCTAGACACTATGGATA	chitinase (EC 3.2.1.14) cht2b precursor - barley emb CAA55345.1  chitinase [ <i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i> ] ---- 67 1e-146 S4884
1831606	AGCTCGAGCAGCAGAGGC	Putative phosphoribosylanthranilate transferase [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] ---- 30 0.0 AAM19104.1
1833281	AGCTGTCNNTTGAGGTCTA	O-methyltransferase [ <i>Secale cereale</i> ] ---- 27 1e-118 AAO23335.1
1834186	AGCTCTGRACTCACCCGA	
1834509	AGCTGTACGTCACCCCTA	
1834600	AGCTCAGGRCGACCCCN	
1834823	AGCTGAGTTTATGTGTCT	P0697C12.13 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] dbj BAB64678.1  P0697C12.13 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] ---- 44 2
1835026	AGCTTGCCATCTACAMGA	putative cytochrome P450 [ <i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i> ] ---- 2 2e-80 CAD42637.1
1835369	AGCTAAGAMAACCGCAA	
1835831	AGCTCCAAAATAAGGCCS	cytochrome b5 reductase [ <i>Zea mays</i> ] ---- 58 1e-140 AAD17694.1
1835893	AGCTCTGGGATCCGCTCG	unknown protein [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] gb AAG46152.1  unknown protein [ <i>Oryza sativa</i> ] gb AAP55199.1  unknown p
1836249	AGCTCGACATGGAACAA	OSJNBa0027O01.2 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] emb CAD39708.1  OSJNBa0052P16.24 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-)
1836373	AGCTGTGGAACGACAACA	RNA-directed RNA polymerase - common tobacco emb CAA09697.1  RNA-directed RNA polymerase [ <i>Nicotiana tabacum</i> ] ---- 1 2e-8
1836426	AGTTGTACCTGTTGAAT	cold acclimation protein WCOR413 - wheat gb AAB18207.1  cold acclimation protein WCOR413 [ <i>Triticum aestivum</i> ] ---- 1 1e-55 T068
1837036	AGCTGCCGTTCTATCTTA	reversibly glycosylated polypeptide [ <i>Triticum aestivum</i> ] ---- 125 0.0 CAA77237.1
1837254	AGCTGTAGATAGAGGAGT	OSJNBa0013K16.5 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] ---- 1 1e-24 CAE03756.1
1837600	AGCTGGNAATCTTGACT	
1838614	AGCTGTGATTACTGCCGT	plastocyanin-like domain-containing protein [ <i>Arabidopsis thaliana</i> ] sp Q9T076 ENL2_ARATH Early nodulin-like protein 2 precursor (P
1838951	AGCTARAGTGATGGTGTC	P0703B11.26 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] dbj BAB85306.1  P0703B11.26 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] ---- 4 1e
1838963	AGTTGCNTAGAGCATGT	protein kinase ATN1 (EC 2.7.1.-) - <i>Arabidopsis thaliana</i> emb CAA63387.1  protein kinase [ <i>Arabidopsis thaliana</i> ] ---- 3 7e-62 S61766
1839376	AGCTGTCTGAACATTTCT	
1839579	AGTCCCGCATCATNTTG	P0481E12.6 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] dbj BAB56021.1  P0481E12.6 [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] ---- 1 1e-1
1840413	AGCTGCNNGTCTGGTCTC	hypothetical protein (clone ES2A) - barley emb CAA55976.1  ES2A [ <i>Hordeum vulgare</i> ] ---- 103 1e-91 S57789
1840414	AGCTGTGCGYCTGGCCTC	
1840566	AGCTGCATTAGTTGGTCT	putative ribosomal protein [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] gb AAS01983.1  putative ribosomal protein [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i>
1840676	AGCTGCACAAAAGTAAGC	unnamed protein product [ <i>Oryza sativa</i> ( <i>japonica</i> cultivar-group)] sp P83649 SRS1_ORYSA Salt-stress root protein RS1 dbj BAA965
1840809	AGCTACACGCGTKGTAGC	
1840813	AGCTATAAGTAGCCACAC	

<b>Fragm. size (bp)</b>	<b>mlo5 Contr mean</b>	<b>mlo5 Contr SD</b>	<b>mlo5 Inf mean</b>	<b>mlo5 Inf SD</b>	<b>mlo5 p (t-test)</b>	<b>mlo5 Regul. factor</b>	<b>Mlo Contr mean</b>	<b>Mlo Contr SD</b>	<b>Mlo Inf mean</b>	<b>Mlo Inf SD</b>	<b>Mlo p (t-test)</b>	<b>Mlo Regul. factor</b>
197	2,5	1,2	26,2	6,4	0,003	10,6	1,5	0,6	18,3	5,4	0,006	12,5
223	0,2	0,1	2,7	0,6	0,002	11,0	0,4	0,2	2,1	0,5	0,004	5,3
90	10,3	4,2	38,4	5,9	0,003	3,7	6,8	0,8	30,1	4,0	0,001	4,4
242	1,6	0,1	26,0	11,4	0,021	16,5	1,7	1,4	14,5	9,7	0,207	8,5
375	0,8	0,5	5,3	3,2	0,066	6,3	10,6	6,4	42,3	7,4	0,005	4,0
166	17,4	5,6	4,4	1,3	0,017	-4,0	12,6	3,9	2,0	0,5	0,009	-6,4
258	10,7	2,9	15,6	4,1	0,171	1,5	3,4	0,7	25,3	6,3	0,004	7,3
183	7,9	2,0	62,2	18,1	0,007	7,8	11,4	2,2	47,6	6,1	0,001	4,2
247	2,0	1,1	15,8	6,2	0,019	7,9	1,6	0,5	21,8	10,8	0,032	13,3
145	4,4	2,7	44,4	6,9	0,001	10,1	4,2	2,5	37,7	5,2	0,001	9,1
235	0,7	0,0	13,8	3,3	0,002	20,4	0,6	0,1	10,3	2,8	0,004	17,8
174	0,9	0,4	9,5	3,2	0,010	10,6	0,7	0,2	8,8	2,9	0,008	11,9
240	16,4	5,3	48,5	3,1	0,001	2,9	9,7	3,0	49,9	4,2	0,000	5,1
288	1,3	0,7	12,0	4,6	0,017	9,2	1,5	0,5	12,7	4,5	0,013	8,5
321	0,3	0,1	16,4	9,5	0,041	61,7	0,6	0,3	12,3	6,9	0,042	19,7
212	2,1	0,4	42,8	7,5	0,001	20,8	1,5	0,8	34,8	10,1	0,005	22,8
161	16,8	4,2	2,3	0,6	0,004	-7,2	16,5	4,9	2,6	1,0	0,008	-6,3
252	8,8	2,3	22,1	4,6	0,011	2,5	7,3	1,2	42,5	7,4	0,001	5,8
121	3,8	0,6	0,4	0,0	0,001	-10,8	4,6	0,9	0,7	0,1	0,002	-6,9
179	0,6	0,4	2,1	1,3	0,267	3,6	0,3	0,1	2,2	1,0	0,031	6,5
154	0,9	0,3	16,5	4,5	0,004	17,6	0,9	0,3	18,7	4,0	0,002	20,2
213	0,9	0,5	27,0	12,8	0,023	30,0	1,2	0,6	21,9	11,5	0,035	18,7
225	0,6	0,5	4,6	2,4	0,042	7,3	0,5	0,1	4,4	2,5	0,054	9,3
299	0,5	0,2	6,6	3,5	0,038	14,4	0,6	0,1	6,8	3,8	0,046	12,0
223	7,6	2,5	1,8	0,3	0,016	-4,2	12,2	2,7	2,0	0,3	0,003	-6,2
166	2,1	1,1	31,8	11,7	0,012	15,4	1,3	0,7	29,2	10,9	0,012	22,7
165	1,1	0,2	10,9	1,5	0,000	9,8	0,9	0,1	10,2	1,8	0,001	10,9
217	27,0	0,3	2,5	1,2	0,000	-10,6	17,8	0,6	3,4	0,7	0,000	-5,2
309	3,9	0,8	0,4	0,1	0,002	-9,7	3,4	0,7	0,5	0,2	0,002	-6,3
161	0,3	0,2	24,0	5,3	0,001	76,5	0,3	0,0	16,0	4,2	0,003	60,2
157	2,4	0,5	22,6	2,3	0,000	9,6	2,9	0,7	15,2	2,6	0,001	5,3

1840859 AGCTAGGCATACGTAGTT beta-ketoacyl-CoA synthase, putative [Arabidopsis thaliana] pir|T00951 probable 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase (EC 2.3.1.  
1841489 AGCTAGGGACNTCGCGTC B1139B11.9 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 2e-46 BAB90781.1  
1841983 AGCTCAACNCGCCGCTTA 12-oxophytodienoic acid reductase [Oryza sativa] emb|CAD89604.1| oxo-phytodienoic acid reductase [Oryza sativa (japonica cultivar  
1842015 AGCTGGCCAAGAGCAGGG HMGI/Y protein [Zea mays] ---- 3 2e-05 CAB40849.1  
1842075 AGCTGACTAACTGCTAAT deoxynucleoside kinase family [Arabidopsis thaliana] ---- 11 1e-169 NP\_565032.2  
1842173 AGCTCGTACSCNACCGTC ----  
1842273 AGCTCAACTGGCTACATG ----  
1842512 AGCTCGGGAACATCARTT ----  
1842864 AGCTGTATGTAAAGTRNC putative alpha-galactosidase preproprotein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB12570.1| alpha-galactosidase [Oryza sativ  
1843264 AGCTGTTGATGTNGGCCN glutamate-ammonia ligase (EC 6.3.1.2), cytosolic - barley (fragment) ---- 103 0.0 S30569  
1843320 AGCTGTGAGGAANAAGCA putative tetrafunctional protein for glyoxysomal fatty acid beta-oxidation [Oryza sativa] ---- 38 3e-26 NP\_910159.1  
1843591 AGCTCTGGNAACCGWCA P0677H08.8 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB89793.1| P0677H08.8 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 7 5e-7  
1844071 AGCTGACTGTCGATGAAC transcription factor EREBP1 [Oryza sativa] ---- 43 1e-136 AAF23899.1  
1844079 AGCTACTGGTGGATTAGT putative arm repeat-containing protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 7 1e-170 BAD09539.1  
1844090 AGCTACGTTTCMGGCCGTA ----  
1845187 AGCTCTTGACTCCAAGA putative B12D protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 17 2e-35 BAC84633.1  
1845494 AGCTCCACACNNTTCTCT putative mitochondrial dicarboxylate carrier protein [Arabidopsis thaliana] ---- 4 3e-20 AAM63236.1  
1845545 AGCTACCDGTTTGACAAG ----  
1845546 AGTTACTGTTTGACTAG blue copper binding protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 5 9e-70 CAE51320.1  
1846122 AGCTACACGAGCCNGAAG ----  
1847101 AGCTCTGTTCCCTTTTA ----  
1847160 AGCTCGGTGGCCGGGAAA putative auxin-regulated dual specificity cytosolic kinase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 4 3e-58 BAC80085.1  
1847840 AGCTAGACACGACGGACA ----  
1848345 AGCTGAAGACCGACCGAT putative zinc finger transcription factor [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB12694.1| putative zinc finger transcription facto  
1848433 AGCTACTGCCGCCGCTGG cytochrome P450 [Triticum aestivum] ---- 7 1e-129 AAG17469.1  
1848508 AGCTCACCAAGTCCCAGT Adenosylhomocysteinase (S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase) (AdoHcyase) pir|T06764 adenosylhomocysteinase (EC 3.3.1.1) -  
1848585 AGCTGGTGTGYGTTGTCC hydroxyproline-rich glycoprotein DZ-HRGP [Volvox carteri f. nagariensis] ---- 11 1e-17 CAB62280.1  
1848639 AGTKCCAACCTTCNATA ----  
1848677 AGCTATAGNGGTCGACAA putative latex protein allergen [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD09204.1| putative latex protein allergen [Oryza sativa (j  
1848748 AGCTGGTCTCTATTTGC ----  
1848966 AGCTAAGGGCACGTAGTC ----  
1848988 AGCTGGCAAARMGAATAG putative rubisco subunit binding-protein alpha subunit precursor (60 kDa chaperonin alpha subunit) [Oryza sativa (japonica cultivar-gr  
1849644 AGCTGCCAGCACGAANGN ----  
1849678 AGCTCAAGCTTACCGAC NADP malic enzyme [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 76 0.0 AAQ99276.1  
1849928 AGCTAGYGTAGAATTCAA P0031D11.20 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB67886.1| P0031D11.20 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 2e

121	0,8	0,6	12,1	4,3	0,011	15,2	1,4	0,4	15,5	4,2	0,005	11,0
219	2,3	0,3	10,3	3,8	0,022	4,5	1,1	0,4	11,8	5,7	0,031	10,6
217	5,6	0,3	18,1	1,9	0,000	3,2	3,4	0,3	13,2	1,8	0,001	3,9
192	35,3	2,1	33,4	0,5	0,205	-1,1	11,6	0,3	47,5	2,5	0,000	4,1
141	6,7	1,3	26,8	2,8	0,000	4,0	5,9	0,8	24,7	3,3	0,001	4,2
131	2,3	0,9	42,2	9,3	0,002	18,1	2,7	1,0	30,2	2,8	0,000	11,4
221	2,5	0,3	13,3	3,5	0,006	5,3	0,8	0,3	15,7	4,2	0,004	19,2
108	0,4	0,2	2,4	0,8	0,012	5,8	0,4	0,1	4,5	0,7	0,000	12,3
140	9,9	0,4	2,3	0,5	0,000	-4,2	10,8	1,3	2,0	0,3	0,000	-5,5
162	1,2	0,9	15,1	2,9	0,001	13,0	0,8	0,6	11,1	2,2	0,001	13,8
115	2,4	0,3	0,4	0,1	0,000	-6,1	2,8	0,7	0,6	0,1	0,005	-4,6
228	2,7	1,2	10,7	3,6	0,021	4,0	1,4	0,7	11,6	4,2	0,015	8,1
153	1,0	0,4	3,2	0,4	0,003	3,2	0,8	0,1	3,7	0,5	0,001	4,7
146	4,0	0,6	20,9	2,8	0,001	5,2	3,2	1,1	15,3	2,8	0,002	4,8
138	0,4	0,3	4,3	1,9	0,022	9,9	0,5	0,1	4,4	2,4	0,050	8,7
241	0,8	0,2	49,5	7,3	0,000	58,4	0,3	0,1	48,7	7,3	0,000	152,7
183	6,5	0,2	19,5	4,4	0,007	3,0	2,4	0,4	14,4	2,2	0,001	6,0
219	2,1	1,0	13,0	2,7	0,003	6,1	1,5	0,4	18,0	5,9	0,009	12,0
220	4,1	0,4	57,2	14,2	0,003	14,0	2,3	0,4	74,2	9,3	0,000	32,3
155	0,6	0,3	53,3	35,4	0,062	85,4	0,4	0,1	40,1	31,8	0,097	90,9
109	5,9	0,5	1,0	0,2	0,000	-6,2	6,4	2,6	1,0	0,1	0,023	-6,3
221	2,2	0,6	8,3	1,8	0,005	3,7	1,0	0,5	10,0	2,5	0,004	9,9
165	0,3	0,0	15,9	7,3	0,021	47,4	0,3	0,1	6,1	2,8	0,024	18,9
264	5,0	1,7	0,6	0,1	0,011	-8,1	7,0	2,1	1,1	0,3	0,009	-6,3
347	0,8	0,3	37,9	7,4	0,001	49,3	1,1	0,4	38,7	2,2	0,000	33,8
445	0,7	0,3	3,6	1,3	0,020	5,0	1,2	0,2	5,6	1,3	0,005	4,8
190	27,7	10,0	2,0	0,5	0,011	-13,9	16,4	6,8	2,9	0,7	0,026	-5,7
147	2,8	0,5	16,4	6,9	0,028	5,9	1,4	0,2	10,2	3,2	0,009	7,2
117	0,4	0,2	44,3	21,7	0,024	116,2	0,8	0,2	45,9	4,8	0,000	56,7
219	1,1	0,2	6,8	1,3	0,002	6,1	0,8	0,2	8,8	0,9	0,000	10,4
204	0,8	0,2	39,2	5,5	0,000	50,8	1,1	0,2	40,7	4,2	0,000	36,3
184	0,4	0,2	4,8	1,7	0,011	11,4	0,6	0,0	6,4	1,8	0,005	11,5
262	0,9	0,2	8,1	1,8	0,003	9,4	0,9	0,1	8,4	0,9	0,000	9,2
290	1,8	1,1	21,6	3,5	0,001	11,8	2,4	0,6	20,2	3,9	0,001	8,5
214	4,9	2,9	7,4	0,9	0,223	1,5	2,7	1,6	19,0	2,0	0,000	7,1

1850117 AGCTGTGCGATAATATGTT OSJNBa0086O06.9 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 23 1e-13 CAE04861.2  
1850879 AGCTGAGCAGTCSWCCGG putative putative glucosyltransferase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAP53972.1| putative putative glucosyltransferase [C  
1850896 AGCTGTTCTGCATCGCGG subtilisin-like protein [Toxoplasma gondii] ---- 4 4e-05 AAK94670.1  
1851511 AGCTGTCTAGTGATNNGG  
1851576 AGCTGTGCTTTCAGCAAG ----  
1851844 AGCTGTTTGACCAACTGA  
1852485 AGCTGCGTAGTCGTCTCC  
1852879 AGCTCAAAGTCGTTTTTG  
1852904 AGCTNNATGGTCGGTCTT  
1852948 AGCTGTAAAATTAATGGA germin-like protein - barley emb|CAA63659.1| oxalate oxidase-like protein or germin-like protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare] --  
1853220 AGCTGTATGCGTGMGTGC chlorophyll a/b-binding protein CP29 precursor - barley emb|CAA44777.1| Precursor of CP29, core chlorophyll a/b binding (CAB) pro  
1853453 AGCTAATCAGGAANCTRG putative glycine-rich protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD09471.1| putative glycine-rich protein [Oryza sativa (japor  
1853463 AGCTCAGATCGTCCGGCC  
1853936 AGCTCCNNCTGCTGTTC xyloglucan-specific fungal endoglucanase inhibitor protein precursor [Lycopersicon esculentum] ---- 1 4e-19 AAN87262.1  
1854170 AGCTGAGATGCWGTHCAC  
1854211 AGCTCAGCCAGGCACTGT OSJNBa0088H09.6 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 10 0.0 CAE03448.1  
1854433 AGCTAACNATCANATTGT probable pyruvate dehydrogenase beta chain precursor (PDB1) [MIPS] [Neurospora crassa] ---- 1 5e-96 XP\_330191.1  
1854441 AGCTCATGTATCATCACA ----  
1854447 AGCTACAGAGTCTGGTTG ----  
1854923 AGCTACMTACCAAAKCA  
1854963 AGCTACGCCAGATGAACG  
1855156 AGCTATCCTAAGGCATAA hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAK98716.1| Hypothetical protein [Oryza sativa] gb|AAP53119.1| hypc  
1855206 AGCTGACAAGGCTCGCCA putative cyclic nucleotide and calmodulin-regulated ion channel protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 1 3e-13 AAP38213.1  
1855214 AGCTGGCAATGAGGGGNG  
1855318 AGCTACNTAWTTATTTGA glutathione S-transferase GST 34 [Zea mays] ---- 23 4e-84 AAG34842.1  
1855320 AGCTTANNTATTATTTGA blue copper binding protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 17 3e-69 CAE51320.1  
1855748 AGCTATGCGAAGGACGAC thaumatin-like protein TLP7 [Hordeum vulgare] ---- 9 9e-74 AAK55325.1  
1856336 AGCTAGAAGATGGATKCC UDP-D-glucuronate decarboxylase [Hordeum vulgare] ---- 25 0.0 AAT80328.1  
1856415 AGCTTSCCCCGACTCCAA  
1856439 AGCTCCTGGCAGTTTTGA  
1856693 AGCTCTNCCCCYGCCCGC RUB1-conjugating enzyme [Triticum aestivum] ---- 15 1e-92 AAP80608.1  
1857164 AGCTGCTCTTGTCTTCAG putative receptor-like protein kinase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 7 1e-140 AAO41138.1  
1857225 AGCTCACCGGCCGCGSSGA putative RNA-binding protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAG21903.1| putative RNA binding protein [Oryza sativa] ----  
1857257 AGCTGCAAATATCGACAT expressed protein [Arabidopsis thaliana] gb|AAQ89631.1| At3g27100 [Arabidopsis thaliana] ---- 10 2e-35 NP\_189346.2  
1857353 AGCTGCMCGCGCCGCTTA

188	4,2	0,7	21,5	1,3	0,000	5,1	2,4	0,6	13,2	1,1	0,000	5,6
228	1,9	0,6	25,0	3,3	0,000	13,0	1,5	0,1	19,7	1,6	0,000	12,9
214	2,0	0,6	12,7	1,1	0,000	6,5	1,6	0,3	10,2	1,3	0,000	6,3
235	2,1	0,7	20,3	4,0	0,002	9,7	2,0	0,9	18,0	2,8	0,001	8,9
292		0,0	0,5	0,3	0,028		0,3	0,1	1,3	0,7	0,199	5,0
132	0,8	0,1	14,8	4,0	0,004	19,0	0,9	0,3	21,5	10,5	0,027	22,8
223	6,3	1,4	61,8	4,5	0,000	9,8	7,3	1,4	41,7	7,2	0,001	5,7
200	0,3	0,1	16,5	5,5	0,007	63,9	0,8	0,2	16,7	4,3	0,003	20,7
179	0,5	0,3	3,1	0,4	0,001	6,0	0,5	0,0	2,7	0,4	0,001	5,9
141	2,0	0,3	27,5	9,0	0,008	13,5	0,8	0,3	29,2	7,5	0,003	34,5
238	0,3	0,2	8,2	2,1	0,003	28,5	0,7	0,6	5,9	1,9	0,011	8,6
130	1,0	0,0	11,9	3,9	0,008	12,1	0,6	0,1	7,5	2,8	0,013	13,4
137	4,7	0,4	1,9	0,4	0,001	-2,4	5,2	0,1	1,3	0,2	0,000	-3,9
273	3,6	0,2	29,2	4,9	0,001	8,1	2,8	0,9	20,9	5,7	0,006	7,6
224	9,6	1,2	19,5	2,3	0,003	2,0	4,8	0,7	24,4	3,9	0,001	5,1
261	2,9	1,1	26,6	2,1	0,000	9,2	3,5	1,6	28,5	1,9	0,000	8,1
181	1,4	0,2	2,1	0,5	0,075	1,5	4,4	1,6	0,8	0,2	0,019	-5,6
173	1,0	0,2	46,9	6,4	0,000	47,2	0,7	0,3	22,6	3,4	0,000	30,9
167	14,5	3,9	33,5	6,5	0,013	2,3	4,8	1,1	33,7	6,7	0,002	7,1
191	3,2	0,3	11,7	1,5	0,001	3,7	2,5	0,4	9,9	0,8	0,000	4,0
225	32,7	6,2	4,2	0,6	0,001	-7,8	30,2	4,4	10,1	0,7	0,001	-3,0
162	14,1	2,9	2,6	1,4	0,004	-5,5	11,9	2,4	2,1	0,2	0,002	-5,7
121	44,0	5,2	9,6	1,1	0,000	-4,6	47,1	7,3	8,1	0,7	0,001	-5,8
115	1,1	0,6	3,0	0,6	0,009	2,8	1,3	0,1	18,6	3,8	0,001	14,6
242	1,7	1,4	11,5	3,3	0,010	6,7	1,7	0,8	13,3	5,2	0,018	7,9
243	4,0	2,0	49,0	16,6	0,010	12,1	4,9	2,5	52,1	15,3	0,006	10,6
300	0,4	0,3	28,2	3,4	0,000	68,2	0,3	0,0	17,8	13,0	0,080	57,7
95	19,8	6,8	75,2	13,4	0,003	3,8	11,2	2,9	75,8	10,1	0,000	6,8
205	1,2	0,7	25,0	13,5	0,035	21,0	1,2	0,3	11,1	5,3	0,031	9,4
221	2,4	0,5	33,6	7,4	0,002	13,7	2,4	0,7	31,7	11,9	0,013	13,1
127	1,5	0,6	7,4	1,1	0,001	5,0	1,4	0,4	8,0	0,7	0,000	5,7
276	5,3	0,8	14,2	3,0	0,008	2,7	3,9	0,6	19,5	3,9	0,002	5,0
335	18,7	2,9	10,8	1,6	0,014	-1,7	26,7	3,7	5,4	1,1	0,001	-5,0
368	2,6	0,4	1,9	0,6	0,199	-1,3	4,9	1,1	1,1	0,3	0,004	-4,6
214	18,7	4,7	60,2	8,0	0,001	3,2	11,6	4,9	60,6	4,6	0,000	5,2

1857646 AGCTCAARGAGTCTCTGG tryptophan synthase-related [Arabidopsis thaliana] dbj|BAB10143.1| tryptophan synthase beta chain [Arabidopsis thaliana] gb|AAL91  
1857736 AGCTGAGGCCACGATGN receptor protein kinase PERK1-like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD01266.1| receptor protein kinase PERK1-  
1858326 AGCTACTAMAAAGTNAAG Hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 2e-29 AAN05510.1  
1858811 AGCTACTATAGGACTTGC putative LHY protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 3 1e-67 BAC99516.1  
1858927 AGCTTCGGTTGCNNGGTT ----  
1859007 AGCTCAAGGCACGTGTRT unnamed protein product [Arabidopsis thaliana] ---- 3 2e-19 BAB03098.1  
1859471 AGCTTATGTMTTGGTACA  
1859474 AGCTGCATGTGTATGTGT ENSANGP00000023986 [Anopheles gambiae] gb|EAA12549.2| ENSANGP00000023986 [Anopheles gambiae str. PEST] ---- 1 .026  
1859885 AGCTGCAGATCAAGATGN unknown [environmental sequence] ---- 3 5e-09 EAE77593.1  
1860080 AGCTCTAGCCACNNGGCGC  
1860184 AGCTAGCGATTCAAYCATC putative glycine-rich protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD09471.1| putative glycine-rich protein [Oryza sativa (japoc  
1860553 AGCTGGAACCTATCTAGG  
1861132 AGCTGTACCACACCCAAM P0001B06.19 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB16866.1| P0001B06.19 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 12 1  
1861217 AGCTGGNGACATTAACCT DnaJ protein homolog - kidney bean (fragment) gb|AAB36543.1| DnaJ-like protein [Phaseolus vulgaris] ---- 4 8e-24 T11855  
1861660 AGCTACACCACAATCANN nuclease I [Hordeum vulgare] ---- 8 1e-171 BAA82696.1  
1861808 AGCTGTACAASGGNGTCT  
1862206 AGCTACGGCCTNCGGGAC ----  
1862248 AGCTGGCGANTCATCWTC putative protein kinase [Arabidopsis thaliana] ---- 5 1e-22 AAO00872.1  
1862340 AGCTCGCATTTTCGTGTGT pathogenesis-related protein 10 [Hordeum vulgare] ---- 1 2e-38 AAP04429.1  
1863346 AGCTCCGTGCGAATCGTG putative lipid transfer protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAN05565.1| putative lipid transfer protein [Oryza sativa (japoc  
1863658 AGCTACTGGTGTGGTCNT  
1863660 AGCTCACCGCCGCTGCC tonoplast intrinsic protein gamma - barley emb|CAA56553.1| gamma-TIP-like protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 4 2e-75 S  
1864298 AGCTCTTGATCATCACA ----  
1864545 AGCTCGGGCCTCGGTGCC B1131B07.13 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB93351.1| B1131B07.13 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 5 3e  
1864682 AGCTGTGGTGNTTCTNGG protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein [Arabidopsis thaliana] ---- 12 8e-16 NP\_565067.1  
1864854 AGCTCGGCTGCTTATTGC hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAO39879.1| hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-grou  
1865123 AGCTTATAGTATTGGATA putative snRNP splicing factor -related [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD03242.1| putative snRNP splicing factor -relate  
1865277 AGCTCGCGCAAGTCAAAT ----  
1865601 AGCTGCATGTGCCTGTGC OSJNBa0043A12.4 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 1e-33 CAE02799.1  
1865617 AGCTCCATGTCGTCTTAA  
1865670 AGCTAGAAGTAYYCAGT chitinase (EC 3.2.1.14) cht2a precursor - barley emb|CAA55344.1| chitinase [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 43 1e-148 S4884  
1865717 AGCTTCAGCATAGTATGC ----  
1865844 AGCTGCCATTTCTCTCT P0496H05.27 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB55695.1| P0468H06.6 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 1 2e-  
1866186 AGCTCCNACTCAAGATAT  
1866190 AGCTAGAGTGATGTTGTC

214	3,4	0,4	10,0	0,4	0,000	3,0	1,3	0,2	7,9	0,4	0,000	6,2
290	19,0	2,7	23,4	16,5	0,672	1,2	11,3	2,2	50,1	9,0	0,002	4,4
142	0,6	0,1	8,5	1,4	0,001	14,7	0,5	0,1	7,8	2,0	0,003	14,6
273	28,7	3,2	4,0	2,3	0,000	-7,1	39,1	10,8	5,6	2,3	0,006	-6,9
189	16,5	6,7	36,4	3,1	0,009	2,2	2,8	1,2	41,0	2,7	0,000	14,9
127	8,2	1,9	1,7	0,7	0,005	-4,7	9,2	1,3	1,6	0,6	0,001	-5,6
119	2,6	0,3	8,4	1,1	0,001	3,2	2,6	1,3	22,5	3,0	0,000	8,6
116	36,8	8,1	9,2	2,2	0,005	-4,0	37,0	9,3	7,0	1,8	0,005	-5,3
107	16,8	1,1	1,8	0,3	0,000	-9,1	13,2	1,8	2,3	0,6	0,001	-5,9
230	1,1	1,1	10,2	3,5	0,012	9,1	0,6	0,6	9,4	3,3	0,011	14,7
147	1,6	0,1	11,1	1,3	0,000	7,0	1,0	0,2	4,8	1,0	0,003	4,8
202	0,3	0,1	4,7	0,3	0,000	14,3	0,7	0,2	3,8	0,3	0,000	5,5
134	9,5	0,6	0,8	0,2	0,000	-11,9	20,4	1,3	4,4	0,6	0,000	-4,6
212		0,0	1,2	0,3	0,004		0,4	0,2	1,4	0,8	0,235	3,8
338	1,3	0,3	0,6	0,2	0,029	-2,1	3,0	0,8	0,5	0,2	0,007	-6,3
138	0,4	0,1	8,0	1,0	0,000	22,2	0,3	0,1	6,9	0,2	0,000	21,2
166	0,5	0,3	0,4	0,2	0,744	-1,3	1,2	0,7	0,3	0,1	0,219	-4,6
145	1,7	0,5	14,8	3,1	0,002	8,5	1,5	0,2	8,5	2,1	0,004	5,6
110	2,0	0,3	17,6	2,1	0,000	8,7	2,2	0,0	13,8	0,7	0,000	6,3
126	8,0	1,3	42,0	1,9	0,000	5,3	7,5	1,1	35,5	6,7	0,002	4,7
159	1,9	1,6	5,3	1,1	0,040	2,8	0,9	0,3	4,0	0,8	0,003	4,7
160	4,5	2,5	20,7	1,2	0,001	4,6	2,9	0,3	16,5	6,0	0,017	5,6
111	0,7	0,1	60,6	4,2	0,000	86,9	0,7	0,1	29,1	2,0	0,000	42,7
286	0,7	0,3	3,6	2,2	0,084	5,4	0,3	0,0	3,8	2,0	0,043	11,0
233	0,9	0,3	7,0	1,3	0,001	7,4	0,6	0,2	6,7	1,0	0,000	10,4
308	0,8	0,5	7,0	1,8	0,004	8,7	0,7	0,2	5,4	0,6	0,000	7,5
169	6,9	1,0	0,8	0,6	0,001	-8,7	6,4	1,9	0,9	0,4	0,007	-7,2
310	1,1	0,8	4,9	2,4	0,060	4,6	0,5	0,2	4,4	1,6	0,013	8,8
222	4,3	0,3	20,0	1,9	0,000	4,6	4,2	0,5	16,2	0,5	0,000	3,9
236	0,9	0,2	1,9	0,2	0,001	2,3	0,8	0,2	3,4	0,2	0,000	4,2
284	3,2	1,9	55,0	5,2	0,000	17,0	4,2	0,5	29,9	1,5	0,000	7,1
331	0,9	0,1	0,7	0,1	0,125	-1,2	3,3	0,3	0,7	0,1	0,000	-4,9
111	0,8	0,1	17,4	5,4	0,006	21,1	0,8	0,2	14,3	4,1	0,005	17,4
149	30,1	5,6	3,8	1,6	0,001	-7,9	22,2	4,1	4,7	1,9	0,002	-4,8
146	1,7	0,1	78,1	9,2	0,000	45,5	2,6	0,5	63,0	6,7	0,000	24,1



1866202 AGCTGAAAGTGARCCATC  
1866216 AGCTAGATTAGATGTGTG Avr9/Cf-9 rapidly elicited protein 74 [Nicotiana tabacum] ---- 3 3e-21 AAP03884.1  
1866345 AGCTGAGGCCCAANAAGA ubiquitin / ribosomal protein CEP52 - rice dbj|BAA02154.1| ubiquitin/ribosomal polyprotein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ----  
1866638 AGCTGGCCGGAACAGCHN  
1866703 AGCTGCAGGTGGAGATGG P0466H10.24 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 8 1e-120 BAC15791.1  
1866715 AGCTGCCTGAAGGCTCCC  
1866892 AGCTAAGTAGACATGTTC  
1867003 AGCTCATGTAGCMAHTGA -partial [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 .009 AAL86490.1  
1867637 AGCTTGCCAACCTCCCNN  
1867836 AGCTGATCTAACTTGAAT  
1868378 AGCTGTTTTGCTGTAGTC OSJNBa0089N06.15 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 7 3e-47 CAE04254.3  
1868642 AGCTGTCATAAWTGGAAAT root hair defective 3 GTP-binding protein [Triticum aestivum] ---- 19 1e-101 AAS67855.2  
1868767 AGCTGCAAAACATGTANC putative phosphoribosyl pyrophosphate synthase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD08028.1| putative phosphoribosyl py  
1868940 AGCTTTCGCGAGAGAGAG HP8 peptide [Homo sapiens] ---- 32 1e-04 CAA60698.1  
1868973 AGCTGGGCACGGAANACT  
1869018 AGCTTGGCMTAAGATGCW B1078G07.35 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB90213.1| B1078G07.35 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAC  
1869571 AGCTGCTGATACGGTTGY unnamed protein product [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB03362.1| unnamed protein product [Oryza sativa (japonica c  
1869771 AGCTCAAACATTCCTACCG unnamed protein product [Homo sapiens] ---- 3 6e-06 BAC87611.1  
1869841 AGCTAGCCTTGAATCCAA 33 kDa secretory protein-related [Arabidopsis thaliana] dbj|BAA96974.1| 33 kDa secretory protein-like [Arabidopsis thaliana] ---- 18 2e  
1869862 AGCTACTGCCATTGTTGG ----  
1869953 AGCTGTCMNCTCATTAAG ribosomal protein L28-like [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ref|NP\_916554.1| ribosomal protein L28-like [Oryza sativa (japonica  
1870039 AGCTTACACTGCAGGGAA  
1870090 AGCTGTTGTGNCWTCACA ABC transporter-like protein [Glycine max] ---- 1 3e-61 AAL66714.1  
1870549 AGCTGCAGGGAATGTTGC OSJNBa0005N02.3 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 4 1e-105 CAE02070.2  
1870840 AGCTGCTSCCGCCGCCGG cytochrome P450 [Triticum aestivum] ---- 56 0.0 AAG17469.1  
1870871 AGCTAGCTGGGTTGAGAC putative NEP1-interacting protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD08961.1| putative NEP1-interacting protein [Oryza s  
1871201 AGCTCCTCGTCTTGGCAT  
1872107 AGCTCNYGGGGTGTTTGA  
1872639 AGCTTCCCTGCTCCGTGTG  
1872685 AGCTCACACASTGTTGTC ----  
1872872 AGCTCATAACCCGAATGA  
1873068 AGCTCGGCGCAGGATCTA  
1873499 AGCTAGGCTTTGGGNAAN  
1873550 AGCTGTTTCGGGTGGNAGC nodulin-like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 4 1e-114 BAC22240.1  
1874801 AGCTGTGCYAACAAGAGA

136	1,3	0,5	9,8	2,1	0,003	7,4	1,2	0,1	12,2	2,2	0,001	10,2
124	6,3	1,6	7,8	3,5	0,551	1,2	1,4	0,6	11,2	3,4	0,008	8,3
229	2,5	0,3	8,1	1,9	0,008	3,3	1,8	0,5	9,1	2,0	0,004	5,1
264	2,2	0,2	1,0	0,5	0,017	-2,2	3,3	1,1	0,5	0,2	0,013	-6,8
291	10,4	0,9	0,6	0,2	0,000	-17,9	7,9	3,4	2,1	0,3	0,042	-3,8
298	1,3	0,1	6,1	0,5	0,000	4,7	1,5	0,3	7,4	0,2	0,000	4,8
188	1,0	0,1	6,9	0,6	0,000	6,6	1,0	0,3	4,4	0,5	0,000	4,4
94	0,3	0,1	13,2	0,3	0,000	39,6	0,4	0,1	6,5	0,3	0,000	15,8
92	2,1	3,1	89,5	15,2	0,001	41,9	0,5	0,0	104,2	8,4	0,000	211,2
210	1,4	1,3	16,7	0,7	0,000	12,2	1,3	1,0	13,6	2,6	0,002	10,7
146	0,2	0,0	72,7	11,6	0,000	359,5	0,4	0,1	58,2	12,6	0,001	153,5
183	3,8	1,2	11,7	3,2	0,016	3,0	1,6	0,7	11,5	2,2	0,002	7,1
150	1,1	0,5	24,4	7,7	0,006	22,2	1,2	0,5	16,3	5,8	0,011	13,6
209	10,7	0,4	1,3	0,1	0,000	-8,2	10,9	1,4	2,4	0,3	0,001	-4,5
233	0,9	0,7	8,6	3,0	0,012	9,8	0,6	0,4	17,1	6,5	0,012	27,1
265	0,6	0,0	3,1	0,5	0,001	5,4	0,7	0,1	3,3	0,2	0,000	5,0
139	9,1	0,7	53,0	3,7	0,000	5,8	4,7	1,4	33,5	2,5	0,000	7,1
229	5,0	0,3	29,5	7,4	0,005	5,9	5,6	0,6	28,6	7,2	0,005	5,1
156	1,4	0,5	28,7	8,2	0,005	19,9	1,3	0,4	16,8	4,5	0,004	12,5
164	1,5	0,2	19,4	3,4	0,001	12,8	1,5	0,4	18,0	3,1	0,001	11,9
196	0,6	0,3	0,7	0,3	0,164	1,2	0,4	0,3	2,3	0,1	0,000	5,3
219	0,6	0,2	8,4	0,4	0,000	13,1	0,7	0,3	14,2	0,3	0,000	19,5
111	0,7	0,1	27,8	2,0	0,000	40,4	0,5	0,1	14,3	1,0	0,000	27,2
304	8,9	1,7	0,9	0,6	0,002	-10,0	8,5	1,9	1,1	0,7	0,003	-7,7
278	1,2	0,5	5,8	0,5	0,000	5,0	0,7	0,5	9,0	0,3	0,000	13,4
148	5,4	1,5	42,8	9,7	0,003	7,9	4,9	1,4	37,8	9,3	0,004	7,7
177	0,8	0,4	13,1	1,3	0,000	17,3	0,6	0,5	4,6	0,6	0,001	7,6
237		0,0	1,0	0,5	0,030		6,3	3,7	1,2	0,7	0,185	-5,4
195	3,1	0,7	4,5	0,6	0,055	1,5	1,7	0,2	6,0	0,2	0,000	3,5
154	2,5	0,6	0,4	0,2	0,004	-5,8	2,8	0,9	0,5	0,1	0,011	-5,9
261		0,0	4,5	1,9	0,015		0,6	0,2	6,1	2,8	0,028	9,8
142	1,1	0,5	39,0	34,7	0,132	36,2	0,8	0,1	78,8	37,7	0,023	92,8
88	1,5	0,1	4,7	0,3	0,000	3,1	1,8	0,2	7,1	0,4	0,000	4,0
332	0,6	0,1	3,6	0,8	0,003	6,0	0,6	0,3	4,2	0,9	0,003	6,6
212	1,3	0,5	9,5	2,6	0,006	7,4	1,5	0,5	9,8	2,8	0,007	6,6

1875567 AGCTGCGCGTGAGCATGG putative auxin-induced protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD11564.1| putative auxin-induced protein [Oryza sativa (
1875623 AGCTGGAGTGTCTTCAGT putative chloroplast outer envelope hexokinase 1 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 10 1e-180 NP\_914545.1
1876066 AGCTATAGCCGGGGAGAT putative serine/threonine kinase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 21 0.0 BAC10350.1
1876444 AGCTAACCTCTAATGGGC
1876499 AGCTCCCTGGNCCTGGCG
1876778 AGCTCAGATGAACAGTTA
1876785 AGCTGTTGCTCCAACAGT cinnamoyl-CoA reductase [Populus balsamifera subsp. trichocarpa] ---- 6 8e-58 CAC07424.1
1876805 AGCTCTCTAATCACCAA
1876861 AGCTGAAATCTTGAAANN cinnamoyl-CoA reductase [Populus balsamifera subsp. trichocarpa] ---- 6 8e-58 CAC07424.1
1877143 AGCTACGACTGTAAGAGT
1877901 AGCTCMTTGTAATAACNA
1877950 AGCTCAAGCTACTCCCAA
1878061 AGCTTGAAGTGCAAAGAT
1878127 AGCTCCGGGCCCGGGCTG
1878408 AGCTACCCACNNTGTCGT
1878810 AGCTATGGCCACGTAGTT UDP-D-glucuronate decarboxylase [Hordeum vulgare] ---- 78 0.0 AAT80327.1
1878980 AGCTGCNGTCTTKTTGG hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAM92295.1| hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-grou
1879012 AGCTTAGTAGYCATGACA HECT-domain-containing protein / ubiquitin-transferase family protein [Arabidopsis thaliana] ---- 12 0.0 NP\_188346.1
1879348 AGCTSCGAGCAGTTTTTRA tryptophan synthase beta-subunit [Sorghum bicolor] ---- 63 0.0 AAL73524.1
1879360 AGCTGKGGTAATCCGATT
1879788 AGCTGGTTGCAAGTAATC senescence-associated protein-related [Arabidopsis thaliana] ---- 21 2e-10 NP\_199517.1
1881071 AGCTGTTTTGCTGTAGCC
1881382 AGCTGCATGACCTTGCGA P0678F11.26 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 3 5e-69 BAB86119.1
1881644 AGCTCTCATTAGAAAGAA ENDOPLASMIN HOMOLOG PRECURSOR (GRP94 HOMOLOG) pir|S33533 heat shock protein 90 homolog precursor - barley emb
1881673 AGCTTAAGCATAGWGTAT Galactoside 2-alpha-L-fucosyltransferase (Xyloglucan alpha-(1,2)-fucosyltransferase) (PsFT1) ---- 4 6e-44 Q9M5Q1
1881777 AGCTCCGTGGTCTTGCGG
1882725 AGCTSNGAACGGTGTACT OSJNBb0061C13.5 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] emb|CAE05458.3| OSJNBa0073E02.18 [Oryza sativa (japonica cultivar-ç
1883029 AGCTGCACGGGTGGTTCGT
1883426 AGCTTGAANAACAGGAAC
1883971 AGCTAGGAGTGCGCAGCA
1884021 AGCTGATCCCTGAATNTA
1884643 AGCTNGAAGTAAARAGAG acyl-coA synthetase [Cicer arietinum] ---- 1 3e-12 CAA06820.1
1885063 AGCTGTGATGGAACATTS
1885169 AGCTGGACCTGRYCATGC putative iron inhibited ABC transporter 2 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD09633.1| putative iron inhibited ABC transpo
1885185 AGCTCCGSCCAGGCTTT

208	14,5	3,9	54,2	11,1	0,004	3,7	13,0	4,4	79,1	15,7	0,002	6,1
156	2,8	0,2	29,8	1,7	0,000	10,8	3,1	0,2	12,3	0,9	0,000	3,9
92	48,5	5,4	5,0	0,4	0,000	-9,7	36,4	4,5	6,2	1,2	0,000	-5,9
192	4,1	0,6	7,6	0,5	0,001	1,9	3,7	0,4	12,5	0,2	0,000	3,4
241	35,2	2,0	6,1	0,8	0,000	-5,8	31,6	2,0	5,8	0,9	0,000	-5,5
160	21,3	4,6	5,1	1,7	0,004	-4,2	19,5	2,8	4,4	0,8	0,001	-4,4
154	7,3	0,3	41,6	5,2	0,000	5,7	6,8	0,6	43,1	1,6	0,000	6,3
134	5,6	0,3	1,9	0,2	0,000	-2,9	5,6	0,7	1,3	0,0	0,001	-4,1
88	9,9	2,3	54,5	2,0	0,000	5,5	10,2	2,3	65,6	1,9	0,000	6,4
173	2,1	1,1	25,7	5,5	0,002	12,2	1,6	0,7	21,9	6,1	0,005	13,3
172	0,3	0,2	6,7	0,5	0,000	19,8	0,5	0,1	5,7	0,5	0,000	11,2
137	1,1	0,8	12,1	0,6	0,000	11,1	1,5	1,4	10,1	0,7	0,001	7,0
159	1,2	0,7	3,4	1,3	0,041	2,8	0,7	0,3	4,4	0,9	0,003	6,3
213	2,2	1,7	2,3	0,9	0,493	1,1	1,0	0,3	5,2	0,7	0,001	5,4
114	1,1	0,6	1,9	2,4	0,444	1,8	0,7	0,0	2,5	0,3	0,000	3,7
127	8,8	2,6	35,8	7,2	0,004	4,1	7,0	1,4	34,5	8,1	0,004	4,9
191	1,1	0,3	7,5	1,2	0,001	6,9	0,8	0,3	6,4	0,8	0,000	8,3
217		0,0	69,2	40,0	0,116		69,3	40,0	10,3	6,5	0,527	-6,7
218	1,3	0,1	35,3	3,6	0,000	27,6	1,5	0,2	23,7	1,1	0,000	16,1
231	1,1	0,6	14,2	6,0	0,020	13,3	0,8	0,4	14,9	5,3	0,010	17,9
236	29,3	22,6	4,8	0,9	0,134	-6,1	45,3	2,8	6,8	1,4	0,000	-6,6
157	1,6	0,7	47,7	11,7	0,002	29,2	2,2	0,4	34,9	10,2	0,005	16,1
355	5,5	1,0	45,5	7,1	0,001	8,2	4,3	0,6	42,7	9,2	0,002	10,0
203	5,2	2,3	41,4	7,8	0,002	8,0	5,5	2,1	42,4	11,0	0,005	7,8
229	1,4	0,8	4,8	0,5	0,002	3,5	1,5	0,5	7,7	0,7	0,000	5,2
314	0,6	0,2	20,8	9,8	0,023	32,8	0,6	0,2	21,3	11,9	0,040	35,9
342	0,9	0,4	6,1	3,4	0,056	6,6	1,3	0,7	11,0	4,6	0,023	8,4
291	0,6	0,4	17,6	10,6	0,050	31,2	1,1	0,6	17,7	10,2	0,048	16,1
276	8,0	2,8	34,0	3,5	0,001	4,2	6,0	0,5	45,2	5,2	0,000	7,5
149	1,5	0,9	53,0	14,1	0,003	34,4	0,4	0,1	38,4	6,6	0,001	86,5
109	6,6	0,3	1,4	0,1	0,000	-4,7	6,6	0,7	1,5	0,2	0,000	-4,5
254	3,7	2,9	17,5	5,1	0,015	4,7	2,6	1,9	34,4	12,2	0,011	13,4
147	10,4	2,6	15,4	3,1	0,104	1,5	3,4	1,0	23,5	4,6	0,002	6,8
132		0,0	6,1	2,3	0,010		0,5	0,1	3,1	1,1	0,014	6,7
147	1,7	0,1	17,7	0,9	0,000	10,7	1,2	0,2	16,6	2,6	0,001	13,5

1885186 AGCTACCGCCACGGCTTT WIR1A PROTEIN pir|T06988 pathogen-induced protein WIR1A - wheat gb|AAA34311.1| WIR1A ---- 28 7e-07 Q01482  
1885439 AGCTCANAGCGTCAATCG hydroxymethyltransferase [Arabidopsis thaliana] ---- 2 5e-14 AAM64493.1  
1885739 AGCTAGAGATGGAAAAAT  
1886913 AGCTCCGGGATCNTGAGT unknown protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 32 2e-74 BAC55839.1  
1888353 AGCTGCTCAGCCATNGCG ----  
1889104 AGCTAATCACGAAACTAA  
1889166 AGCTGCCTGTCCGCGAGT  
1889276 AGCTCATHAGAAAANGTA OSJNBa0084K20.12 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] emb|CAE02488.2| OSJNBa0076N16.10 [Oryza sativa (japonica cultivar-  
1890256 AGCTGGCAATCCNTTGAA Hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAN64138.1| Hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-gro  
1890465 AGCTGGCTCGGAGCNTAT ----  
1891887 AGCTACCATAKANGGAAA  
1891986 AGCTNGATCGGTCCATCA  
1892797 AGCTGAGTTCGTRCGAGA  
1893213 AGCTAGCTCANTTCGTCC  
1893729 AGCTGCATGTGTATGTGT ENSANGP00000023986 [Anopheles gambiae] gb|EAA12549.2| ENSANGP00000023986 [Anopheles gambiae str. PEST] ---- 1 .026 .  
1893746 AGCTGGAMMTTCGTGCTG  
1893757 AGCTGCAGAGGTGAYAAG Acetylnithine aminotransferase, mitochondrial precursor (ACOAT) (Acetylnithine transaminase) (AOTA) emb|CAA69936.1| acetyl  
1894069 AGCTGTTNCGAATCGCGG  
1894477 AGCTANTCCCGGACAAAA  
1895122 AGTCRCTGCRCCACTCC  
1896353 AGCTCGGSATTTAGTAGG  
1896934 AGCTACAATGGGAAAYTT  
1897047 AGCTCTCGGRCTCCAAGA putative B12D protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 17 2e-35 BAC84633.1  
1898143 AGCTTGACATGGTCAGAT subtilisin-like serine proteinase (EC 3.4.21.-) - rice gb|AAG09442.1| subtilase; SP1 [Oryza sativa] ---- 5 8e-46 JC7518  
1901042 AGCTGCGGGCNGCTACTG unknown protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 7 3e-53 BAC98639.1  
1901043 AGCTGYCGGGCGDCCT OSJNBa0070C17.16 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 3 1e-145 CAE05209.2  
1901932 AGCTTTMGASCCCGAGA  
1904752 AGCTCTCATGGCKAAAGA  
1905291 AGCTCAAGTGGCAAGCGA putative inorganic polyphosphate/ATP-NAD kinase (Poly(P)/ATP NAD kinase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB92868.1

148	2,5	2,3	65,3	12,8	0,001	25,7	2,6	2,5	66,2	18,9	0,004	25,2
387	1,3	0,5	32,1	10,9	0,008	23,9	1,7	0,8	39,3	13,6	0,009	23,2
206	0,8	0,4	40,2	8,0	0,001	51,2	2,1	1,5	43,1	6,5	0,000	20,8
233	29,3	8,1	10,5	0,3	0,016	-2,8	47,9	4,2	13,5	1,4	0,000	-3,5
144	0,6	0,4	8,8	3,5	0,015	13,9	1,1	0,8	7,6	2,1	0,008	6,9
221	0,7	0,3	4,7	1,5	0,010	7,3	0,4	0,3	3,8	0,5	0,001	9,2
172	0,7	0,0	9,4	3,5	0,013	13,9	0,4	0,1	6,7	3,0	0,022	16,9
95	40,6	4,5	9,4	1,9	0,000	-4,3	38,0	5,5	8,4	3,2	0,001	-4,5
220	0,7	0,4	10,2	1,7	0,001	14,3	0,6	0,5	18,2	0,8	0,000	31,0
106	1,3	0,3	25,4	2,2	0,000	20,0	1,9	0,7	19,0	2,4	0,000	10,0
253	0,4	0,3	4,2	0,1	0,000	9,3	0,8	0,3	3,4	0,6	0,002	4,5
164	0,5	0,3	8,4	0,5	0,000	17,4	0,4	0,2	1,8	0,5	0,007	5,0
179	4,9	1,0	45,8	1,2	0,000	9,3	4,3	0,9	22,8	6,0	0,006	5,3
120	0,7	0,4	0,5	0,3	0,748	-1,2	1,8	1,0	0,4	0,3	0,213	-4,2
158	5,2	1,7	26,8	9,3	0,017	5,2	4,1	0,5	22,5	5,7	0,005	5,5
175	0,5	0,0	4,2	0,4	0,000	7,7	0,6	0,1	2,9	0,4	0,001	4,9
185	0,9	0,2	10,9	2,2	0,002	12,7	0,9	0,2	9,5	3,6	0,015	11,0
226	1,0	0,2	3,8	0,6	0,002	3,7	0,4	0,1	3,8	0,8	0,002	10,6
266	0,9	0,3	26,5	15,8	0,140	30,7	1,6	0,7	32,7	8,7	0,003	21,1
103	2,3	0,1	7,3	0,6	0,000	3,2	1,5	0,1	5,3	0,1	0,000	3,6
220	0,7	0,4	3,5	2,1	0,265	4,7	0,8	0,5	4,7	2,8	0,184	5,6
278	2,0	1,3	48,0	12,1	0,003	24,6	1,6	0,5	50,3	13,5	0,003	31,5
187	0,7	0,4	4,2	2,1	0,041	6,3	0,6	0,4	5,0	2,9	0,159	8,1
236	9,2	5,3	37,1	5,4	0,002	4,0	4,5	3,7	34,8	9,1	0,006	7,7
187	10,4	4,6	26,3	4,1	0,011	2,5	2,7	1,6	29,2	9,0	0,007	10,9
188	34,2	3,8	80,0	16,0	0,009	2,3	9,8	1,6	81,3	9,7	0,000	8,3
156	3,3	0,4	21,9	0,4	0,000	6,7	3,0	0,5	19,4	1,0	0,000	6,4
192	0,7	0,3	6,5	0,9	0,001	8,7	0,8	0,2	6,7	0,2	0,000	8,6
229		0,0	2,8	1,6	0,119		0,8	0,4	3,8	2,2	0,190	5,1