

Regulation events in Ingrid BC *mlo5*

Match ID	Signature	Description
1828968	AGCTAGAAGGGATGCGCC	
1829018	AGCTCTSATGCTCAGACG	putative asparaginyl-tRNA synthetase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAB61140.1 putative asparaginyl-tRNA synthetase
1829806	AGCTATGGCCACGTAGTT	UDP-D-glucuronate decarboxylase [Hordeum vulgare] ---- 78 0.0 AAT80327.1
1831156	AGCTAGACACTATGGATA	chitinase (EC 3.2.1.14) cht2b precursor - barley emb CAA55345.1 chitinase [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 67 1e-146 S4884
1831606	AGCTCGAGCAGCAGAGGC	Putative phosphoribosylanthranilate transferase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 30 0.0 AAM19104.1
1831791	AGCTATRGAATTGTTGTT	
1831833	AGCTGGGRTAATTAGTTN	OSJNBa0042I15.10 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 1 1e-16 CAE04888.2
1832731	AGCTGTTTGTGCMCTATN	putative calmodulin [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 4 1e-71 AAP13012.1
1834088	AGCTCTGTACACAGCAAG	dnaJ protein homolog-like [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAD09951.1 dnaJ protein homolog-like [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]
1834509	AGCTGTACGTCACCCCTA	
1834600	AGCTCAGGRCGACCCNA	
1834800	AGCTGCNTGACGCCYCCC	
1834823	AGCTGAGTTTATGTGTCT	P0697C12.13 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAB64678.1 P0697C12.13 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 44
1835026	AGCTTGCCATCTACAMGA	putative cytochrome P450 [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 2 2e-80 CAD42637.1
1835369	AGCTAAGAMAACCGCCAA	
1835893	AGCTCTGGGATCCGCTCG	unknown protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb AAG46152.1 unknown protein [Oryza sativa] gb AAP55199.1 unknown
1836135	AGCTGCSSGAGAGGAGCC	P0666G04.17 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAB32915.1 P0666G04.17 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 1 0
1836231	AGCTACGGCCCGTTCGGG	high light protein [Hordeum vulgare] ---- 11 4e-91 AAP87359.1
1836373	AGCTGTGGAACGACAACA	RNA-directed RNA polymerase - common tobacco emb CAA09697.1 RNA-directed RNA polymerase [Nicotiana tabacum] ---- 1 2e-8
1836426	AGCTTGTTACCTGTTGAAT	cold acclimation protein WCOR413 - wheat gb AAB18207.1 cold acclimation protein WCOR413 [Triticum aestivum] ---- 1 1e-55 T06
1837000	AGCTCANGGCATGCGTGC	lipid transfer protein, putative [Arabidopsis thaliana] gb AAF78376.1 T10O22.25 [Arabidopsis thaliana] ref NP_173264.1 protease inhibitor
1837039	AGCTGGGGGTATTTTCTT	
1837254	AGCTGTAGATAGAGGAGT	OSJNBa0013K16.5 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 1 1e-24 CAE03756.1
1837269	AGCTAGWAAAAGGTGKCA	
1837395	AGCTTGTTTCAMGTTGTG	ribosomal Pr 117 [Triticum aestivum] ---- 109 1e-74 AAP80667.1
1837752	AGCTGTGGAGAAGTCATC	oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein [Arabidopsis thaliana] pir G86472 probable hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase
1838614	AGCTGTGATTACTGCCGT	plastocyanin-like domain-containing protein [Arabidopsis thaliana] sp Q9T076 ENL2_ARATH Early nodulin-like protein 2 precursor (F)
1838620	AGCTGCATGTGTATGTGT	ENSANGP00000023986 [Anopheles gambiae] gb EAA12549.2 ENSANGP00000023986 [Anopheles gambiae str. PEST] ---- 1 .026
1838971	AGCTAGCGGCTGGTTGGT	OSJNBb0059K02.15 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 34 0.0 CAE04505.1
1839376	AGCTGTCTGAACATTTCT	
1839613	AGCTGGAYCTCATCTTCT	

Fragm. size (bp)	mlo5 Contr mean	mlo6 Contr SD	mlo5 Inf mean	mlo5 Inf SD	mlo5 p (t-test)	mlo5 Regul. factor	Mlo Contr mean	Mlo Contr SD	Mlo Inf mean	Mlo Inf SD	Mlo p (t-test)	Mlo Regul. factor
197	2,5	1,2	26,2	6,391	0,003	10,6	1,5	0,6	18,3	5,4	0,006	12,5
236	1,4	0,5	7,9	3,021	0,021	5,8	1,8	0,8	7,7	2,8	0,027	4,2
196	8,9	1,2	38,3	7,229	0,002	4,3	8,1	0,9	25,8	5,4	0,005	3,2
242	1,6	0,1	26,0	11,419	0,021	16,5	1,7	1,4	14,5	9,7	0,207	8,5
375	0,8	0,5	5,3	3,241	0,066	6,3	10,6	6,4	42,3	7,4	0,005	4,0
188	1,1	0,4	5,5	0,709	0,001	4,8	0,8	0,5	3,9	0,7	0,002	4,8
156	2,1	0,6	37,7	10,015	0,004	17,9	1,1	1,0	35,5	8,1	0,002	33,2
120	4,4	2,6	0,8	0,583	0,187	-5,6	3,6	2,6	1,1	0,6	0,136	-3,2
180	29,1	3,3	5,1	2,329	0,000	-5,7	16,5	4,5	5,2	3,1	0,015	-3,2
183	7,9	2,0	62,2	18,064	0,007	7,8	11,4	2,2	47,6	6,1	0,001	4,2
247	2,0	1,1	15,8	6,197	0,019	7,9	1,6	0,5	21,8	10,8	0,032	13,3
166	7,1	0,9	1,6	0,310	0,001	-4,4	2,9	0,4	1,2	0,3	0,005	-2,5
145	4,4	2,7	44,4	6,893	0,001	10,1	4,2	2,5	37,7	5,2	0,001	9,1
235	0,7	0,0	13,8	3,303	0,002	20,4	0,6	0,1	10,3	2,8	0,004	17,8
174	0,9	0,4	9,5	3,199	0,010	10,6	0,7	0,2	8,8	2,9	0,008	11,9
288	1,3	0,7	12,0	4,631	0,017	9,2	1,5	0,5	12,7	4,5	0,013	8,5
221	12,4	2,5	2,3	0,860	0,003	-5,4	7,7	2,1	2,7	1,0	0,020	-2,9
302	39,4	7,7	5,5	1,985	0,002	-7,2	27,0	8,4	11,1	4,5	0,044	-2,4
212	2,1	0,4	42,8	7,512	0,001	20,8	1,5	0,8	34,8	10,1	0,005	22,8
161	16,8	4,2	2,3	0,552	0,004	-7,2	16,5	4,9	2,6	1,0	0,008	-6,3
216	3,0	0,6	14,7	2,013	0,001	4,9	1,3	0,9	19,2	2,6	0,000	14,8
256	17,5	1,0	4,4	1,232	0,000	-4,0	17,5	4,6	5,0	1,1	0,010	-3,5
121	3,8	0,6	0,4	0,035	0,001	-10,8	4,6	0,9	0,7	0,1	0,002	-6,9
112	4,4	0,9	13,9	2,307	0,003	3,1	3,9	1,0	1,9	0,5	0,036	-2,1
256	9,2	8,7	1,8	1,059	0,191	-5,0	5,1	3,5	6,6	4,3	0,770	1,3
182	1,7	0,4	10,3	1,467	0,001	5,9	1,6	0,4	5,2	1,3	0,011	3,3
154	0,9	0,3	16,5	4,509	0,004	17,6	0,9	0,3	18,7	4,0	0,002	20,2
160	16,0	2,6	3,6	0,675	0,001	-4,4	15,3	3,5	3,2	0,9	0,004	-4,8
231	7,1	3,8	46,0	12,717	0,007	6,4	6,2	1,3	25,1	7,5	0,013	4,0
299	0,5	0,2	6,6	3,474	0,038	14,4	0,6	0,1	6,8	3,8	0,046	12,0
192	0,5	0,3	11,8	4,570	0,013	22,5	0,6	0,3	8,6	3,2	0,012	15,1

1839658 AGCTGGGGTTGGGTTGAT P0683B11.14 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB89826.1| P0683B11.14 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 3 3e-91 S57789
1840413 AGCTGCNNGTCTGGTCTC hypothetical protein (clone ES2A) - barley emb|CAA55976.1| ES2A [Hordeum vulgare] ---- 103 1e-91 S57789
1840414 AGCTGTGCGYCTGGCCTC
1840566 AGCTGCATTAGTTGGTCT putative ribosomal protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAS01983.1| putative ribosomal protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAS01983.1
1840676 AGCTGCACAAAAGTAAGC unnamed protein product [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] sp|P83649|SRS1_ORYSA Salt-stress root protein RS1 dbj|BAA965
1840808 AGCTACAGGTGAGTTAAG
1840813 AGCTATAAGTAGCCACAC
1840859 AGCTAGGCATACGTAGTT beta-ketoacyl-CoA synthase, putative [Arabidopsis thaliana] pir|T00951|probable 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase (EC 2.3.1.1)
1840983 AGCTACACRAGYCTGAAG
1841374 AGCTTCGAATNCTTGGTG glutathione transferase F5 [Triticum aestivum] ---- 171 1e-108 CAD29478.1
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 sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB12570.1
1843597 AGCTGTGTNCTGTGTAGG GDP dissociation inhibitor protein - rice gb|AAB69870.1| GDP dissociation inhibitor protein OsGDI1 [Oryza sativa] ---- 60 0.0 T02030
1844079 AGCTACTGGTGGATTAGT putative arm repeat-containing protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 7 1e-170 BAD09539.1
1844418 AGCTGTGTCTTGATGATA expressed protein [Arabidopsis thaliana] pir|A86350|F8K7.10 protein - Arabidopsis thaliana ---- 14 2e-89 NP_564147.1
1844479 AGCTGTGTGTGTTGGTCC
1844494 AGCTCGGCAGATATNGGN bHLH transcription factor(GBOF-1)-like [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 4 3e-68 BAC75416.1
1844640 AGCTGGCGATGATCTATG pathogenesis-related protein 4 - barley emb|CAA71773.1| pathogenesis-related protein [Hordeum vulgare] ---- 1 0.002 T06171
1845187 AGCTCTTGGACTCCAAGA putative B12D protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 17 2e-35 BAC84633.1
1845226 AGCTTCCTATGGGCACCC putative kinase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAL58279.1| putative kinase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAL58279.1
1845545 AGCTACCDGTTTGACAAG
1845546 AGCTTACTGTTTGACTAG blue copper binding protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 5 9e-70 CAE51320.1
1846122 AGCTACACGAGCCNGAAG
1846652 AGCTGGTAAATAGTGCTC OSJNBa0027P08.6 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] tpg|DAA01391.1| TPA: putative FRO-like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] tpg|DAA01391.1
1847050 AGCTCAGCMAAACAGGC
1847101 AGCTCTGTTCCCTTTTA
1847592 AGCTTCATACACAATTGG translation initiation factor 3 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 39 1e-120 CAD24839.1
1847840 AGCTAGACACGACGGACA
1847866 AGCTAGCAGATTTAGTTG putative receptor kinase [Hordeum vulgare] ---- 2 1e-167 AAP31049.1
1848268 AGCTCGGCATGANGGCCA putative nascent polypeptide associated complex alpha chain [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB89723.1| putative nascent polypeptide associated complex alpha chain [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB89723.1
1848345 AGCTGAAGACCGACCGAT putative zinc finger transcription factor [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB12694.1| putative zinc finger transcription factor [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB12694.1
1848385 AGCTCAACNGCCNGTCAG hydroxymethylglutaryl-CoA lyase, putative / 3-hydroxy-3-methylglutarate-CoA lyase, putative / HMG-CoA lyase, putative [Arabidopsis thaliana] pir|T00951|probable 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase (EC 2.3.1.1)

152	3,4	0,7	0,4	0,190	0,002	-7,8	1,6	0,7	0,7	0,1	0,098	-2,2
166	2,1	1,1	31,8	11,722	0,012	15,4	1,3	0,7	29,2	10,9	0,012	22,7
165	1,1	0,2	10,9	1,453	0,000	9,8	0,9	0,1	10,2	1,8	0,001	10,9
217	27,0	0,3	2,5	1,246	0,000	-10,6	17,8	0,6	3,4	0,7	0,000	-5,2
309	3,9	0,8	0,4	0,080	0,002	-9,7	3,4	0,7	0,5	0,2	0,002	-6,3
162	1,3	0,2	8,1	2,804	0,014	6,3	1,8	0,9	7,1	2,1	0,016	3,9
157	2,4	0,5	22,6	2,324	0,000	9,6	2,9	0,7	15,2	2,6	0,001	5,3
121	0,8	0,6	12,1	4,293	0,011	15,2	1,4	0,4	15,5	4,2	0,005	11,0
155	2,2	0,8	33,0	15,953	0,029	15,0	2,2	0,8	16,7	7,1	0,025	7,5
134	0,8	0,4	8,7	2,583	0,006	11,0	0,6	0,3	5,9	2,9	0,030	10,7
141	6,7	1,3	26,8	2,770	0,000	4,0	5,9	0,8	24,7	3,3	0,001	4,2
131	2,3	0,9	42,2	9,305	0,002	18,1	2,7	1,0	30,2	2,8	0,000	11,4
221	2,5	0,3	13,3	3,529	0,006	5,3	0,8	0,3	15,7	4,2	0,004	19,2
108	0,4	0,2	2,4	0,765	0,012	5,8	0,4	0,1	4,5	0,7	0,000	12,3
140	9,9	0,4	2,3	0,549	0,000	-4,2	10,8	1,3	2,0	0,3	0,000	-5,5
223	25,4	4,0	5,8	0,935	0,001	-4,4	18,3	3,6	9,1	1,8	0,017	-2,0
146	4,0	0,6	20,9	2,813	0,001	5,2	3,2	1,1	15,3	2,8	0,002	4,8
200	8,3	2,1	1,6	0,462	0,006	-5,2	3,4	2,2	1,9	0,5	0,811	-1,8
153	11,0	4,3	1,9	0,751	0,023	-5,6	8,8	6,0	2,2	0,8	0,353	-4,0
140	7,3	0,2	1,5	0,211	0,000	-4,7	6,2	3,6	1,7	0,1	0,318	-3,6
249	0,8	0,4	32,9	12,916	0,013	41,4	1,5	0,9	41,7	13,3	0,006	27,9
241	0,8	0,2	49,5	7,338	0,000	58,4	0,3	0,1	48,7	7,3	0,000	152,7
203	8,3	1,2	2,0	0,301	0,001	-4,2	4,9	0,9	2,6	0,3	0,012	-1,9
219	2,1	1,0	13,0	2,739	0,003	6,1	1,5	0,4	18,0	5,9	0,009	12,0
220	4,1	0,4	57,2	14,160	0,003	14,0	2,3	0,4	74,2	9,3	0,000	32,3
155	0,6	0,3	53,3	35,384	0,062	85,4	0,4	0,1	40,1	31,8	0,097	90,9
234	37,9	12,4	5,9	1,209	0,011	-6,5	36,6	8,3	9,8	2,8	0,006	-3,7
148	0,8	0,1	36,5	10,829	0,005	46,2	1,0	0,6	28,9	8,1	0,004	28,4
109	5,9	0,5	1,0	0,158	0,000	-6,2	6,4	2,6	1,0	0,1	0,023	-6,3
214	1,8	0,7	0,4	0,014	0,027	-4,9	1,1	0,2	0,9	0,3	0,308	-1,3
165	0,3	0,0	15,9	7,332	0,021	47,4	0,3	0,1	6,1	2,8	0,024	18,9
145	6,2	0,7	1,2	0,216	0,000	-5,0	3,9	0,6	1,3	0,3	0,002	-3,0
106	4,7	0,3	18,0	0,820	0,000	3,8	8,4	1,1	10,0	1,8	0,267	1,2
264	5,0	1,7	0,6	0,132	0,011	-8,1	7,0	2,1	1,1	0,3	0,009	-6,3
299	4,3	1,0	0,7	0,156	0,004	-5,9	4,6	1,1	1,9	0,3	0,015	-2,5

1848433 AGCTACTGCCGCGCTGG cytochrome P450 [*Triticum aestivum*] ---- 7 1e-129 AAG17469.1
1848539 AGCTGAGATAAGACAAYS
1848585 AGCTGGTGTGYGTTGTCC hydroxyproline-rich glycoprotein DZ-HRGP [*Volvox carteri* f. *nagariensis*] ---- 11 1e-17 CAB62280.1
1848638 AGCTGTCAAACCTCAATT putative glycoprotein [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] dbj|BAB03604.1| putative glycoprotein [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-g
1848639 AGCTKCCAACCTTCNATA
1848748 AGCTGGTCGTCTATTTGC
1848966 AGCTAAGGGCACGTAGTC
1848988 AGCTGGCAAARMGAATAG putative rubisco subunit binding-protein alpha subunit precursor (60 kDa chaperonin alpha subunit) [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-g
1849618 AGCTGGACCGAGCCAAGC expressed protein [*Arabidopsis thaliana*] gb|AAK59452.1| unknown protein [*Arabidopsis thaliana*] gb|AAL34162.1| unknown protein [
1849644 AGCTGCCAGCACGAANGN ----
1849678 AGCTCAAGCTTCACCGAC NADP malic enzyme [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] ---- 76 0.0 AAQ99276.1
1850101 AGCTSCAGCTGTCGATAA OSJNBa0086O06.9 [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] ---- 23 1e-13 CAE04861.2
1850117 AGCTGTCGATAATATGTT OSJNBa0086O06.9 [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] ---- 23 1e-13 CAE04861.2
1850852 AGCTGGATTATTTNNTCA ----
1850879 AGCTGAGCAGTCSWCCGG putative putative glucosyltransferase [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] gb|AAP53972.1| putative putative glucosyltransferase [(
1850896 AGCTGTTCTGCATCGCGG subtilisin-like protein [*Toxoplasma gondii*] ---- 4 4e-05 AAK94670.1
1851511 AGCTGTCTAGTGATNNGG
1851616 AGCTGCTGCTACAAAGAA transmembrane protein [*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare*] ---- 208 1e-164 CAA54233.1
1851807 AGCTGCACGCACGTACTA lycopene beta-cyclase [*Zea mays*] ---- 25 8e-39 AAO18661.1
1851844 AGCTGTTTGACCAACTGA
1852485 AGCTGCGTAGTCGTCTCC
1852719 AGCTGGCTATCANGGACN putative protein [*Oryza sativa*] ---- 6 7e-21 CAC39046.1
1852840 AGCTGGTTAATAAGGTAG Tubulin alpha-1 chain emb|CAA67942.1| alpha-tubulin 1 [*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare*] ---- 47 0.0 Q43473
1852879 AGCTCAAAGTCGTTTTTTG
1852904 AGCTNNATGGTCGGTCTT
1852938 AGCTAGTGCCCGCTGCNA viviparous-14 protein - maize gb|AAB62181.1| viviparous-14 [*Zea mays*] ---- 2 2e-09 T04351
1852948 AGCTGTAATAATTAATGGA germin-like protein - barley emb|CAA63659.1| oxalate oxidase-like protein or germin-like protein [*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare*] --
1853208 AGCTGAATTCAGCCTACN Beta-fructofuranosidase 1 precursor (Sucrose-6-phosphate hydrolase 1) (Invertase 1) ---- 2 1e-54 P49175
1853453 AGCTAATCAGGAANCTRG putative glycine-rich protein [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] dbj|BAD09471.1| putative glycine-rich protein [*Oryza sativa* (*japo*
1853478 AGCTRACCGGGCTCGCCG Putative glycogenin [*Oryza sativa*] ---- 1 8e-19 AAK92624.1
1853836 AGCTGGGACTGCANTTAT P0690B02.9 [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] dbj|BAB84421.1| P0690B02.9 [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] ---- 1 2e-1
1853936 AGCTCCNCCCTGCTGTTT xyloglucan-specific fungal endoglucanase inhibitor protein precursor [*Lycopersicon esculentum*] ---- 1 4e-19 AAN87262.1
1853952 AGCTTCNCGCTCTGGACC unnamed protein product [*Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group)] dbj|BAA96170.1| unnamed protein product [*Oryza sativa* (*japonica*
1854189 AGCTGCANCKACCAGCAT unknown [*Arabidopsis thaliana*] ---- 73 4e-68 AAN60225.1
1854204 AGCTNACCCTCACCTNA

347	0,8	0,3	37,9	7,351	0,001	49,3	1,1	0,4	38,7	2,2	0,000	33,8
231	23,6	3,3	4,4	0,775	0,001	-5,3	14,5	0,6	6,5	0,7	0,000	-2,2
190	27,7	10,0	2,0	0,523	0,011	-13,9	16,4	6,8	2,9	0,7	0,026	-5,7
148	10,2	1,7	1,8	0,832	0,002	-5,8	6,9	1,5	3,7	0,9	0,038	-1,9
147	2,8	0,5	16,4	6,945	0,028	5,9	1,4	0,2	10,2	3,2	0,009	7,2
219	1,1	0,2	6,8	1,319	0,002	6,1	0,8	0,2	8,8	0,9	0,000	10,4
204	0,8	0,2	39,2	5,475	0,000	50,8	1,1	0,2	40,7	4,2	0,000	36,3
184	0,4	0,2	4,8	1,662	0,011	11,4	0,6	0,0	6,4	1,8	0,005	11,5
240	1,6	0,7	16,3	7,379	0,027	10,0	2,1	0,5	8,2	6,8	0,196	3,9
262	0,9	0,2	8,1	1,846	0,003	9,4	0,9	0,1	8,4	0,9	0,000	9,2
290	1,8	1,1	21,6	3,535	0,001	11,8	2,4	0,6	20,2	3,9	0,001	8,5
194	8,3	1,5	33,1	1,034	0,000	4,0	8,4	1,9	19,5	1,3	0,001	2,3
188	4,2	0,7	21,5	1,309	0,000	5,1	2,4	0,6	13,2	1,1	0,000	5,6
249	34,7	3,5	8,4	1,917	0,000	-4,1	1,0	0,6	1,5	0,9	0,813	1,4
228	1,9	0,6	25,0	3,275	0,000	13,0	1,5	0,1	19,7	1,6	0,000	12,9
214	2,0	0,6	12,7	1,078	0,000	6,5	1,6	0,3	10,2	1,3	0,000	6,3
235	2,1	0,7	20,3	4,044	0,002	9,7	2,0	0,9	18,0	2,8	0,001	8,9
325	6,5	0,5	1,5	0,310	0,000	-4,3	6,3	2,8	2,2	1,7	0,098	-2,8
157	16,4	3,0	2,9	1,115	0,002	-5,7	18,2	7,0	5,1	2,9	0,040	-3,5
132	0,8	0,1	14,8	4,037	0,004	19,0	0,9	0,3	21,5	10,5	0,027	22,8
223	6,3	1,4	61,8	4,484	0,000	9,8	7,3	1,4	41,7	7,2	0,001	5,7
351	40,4	5,0	8,7	1,758	0,000	-4,6	38,3	23,2	17,0	1,6	0,560	-2,2
210	4,6	0,2	1,1	0,206	0,000	-4,2	4,9	0,6	1,5	0,6	0,003	-3,2
200	0,3	0,1	16,5	5,475	0,007	63,9	0,8	0,2	16,7	4,3	0,003	20,7
179	0,5	0,3	3,1	0,405	0,001	6,0	0,5	0,0	2,7	0,4	0,001	5,9
151	2,7	0,4	0,4	0,104	0,000	-7,6	1,1	0,2	1,0	0,2	0,388	-1,2
141	2,0	0,3	27,5	9,021	0,008	13,5	0,8	0,3	29,2	7,5	0,003	34,5
249	21,3	3,5	3,0	1,209	0,001	-7,2	15,6	2,8	4,4	1,4	0,003	-3,6
130	1,0	0,0	11,9	3,916	0,008	12,1	0,6	0,1	7,5	2,8	0,013	13,4
152	41,3	15,8	3,9	2,044	0,015	-10,6	20,6	13,2	7,6	3,4	0,174	-2,7
179	31,5	1,2	5,5	0,835	0,000	-5,7	18,1	2,6	10,4	1,2	0,010	-1,7
273	3,6	0,2	29,2	4,886	0,001	8,1	2,8	0,9	20,9	5,7	0,006	7,6
287	49,1	6,2	9,5	1,429	0,000	-5,2	26,7	5,4	16,4	2,6	0,040	-1,6
241	4,2	0,2	1,0	0,223	0,000	-4,1	3,9	0,5	1,4	0,1	0,002	-2,8
254	2,4	0,4	0,5	0,004	0,001	-4,8	2,6	0,7	0,9	0,1	0,013	-2,8

1854211 AGCTCAGCCAGGCACTGT OSJNBa0088H09.6 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 10 0.0 CAE03448.1
1854441 AGCTCATGTATCATCACA ----
1854460 AGCTCAAGCATGTTGACG nucleoid DNA-binding protein cnd41, chloroplast - common tobacco dbj|BAA22813.1| CND41, chloroplast nucleoid DNA binding prot
1854762 AGCTGCAGCACTACTGTC P0435H01.26 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB63530.1| P0435H01.26 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 3 5
1854963 AGCTACGCCAGATGAACG
1855320 AGCTTANNATATTATTGA 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
1855882 AGCTGCACGGTGGCACGC
1856439 AGCTCCTGGCAGTTTTGA
1856474 AGCTGGCTTCTGCTGCCG OSJNBb0065L13.14 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] emb|CAE03378.1| OSJNBa0004N05.2 [Oryza sativa (japonica cultivar-
1857446 AGCTGAAGTGTGCATTGG P0686C03.22 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 3 5e-34 NP_913886.1
1857527 AGCTGACAAGGCTCGCCA putative cyclic nucleotide and calmodulin-regulated ion channel protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 1 3e-13 AAP38213.1
1858326 AGCTACTAMAAAGTNAAG Hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 2e-29 AAN05510.1
1858483 AGCTGCCATGGTAGTAGC OSJNBa0071I13.13 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 10 1e-63 CAE03412.3
1858509 AGCTGTCNCTGCGAAGNA putative gibberellin 20-oxidase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 19 1e-141 NP_922402.1
1858811 AGCTACTATAGGACTTGC putative LHY protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 3 1e-67 BAC99516.1
1858829 AGCTCACCGCCGCTGCC tonoplast intrinsic protein gamma - barley emb|CAA56553.1| gamma-TIP-like protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 4 2e-75
1858951 AGCTTMVATCGATTATCC
1859185 AGCTCCGAYAACAATTCA putative ethylene-inducible protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 45 1e-161 BAC84589.1
1859395 AGCTCAGAAGCCTAATCT
1859405 AGCTTCCAGTGCATTGCT Phenylalanine ammonia-lyase pir|T06545 phenylalanine ammonia-lyase (EC 4.3.1.5) - wheat emb|CAA68036.1| phenylalanine amn
1859471 AGCTTATGTMTTGGTACA
1859584 AGCTTCGAGGTANTGGCN
1859885 AGCTGCAGATCAAGATGN unknown [environmental sequence] ---- 3 5e-09 EAE77593.1
1860089 AGCTACGCCAGAKGNAGA
1860184 AGCTAGCGATTCAYCATC putative glycine-rich protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAD09471.1| putative glycine-rich protein [Oryza sativa (japo
1860211 AGCTAAAACACGGTGCCA ER6 protein [Lycopersicon esculentum] ---- 19 3e-59 AAD46412.1
1860637 AGCTGATCCCNCSGCCCA
1860706 AGCTAAAACCAAGCGAGA general transcription factor III C 1 [Rattus norvegicus] pir|A56011 transcription factor IIIC alpha chain - rat ---- 1 .039 NP_598225.1
1860723 AGCTTGCCAANTTACCNA disease resistance protein Cf-2.1 - currant tomato gb|AAC15779.1| Cf-2.1 [Lycopersicon pimpinellifolium] ---- 1 2e-15 T10504
1861132 AGCTGTACCACACCCAAM P0001B06.19 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB16866.1| P0001B06.19 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 12
1861239 AGCTTGGGGTTCGCTGGS OSJNBa0074L08.3 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 26 0.0 CAD41191.1
1861368 AGCTGAGTTGCGTAGGTA chloroplast nucleoid DNA-binding protein -like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 4 5e-17 BAC79194.1
1861371 AGCTGAGGTGSGTTGGTA
1861446 AGCTAGCACTCTGGTTCG

261	2,9	1,1	26,6	2,075	0,000	9,2	3,5	1,6	28,5	1,9	0,000	8,1
173	1,0	0,2	46,9	6,378	0,000	47,2	0,7	0,3	22,6	3,4	0,000	30,9
156	52,1	6,3	11,4	3,057	0,001	-4,6	53,6	10,5	13,2	2,9	0,003	-4,1
204	15,8	0,6	2,2	0,251	0,000	-7,3	9,5	0,2	4,1	0,4	0,000	-2,3
225	32,7	6,2	4,2	0,590	0,001	-7,8	30,2	4,4	10,1	0,7	0,001	-3,0
243	4,0	2,0	49,0	16,558	0,010	12,1	4,9	2,5	52,1	15,3	0,006	10,6
300	0,4	0,3	28,2	3,445	0,000	68,2	0,3	0,0	17,8	13,0	0,080	57,7
198	11,8	1,9	2,0	0,606	0,001	-5,8	11,0	3,3	3,0	0,5	0,014	-3,7
221	2,4	0,5	33,6	7,405	0,002	13,7	2,4	0,7	31,7	11,9	0,013	13,1
252	5,4	0,6	1,1	0,147	0,000	-4,9	5,2	0,6	3,0	0,1	0,002	-1,8
134	23,0	4,7	4,8	0,918	0,003	-4,8	13,2	2,6	4,4	0,5	0,004	-3,0
121	5,6	2,1	0,5	0,283	0,014	-10,6	3,7	1,5	1,4	0,9	0,049	-2,7
142	0,6	0,1	8,5	1,365	0,001	14,7	0,5	0,1	7,8	2,0	0,003	14,6
280	11,8	4,2	1,3	0,597	0,013	-9,2	9,3	3,6	3,3	1,2	0,051	-2,8
301	1,7	0,4	11,7	2,948	0,004	6,9	7,2	2,6	16,8	2,3	0,009	2,3
273	28,7	3,2	4,0	2,320	0,000	-7,1	39,1	10,8	5,6	2,3	0,006	-6,9
256	22,4	9,2	2,1	0,999	0,019	-10,6	11,1	4,4	2,6	0,7	0,031	-4,3
168	14,4	9,8	1,9	0,828	0,092	-7,6	8,1	7,0	2,5	1,6	0,198	-3,2
245	2,4	1,8	15,1	1,477	0,001	6,2	2,0	1,2	9,6	1,1	0,001	4,7
175	0,5	0,1	4,1	0,699	0,001	8,5	0,5	0,2	3,3	1,9	0,065	6,7
170	10,5	6,6	75,0	8,423	0,000	7,2	10,7	3,9	42,8	25,4	0,096	4,0
119	2,6	0,3	8,4	1,098	0,001	3,2	2,6	1,3	22,5	3,0	0,000	8,6
250	10,7	0,7	1,4	0,096	0,000	-7,7	11,0	2,2	2,5	0,5	0,003	-4,3
107	16,8	1,1	1,8	0,252	0,000	-9,1	13,2	1,8	2,3	0,6	0,001	-5,9
221	6,3	3,6	0,8	0,034	0,060	-7,5	7,4	2,9	2,7	0,7	0,056	-2,7
147	1,6	0,1	11,1	1,275	0,000	7,0	1,0	0,2	4,8	1,0	0,003	4,8
127	22,4	4,3	5,4	0,911	0,002	-4,2	20,1	3,2	5,8	0,8	0,002	-3,5
136	1,2	0,4	10,0	2,664	0,005	8,6	1,6	0,3	5,8	1,7	0,014	3,6
216	32,2	6,4	6,7	1,408	0,002	-4,8	15,8	3,9	8,2	2,3	0,043	-1,9
92	0,9	0,5	55,5	9,223	0,001	59,0	0,3	0,1	68,4	13,4	0,001	260,7
134	9,5	0,6	0,8	0,176	0,000	-11,9	20,4	1,3	4,4	0,6	0,000	-4,6
226	31,9	2,7	7,2	2,142	0,000	-4,5	24,4	2,0	14,1	2,8	0,007	-1,7
206	47,9	3,8	10,7	4,300	0,000	-4,5	19,3	7,6	13,1	6,0	0,335	-1,5
207	0,5	0,2	2,4	0,386	0,002	4,5	1,0	0,3	3,1	0,3	0,001	3,3
223	2,0	0,1	0,3	0,159	0,000	-6,1	0,8	0,1	0,6	0,0	0,035	-1,5

1861808	AGCTGTACAASGGNGTCT	
1861826	AGCTGTCTGTGTCAGCCTGN	OSJNBa0036B21.4 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] emb CAE02577.2 OSJNBa0006M15.20 [Oryza sativa (japonica cultivar-
1862138	AGCTSAGYTACCCCGCCT	
1862158	AGCTGAACCCRGAAGCAC	calcium-binding EF hand family protein [Arabidopsis thaliana] emb CAC05499.1 EF-hand Calcium binding protein-like [Arabidopsis t
1862248	AGCTGGCCGANTCATCWTC	putative protein kinase [Arabidopsis thaliana] ---- 5 1e-22 AAO00872.1
1862340	AGCTCGCATTTTCGTGTGT	pathogenesis-related protein 10 [Hordeum vulgare] ---- 1 2e-38 AAP04429.1
1863291	AGCTGGGAGTGAAAAAGA	
1863346	AGCTCCGTGCGAATCGTG	putative lipid transfer protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb AAN05565.1 putative lipid transfer protein [Oryza sativa (jap
1863353	AGCTGGAGATGATCCTGA	----
1863722	AGCTCAAGGAGTCTCTGG	tryptophan synthase-related [Arabidopsis thaliana] dbj BAB10143.1 tryptophan synthase beta chain [Arabidopsis thaliana] gb AAL91
1863783	AGCTGGGCATTGCC TAGA	
1863966	AGCTGACACTAGGAAGGA	
1864682	AGCTGTGGTGN TCTNGG	protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein [Arabidopsis thaliana] ---- 12 8e-16 NP_565067.1
1865586	AGCTMCACCASAGCGCAG	
1865601	AGCTGCATGTGCCTGTGC	OSJNBa0043A12.4 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 1e-33 CAE02799.1
1865669	AGCTAGAAYTATCCACCT	
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	
1866202	AGCTGAAAGTGARCCATC	
1866544	AGCTGAGAGAGAGAGGAA	unknown protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 27 2e-21 BAC79927.1
1866575	AGCTGATGACTAGCCTCG	putative protein [Oryza sativa] ---- 12 0.0 AAK73132.1
1866680	AGCTGGCTGCGTGGTGCN	
1866703	AGCTGCAGGTGGAGATGG	P0466H10.24 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 8 1e-120 BAC15791.1
1866715	AGCTGCCTGAAGGCTCCC	
1866892	AGCTAAGTAGACATGTTTC	
1867003	AGTCATGTAGCMAHTGA	-partial [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 .009 AAL86490.1
1867253	AGCTGGAACCTATCTAGG	
1867637	AGCTTGCCAAC TTCCCN	
1867640	AGCTGCCNATTTCCCAN	
1867836	AGCTGATCTAACTTGAAT	
1868378	AGCTGTTTTGCTGTAGTC	OSJNBa0089N06.15 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 7 3e-47 CAE04254.3
1868767	AGCTGCAAAACATGTANC	putative phosphoribosyl pyrophosphate synthase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAD08028.1 putative phosphoribosyl p
1868973	AGCTGGGCACGGAANACT	
1869018	AGCTTGCM T AAGATGCW	B1078G07.35 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAB90213.1 B1078G07.35 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BA

138	0,4	0,1	8,0	0,988	0,000	22,2	0,3	0,1	6,9	0,2	0,000	21,2
122	5,9	0,2	1,1	0,276	0,000	-5,2	4,4	0,6	2,3	0,1	0,004	-1,9
225	6,6	2,7	0,5	0,308	0,018	-12,7	4,9	1,8	0,9	0,5	0,022	-5,3
209	2,1	1,1	13,8	1,407	0,000	6,6	0,5	0,3	11,2	0,9	0,000	23,0
145	1,7	0,5	14,8	3,106	0,002	8,5	1,5	0,2	8,5	2,1	0,004	5,6
110	2,0	0,3	17,6	2,106	0,000	8,7	2,2	0,0	13,8	0,7	0,000	6,3
164	47,1	6,5	8,1	1,594	0,001	-5,8	35,6	5,6	9,4	2,4	0,002	-3,8
126	8,0	1,3	42,0	1,885	0,000	5,3	7,5	1,1	35,5	6,7	0,002	4,7
141	2,9	0,6	0,5	0,073	0,002	-5,6	3,2	1,4	0,6	0,3	0,021	-5,5
202	1,1	0,6	4,5	3,206	0,092	4,1	0,6	0,4	0,5	0,3	0,769	-1,2
216	0,3	0,1	6,7	1,227	0,001	19,2	0,9	0,5	8,6	1,3	0,000	9,3
298	1,9	0,8	15,2	7,544	0,038	8,0	1,8	1,1	22,3	14,1	0,061	12,1
233	0,9	0,3	7,0	1,286	0,001	7,4	0,6	0,2	6,7	1,0	0,000	10,4
207	1,5	0,1	5,9	0,141	0,000	4,0	1,7	0,2	5,6	0,4	0,000	3,3
222	4,3	0,3	20,0	1,910	0,000	4,6	4,2	0,5	16,2	0,5	0,000	3,9
283	2,4	0,4	11,5	2,747	0,005	4,8	4,7	0,6	9,4	1,4	0,006	2,0
111	0,8	0,1	17,4	5,437	0,006	21,1	0,8	0,2	14,3	4,1	0,005	17,4
149	30,1	5,6	3,8	1,563	0,001	-7,9	22,2	4,1	4,7	1,9	0,002	-4,8
146	1,7	0,1	78,1	9,226	0,000	45,5	2,6	0,5	63,0	6,7	0,000	24,1
136	1,3	0,5	9,8	2,127	0,003	7,4	1,2	0,1	12,2	2,2	0,001	10,2
173	1,6	0,8	10,0	2,222	0,004	6,1	4,0	0,6	3,3	1,9	0,573	-1,2
231	4,0	0,6	22,4	1,737	0,000	5,6	6,0	1,8	24,9	2,6	0,000	4,1
116	2,4	0,8	11,4	2,904	0,007	4,7	2,9	0,3	5,7	3,8	0,266	2,0
291	10,4	0,9	0,6	0,198	0,000	-17,9	7,9	3,4	2,1	0,3	0,042	-3,8
298	1,3	0,1	6,1	0,519	0,000	4,7	1,5	0,3	7,4	0,2	0,000	4,8
188	1,0	0,1	6,9	0,595	0,000	6,6	1,0	0,3	4,4	0,5	0,000	4,4
94	0,3	0,1	13,2	0,297	0,000	39,6	0,4	0,1	6,5	0,3	0,000	15,8
203	0,6	0,1	16,8	0,566	0,000	26,0	0,5	0,3	16,6	3,7	0,001	34,1
92	2,1	3,1	89,5	15,188	0,001	41,9	0,5	0,0	104,2	8,4	0,000	211,2
91	1,3	0,6	16,7	4,249	0,003	12,5	2,7	1,6	19,3	6,0	0,010	7,2
210	1,4	1,3	16,7	0,679	0,000	12,2	1,3	1,0	13,6	2,6	0,002	10,7
146	0,2	0,0	72,7	11,586	0,000	359,5	0,4	0,1	58,2	12,6	0,001	153,5
150	1,1	0,5	24,4	7,658	0,006	22,2	1,2	0,5	16,3	5,8	0,011	13,6
233	0,9	0,7	8,6	2,957	0,012	9,8	0,6	0,4	17,1	6,5	0,012	27,1
265	0,6	0,0	3,1	0,481	0,001	5,4	0,7	0,1	3,3	0,2	0,000	5,0

1869270 AGCTAGTTTGAATGANNT 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase [*Phyllostachys edulis*] ---- 1 6e-13 BAB32502.1
1869494 AGCTTTGGTTAATTTGTG Putative fiddlehead-like protein [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] ---- 57 0.0 AAN65442.1
1869559 AGCTGAGGACCAGGAGAC probable glutamyl-tRNA reductase (EC 1.2.1.-) 1 precursor, chloroplast - barley emb|CAA60054.1| glutamyl tRNA reductase [*Hordeu*
1869571 AGCTGCTGATACGGTTGY unnamed protein product [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] dbj|BAB03362.1| unnamed protein product [*Oryza sativa* (japonica
1869763 AGCTGCCGGAGAGGATCC agglutinin [*Amaranthus caudatus*] ---- 79 9e-25 AAL05954.1
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 2
1869854 AGCTTMCCTTCGATTACGT
1869862 AGCTACTGCCATTGTTGG ----
1870039 AGCTTACACTGCAGGGAA
1870056 AGCTAAMCGTACAAAARG
1870058 AGCTAAAYTGTAACAAAAG hydroxyproline-rich glycoprotein family protein [*Arabidopsis thaliana*] dbj|BAB03089.1| unnamed protein product [*Arabidopsis thalian*
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
1870573 AGCTCTCGAAGAAATAAC
1870662 AGCTGGCGTGCATGTGGT unknown protein [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] gb|AAT07641.1| unknown protein [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] ---
1870704 AGCTGATGNACAGCGCAG translation initiation factor IF-2 homolog F2P3.9 - *Arabidopsis thaliana* ---- 8 1e-116 T01917
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*
1870933 AGCTGGTATAGCATAAGT
1870955 AGCTATCGNNTGGACTAC P0684B02.9 [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] ref|NP_917127.1| P0421H07.29 [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] ---- 16 1
1871071 AGCTGTTAGGAATAAGYA putative tetrafunctional protein for glyoxysomal fatty acid beta-oxidation [*Oryza sativa*] ---- 38 3e-26 NP_910159.1
1871201 AGCTCCTCGTCTTGGCAT
1871230 AGCTATATGCGCGTAGCC
1871371 AGCTCTGAGCAACAGTCT Protein disulfide isomerase precursor (PDI) (Endosperm protein E-1) pir|T05974 protein disulfide-isomerase (EC 5.3.4.1) precursor
1871745 AGCTAAGGTCTCTACYTT
1871849 AGCTGGTGCCCGCCACCG allyl alcohol dehydrogenase-like protein - *Arabidopsis thaliana* emb|CAB75803.1| allyl alcohol dehydrogenase-like protein [*Arabidops*
1871857 AGCTAGKCATGTCAGTAT
1872702 AGCTGAYGATCATCATCA related to muscle-derived protein (neurite-outgrowth-promoting) [*Neurospora crassa*] ---- 1 1e-37 CAE76120.1
1872834 AGCTCCGTGCGAATCGTG putative lipid transfer protein [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] gb|AAN05565.1| putative lipid transfer protein [*Oryza sativa* (jap
1873068 AGCTCGGCGCAGGATCTA
1873550 AGCTGTTCCGGTGGNAGC nodulin-like protein [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] ---- 4 1e-114 BAC22240.1
1873658 AGCTAYCACCAGTCTAGG COG0744: Membrane carboxypeptidase (penicillin-binding protein) [*Enterococcus faecium*] ---- 5 .61 ZP_00285335.1
1874098 AGCTTATTCCTGTCATTT OSJNBb0118P14.9 [*Oryza sativa* (japonica cultivar-group)] ---- 7 3e-05 CAE02024.2
1874149 AGCTGTACGTGTNTTGYA

121	49,4	5,3	7,8	2,655	0,000	-6,3	40,3	9,4	8,5	2,9	0,005	-4,7
209	4,3	0,8	0,8	0,025	0,002	-5,4	2,6	2,1	1,4	0,2	0,368	-1,9
151	11,3	1,3	2,2	0,399	0,000	-5,2	7,8	1,9	2,5	0,1	0,008	-3,2
139	9,1	0,7	53,0	3,654	0,000	5,8	4,7	1,4	33,5	2,5	0,000	7,1
225	10,5	1,3	1,6	0,120	0,000	-6,5	5,4	0,6	3,2	0,3	0,004	-1,7
229	5,0	0,3	29,5	7,358	0,005	5,9	5,6	0,6	28,6	7,2	0,005	5,1
156	1,4	0,5	28,7	8,237	0,005	19,9	1,3	0,4	16,8	4,5	0,004	12,5
161	0,7	0,1	3,2	0,112	0,000	4,7	0,9	0,3	3,3	0,3	0,001	3,8
164	1,5	0,2	19,4	3,356	0,001	12,8	1,5	0,4	18,0	3,1	0,001	11,9
219	0,6	0,2	8,4	0,374	0,000	13,1	0,7	0,3	14,2	0,3	0,000	19,5
229	10,6	2,2	1,9	0,449	0,002	-5,5	11,4	3,1	2,8	1,1	0,010	-4,0
230	46,0	1,9	10,7	0,707	0,000	-4,3	51,5	2,2	16,2	0,6	0,000	-3,2
111	0,7	0,1	27,8	1,994	0,000	40,4	0,5	0,1	14,3	1,0	0,000	27,2
304	8,9	1,7	0,9	0,593	0,002	-10,0	8,5	1,9	1,1	0,7	0,003	-7,7
188	0,5	0,1	14,4	3,290	0,002	29,0	0,4	0,2	5,7	1,5	0,004	14,1
208	20,7	6,2	2,2	0,419	0,007	-9,2	11,9	5,9	5,2	0,3	0,118	-2,3
218	0,4	0,1	16,8	3,637	0,001	41,0	0,5	0,3	19,0	5,0	0,003	36,9
278	1,2	0,5	5,8	0,486	0,000	5,0	0,7	0,5	9,0	0,3	0,000	13,4
148	5,4	1,5	42,8	9,671	0,003	7,9	4,9	1,4	37,8	9,3	0,004	7,7
127	7,0	1,5	1,6	0,164	0,004	-4,4	6,9	1,4	2,2	0,5	0,005	-3,2
342	0,6	0,1	4,5	0,966	0,002	7,3	0,7	0,4	4,3	1,0	0,003	6,6
113	33,7	3,9	8,6	1,359	0,000	-3,9	50,5	11,4	15,4	2,2	0,006	-3,3
177	0,8	0,4	13,1	1,336	0,000	17,3	0,6	0,5	4,6	0,6	0,001	7,6
202	4,3	1,5	0,5	0,276	0,009	-8,9	3,1	1,6	1,4	0,8	0,104	-2,3
275	4,1	1,7	38,0	6,577	0,001	9,3	4,3	2,9	39,0	8,2	0,002	9,1
95	0,4	0,2	39,3	5,725	0,000	100,0		0,0	48,9	10,2	0,001	
247	10,3	1,5	2,1	0,432	0,001	-4,9	7,9	1,3	4,3	0,8	0,016	-1,8
238	1,0	0,5	13,0	3,401	0,004	13,0	1,4	0,8	16,3	5,9	0,011	11,2
138	0,6	0,0	2,4	0,205	0,000	3,8	0,2	0,1	3,0	0,1	0,000	14,3
230	6,8	4,0	2,2	1,247	0,270	-3,1	7,0	4,1	5,7	3,3	0,781	-1,2
142	1,1	0,5	39,0	34,731	0,132	36,2	0,8	0,1	78,8	37,7	0,023	92,8
332	0,6	0,1	3,6	0,797	0,003	6,0	0,6	0,3	4,2	0,9	0,003	6,6
249	0,7	0,6	7,3	5,173	0,216	10,2	1,7	0,9	8,4	5,4	0,283	5,0
167	5,1	1,4	28,2	7,826	0,007	5,5	4,6	1,2	16,2	3,1	0,004	3,5
121	4,6	1,2	0,8	0,217	0,006	-5,6	3,4	0,6	1,5	0,2	0,005	-2,3

1874375 AGCTGATGGCACATGTTG Chorismate synthase 2, chloroplast precursor (5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phospholyase 2) pir||S40409 chorismate synthase
1874487 AGCTATTGTACGCTGGAT putative ethylene-responsive small GTP-binding protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 61 1e-108 BAC80082.1
1874575 AGCTCAGAAATTTGCNAAN hypothetical protein [Arabidopsis thaliana] pir||B86253 hypothetical protein [imported] - Arabidopsis thaliana ---- 1 3e-32 NP_172652.
1874801 AGCTGTGCYAACAAGAGA
1874849 AGCTTTGCACAACGATGC putative nitrate transporter NRT1-5 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 23 1e-153 BAC83856.1
1875048 AGCTGGAGGATGGTCGCA polyubiquitin [Sporobolus stapfianus] ---- 6 1e-124 AAD30173.1
1875182 AGCTGCACGCACGTACTA lycopene beta-cyclase [Zea mays] ---- 25 8e-39 AAO18661.1
1875341 AGCTTCAATAAAAAAGGYT haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein [Arabidopsis thaliana] ---- 8 5e-25 NP_181658.1
1875623 AGCTGGAGTGTCTTCAGT putative chloroplast outer envelope hexokinase 1 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 10 1e-180 NP_914545.1
1875716 AGCTCCATGGACAGGAGG pit2 protein (clone pAL141), Pi starvation induced - common tobacco dbj|BAA06151.1| The expression is induced by Pi starvation. [N
1876066 AGCTATAGCCGGGGAGAT putative serine/threonine kinase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 21 0.0 BAC10350.1
1876213 AGCTAGGCGGCGACCTGC putative malate dehydrogenase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB55686.1| putative malate dehydrogenase [Oryza sati
1876350 AGCTAGCGCACAGTRNTA
1876499 AGCTCCCTGGNCTGGCG
1876785 AGCTGTTGCTCCAACAGT cinnamoyl-CoA reductase [Populus balsamifera subsp. trichocarpa] ---- 6 8e-58 CAC07424.1
1876861 AGCTGAAATCTTGAAANN cinnamoyl-CoA reductase [Populus balsamifera subsp. trichocarpa] ---- 6 8e-58 CAC07424.1
1877143 AGCTACGACTGTAAGAGT
1877695 AGCTAAYTCNCCCGTGGA MtN3-like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAB92465.1| MtN3-like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] -
1877950 AGCTCAAGCTACTCCCAA
1877970 AGCTCGACATTGTCGNTA hypothetical membrane protein [Thermoplasma acidophilum] emb|CAC12253.1| hypothetical membrane protein [Thermoplasma acid
1877981 AGCTATGAACCCGTGTGT
1878489 AGCTGGTTGCAAGTAATC senescence-associated protein-related [Arabidopsis thaliana] ---- 21 2e-10 NP_199517.1
1878824 AGCTATCATGTATACTTC
1878980 AGCTGCNGTCTTKTTGG hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb|AAM92295.1| hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-gro
1878996 AGCTGCCATCCTCATGAG unnamed protein product [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj|BAA99381.1| unnamed protein product [Oryza sativa (japonica
1879012 AGCTTAGTAGYCATGACA HECT-domain-containing protein / ubiquitin-transferase family protein [Arabidopsis thaliana] ---- 12 0.0 NP_188346.1
1879081 AGCTAANNCTCCATAGAG RPT2-like protein [Sorghum bicolor] ---- 2 7e-17 AAO16688.1
1879348 AGCTSCGAGCAGTTTTRA tryptophan synthase beta-subunit [Sorghum bicolor] ---- 63 0.0 AAL73524.1
1879360 AGCTGKGGTAATCCGATT
1880508 AGCTANGGACTTCGCGTC B1139B11.9 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 2 2e-46 BAB90781.1
1880788 AGCTTGTTWGCAGCGGC
1880792 AGCTGCCCTCNAACCGWAT putative 60S ribosomal protein L38 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 65 3e-30 NP_910603.1
1880988 AGCTCGTGATGATGAWG Transcription factor HBP-1a (Histone-specific transcription factor HBP1) pir||A41349 histone-specific transcription factor HBP1 - whe
1881071 AGCTGTTTTGCTGTAGCC
1881198 AGCTAGTCAACGGATTAT metallothioneine type2 [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ---- 21 2e-45 CAD54080.1

355	6,0	1,6	35,6	9,557	0,006	5,9	8,6	1,9	35,9	11,3	0,014	4,2
185	15,5	1,4	54,0	3,240	0,000	3,5	11,6	0,6	35,4	2,4	0,000	3,1
108	0,3	0,1	1,8	0,127	0,000	5,4	0,3	0,2	0,8	0,1	0,011	2,4
212	1,3	0,5	9,5	2,583	0,006	7,4	1,5	0,5	9,8	2,8	0,007	6,6
167		0,0	3,1	0,060	0,000		0,6	0,3	1,1	0,1	0,012	1,9
318	11,3	3,1	59,3	9,258	0,001	5,2	14,3	4,4	59,9	10,1	0,002	4,2
206	50,8	20,1	8,2	1,994	0,022	-6,2	23,2	8,5	13,8	2,0	0,138	-1,7
258	68,7	9,1	9,7	1,835	0,000	-7,0	84,3	12,6	33,3	0,6	0,002	-2,5
156	2,8	0,2	29,8	1,684	0,000	10,8	3,1	0,2	12,3	0,9	0,000	3,9
263	10,9	2,2	53,9	11,638	0,003	4,9	15,6	2,1	46,1	10,4	0,008	3,0
92	48,5	5,4	5,0	0,371	0,000	-9,7	36,4	4,5	6,2	1,2	0,000	-5,9
304	0,4	0,1	2,6	0,476	0,001	6,4	1,0	0,3	3,3	1,0	0,021	3,2
137	18,2	2,3	4,2	0,371	0,000	-4,4	12,2	1,4	4,4	0,2	0,001	-2,7
241	35,2	2,0	6,1	0,787	0,000	-5,8	31,6	2,0	5,8	0,9	0,000	-5,5
154	7,3	0,3	41,6	5,159	0,000	5,7	6,8	0,6	43,1	1,6	0,000	6,3
88	9,9	2,3	54,5	1,978	0,000	5,5	10,2	2,3	65,6	1,9	0,000	6,4
173	2,1	1,1	25,7	5,496	0,002	12,2	1,6	0,7	21,9	6,1	0,005	13,3
209	5,7	0,6	1,1	0,478	0,001	-5,1	3,9	0,3	2,8	0,4	0,021	-1,4
137	1,1	0,8	12,1	0,580	0,000	11,1	1,5	1,4	10,1	0,7	0,001	7,0
121	5,1	0,9	1,2	0,233	0,002	-4,3	6,0	0,9	2,6	0,2	0,003	-2,3
110	1,1	0,2	6,2	0,463	0,000	5,4	1,7	0,3	4,9	1,1	0,009	2,9
236	17,4	6,5	2,3	0,811	0,016	-7,5	14,8	4,7	3,4	1,5	0,016	-4,4
117	0,8	0,1	5,2	1,560	0,008	6,3	1,1	0,3	4,7	1,6	0,019	4,3
191	1,1	0,3	7,5	1,160	0,001	6,9	0,8	0,3	6,4	0,8	0,000	8,3
205	2,2	0,5	15,4	5,781	0,017	6,9	1,7	1,0	9,8	3,4	0,017	5,6
217		0,0	69,2	39,983	0,116		69,3	40,0	10,3	6,5	0,527	-6,7
275	5,8	0,3	1,6	0,139	0,000	-3,6	6,1	0,8	3,4	0,4	0,007	-1,8
218	1,3	0,1	35,3	3,618	0,000	27,6	1,5	0,2	23,7	1,1	0,000	16,1
231	1,1	0,6	14,2	6,046	0,020	13,3	0,8	0,4	14,9	5,3	0,010	17,9
225	1,6	0,1	6,4	0,376	0,000	4,1	0,8	0,2	9,9	5,7	0,152	12,8
242	12,2	3,1	2,1	0,645	0,005	-5,9	3,9	2,1	2,6	2,0	0,262	-1,5
247	3,3	0,6	0,6	0,148	0,001	-5,5	4,1	0,3	1,6	0,3	0,000	-2,6
225	6,5	0,9	1,7	0,171	0,001	-3,7	6,1	1,2	2,1	0,7	0,007	-3,0
157	1,6	0,7	47,7	11,675	0,002	29,2	2,2	0,4	34,9	10,2	0,005	16,1
190	97,5	39,2	5,9	2,856	0,016	-16,7	65,6	23,0	10,5	10,4	0,019	-6,3

1881212	AGCTAGCGCGGGGTNGTG	putative nuclease [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAB64802.1 putative nuclease [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]
1881382	AGCTGCATGACCTTGGGA	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 eml
1881777	AGCTCCGTGGTCTTGGGG	
1882005	AGCTAGTTAATTGGTTGT	putative steroid 5alpha-reductase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAC15959.1 steroid 5alpha-reductase-like protein [Ory
1883029	AGCTGCACGGGTGGTCGT	
1883426	AGCTTGAANAACAGGAAC	
1883988	AGCTGGTAACGAAGGTGA	photosystem II protein W-like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAB89717.1 photosystem II protein W-like protein [
1883989	AGCTGTAAACGAAGGTGA	
1884021	AGCTGATCCCTGAATNTA	
1885170	AGCTCGGACTGATCCATG	pathogenesis-related protein 4 - barley emb CAA71774.1 pathogenesis-related protein 4 [Hordeum vulgare] ---- 72 5e-84 T06169
1885182	AGCTCTTCCCAMCCAACA	
1885185	AGCTCCGSCCACGGCTTT	
1885186	AGCTACCGCCACGGCTTT	WIR1A PROTEIN pir T06988 pathogen-induced protein WIR1A - wheat gb AAA34311.1 WIR1A ---- 28 7e-07 Q01482
1885224	AGCTGATCNRTCCGTCGT	bacterial-induced peroxidase precursor [Gossypium hirsutum] ---- 36 1e-108 AAD43561.1
1885439	AGCTCANAGCGTCAATCG	hydroxymethyltransferase [Arabidopsis thaliana] ---- 2 5e-14 AAM64493.1
1885538	AGCTTCGCGAGATRGGAR	----
1885739	AGCTAGAGATGGAAAAAT	
1885857	AGCTAATGTCTGTTGNTG	UDP-glucose dehydrogenase [Cinnamomum osmophloeum] ---- 40 0.0 AAR84297.1
1885870	AGCTGGCTCGGTGCCTAG	----
1886620	AGCTGCNCGAATGTCGCA	
1888750	AGCTCKATGMAAATGAGC	
1889104	AGCTAATCACGAAACTAA	
1889166	AGCTGCCTGTCCGCGAGT	
1889276	AGCTCATHAGAAAANGTA	OSJNBa0084K20.12 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] emb CAE02488.2 OSJNBa0076N16.10 [Oryza sativa (japonica cultivar-gr
1889654	AGCTCCATTGTAATCGAC	membrane bound O-acyl transferase (MBOAT) family protein [Arabidopsis thaliana] ---- 20 0.0 NP_172724.2
1890256	AGCTGGCAATCCNNTGAA	Hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb AAN64138.1 Hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-grc
1890465	AGCTGGCTCGGAGCNTAT	----
1890890	AGCTCTACTGTACCTGCC	putative phospholipase [Oryza sativa] gb AAK82449.1 putative phospholipase [Oryza sativa] gb AAL79754.1 putative phospholipas
1891973	AGTTTCAATTTTGTTCAT	Phosphoglycerate kinase, chloroplast precursor pir TVWTGC phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3) precursor, chloroplast - wheat e
1891986	AGCTNGATCGGTCCATCA	
1892491	AGCTCAAGGACGGCTACA	hypothetical protein pBH6-12 - barley emb CAA74593.1 hypothetical protein [Hordeum vulgare] ---- 88 1e-131 T06204
1892647	AGCTGATGGCACATGTTG	Chorismate synthase 2, chloroplast precursor (5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phospholyase 2) pir S40409 chorismate synthas
1892797	AGCTGAGTTCGTRCGAGA	
1892798	AGCTGAACAAGTACGATA	oxo-phytodienoic acid reductase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 7 2e-79 CAD89605.1

200	1,4	0,3	7,2	0,622	0,000	5,2	0,6	0,4	7,6	0,6	0,000	13,3
355	5,5	1,0	45,5	7,077	0,001	8,2	4,3	0,6	42,7	9,2	0,002	10,0
203	5,2	2,3	41,4	7,803	0,002	8,0	5,5	2,1	42,4	11,0	0,005	7,8
314	0,6	0,2	20,8	9,777	0,023	32,8	0,6	0,2	21,3	11,9	0,040	35,9
170	56,6	10,7	11,2	1,329	0,002	-5,0	47,2	5,8	21,2	4,5	0,004	-2,2
291	0,6	0,4	17,6	10,642	0,050	31,2	1,1	0,6	17,7	10,2	0,048	16,1
276	8,0	2,8	34,0	3,550	0,001	4,2	6,0	0,5	45,2	5,2	0,000	7,5
135	39,3	4,6	6,6	0,084	0,000	-5,9	35,9	5,4	11,6	1,1	0,002	-3,1
134	12,2	3,3	2,6	0,085	0,007	-4,7	10,2	2,9	3,8	0,8	0,022	-2,6
109	6,6	0,3	1,4	0,139	0,000	-4,7	6,6	0,7	1,5	0,2	0,000	-4,5
133	0,3	0,1	19,0	7,009	0,010	68,2	0,5	0,3	9,2	3,1	0,008	19,4
144	2,3	0,6	15,2	2,763	0,001	6,5	1,9	0,5	8,6	4,3	0,053	4,6
147	1,7	0,1	17,7	0,905	0,000	10,7	1,2	0,2	16,6	2,6	0,001	13,5
148	2,5	2,3	65,3	12,779	0,001	25,7	2,6	2,5	66,2	18,9	0,004	25,2
182	15,7	2,5	2,0	0,313	0,001	-7,8	7,0	2,1	1,6	0,2	0,011	-4,5
387	1,3	0,5	32,1	10,937	0,008	23,9	1,7	0,8	39,3	13,6	0,009	23,2
234	19,2	4,1	4,0	0,558	0,003	-4,8	7,2	2,9	6,2	0,3	0,576	-1,2
206	0,8	0,4	40,2	8,048	0,001	51,2	2,1	1,5	43,1	6,5	0,000	20,8
113	2,8	0,2	20,0	0,304	0,000	7,1	4,7	1,7	20,2	4,3	0,004	4,3
103	0,7	0,2	8,8	4,810	0,044	12,4	0,7	0,4	7,2	5,0	0,084	10,5
192	1,0	0,4	8,3	1,346	0,001	8,3	0,9	0,6	5,2	1,5	0,010	5,8
141	1,7	0,4	9,9	0,821	0,000	5,7	2,9	0,6	8,2	2,0	0,012	2,8
221	0,7	0,3	4,7	1,494	0,010	7,3	0,4	0,3	3,8	0,5	0,001	9,2
172	0,7	0,0	9,4	3,518	0,013	13,9	0,4	0,1	6,7	3,0	0,022	16,9
95	40,6	4,5	9,4	1,903	0,000	-4,3	38,0	5,5	8,4	3,2	0,001	-4,5
109	6,4	1,0	0,9	0,079	0,001	-7,4	2,7	1,5	0,9	0,1	0,117	-2,9
220	0,7	0,4	10,2	1,734	0,001	14,3	0,6	0,5	18,2	0,8	0,000	31,0
106	1,3	0,3	25,4	2,226	0,000	20,0	1,9	0,7	19,0	2,4	0,000	10,0
103	1,2	0,8	11,8	5,793	0,035	9,6	1,7	1,0	10,2	7,4	0,300	6,0
178	0,5	0,1	3,6	0,933	0,004	8,0		0,0	2,5	1,1	0,018	
164	0,5	0,3	8,4	0,534	0,000	17,4	0,4	0,2	1,8	0,5	0,007	5,0
277	0,7	0,1	3,0	0,348	0,000	4,1	1,9	1,8	2,9	1,4	0,491	1,5
398	0,8	0,3	0,3	0,158	0,043	-3,1	0,8	0,5	1,0	0,6	0,755	1,3
179	4,9	1,0	45,8	1,186	0,000	9,3	4,3	0,9	22,8	6,0	0,006	5,3
179	1,6	0,4	15,8	6,961	0,025	9,6	1,8	0,8	10,1	3,9	0,022	5,5

1893746	AGCTGGAMMTTCGTGCTG	
1893757	AGCTGCAGAGGTGAYAAG	Acetylnithine aminotransferase, mitochondrial precursor (ACOAT) (Acetylnithine transaminase) (AOTA) emb CAA69936.1 acety
1894476	AGCTGTTCTGGCACNGNA	
1895438	AGCTCTGATCTCTTGGAG	glutamate dehydrogenase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] gb AAQ01156.1 glutamate dehydrogenase [Oryza sativa (japonica
1897130	AGCTGAWGACCGACCGAT	putative zinc finger transcription factor [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAB12694.1 putative zinc finger transcription fact
1899234	AGCTAGAGKAGTTGAGGT	OSJNBa0020P07.12 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 60 1e-174 CAE01295.2
1899965	AGCTAGGGATCTTGGGCC	unnamed protein product [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAA96594.1 unnamed protein product [Oryza sativa (japonica
1901787	AGCTATGAAKATNTGCAA	CBL-interacting protein kinase 4 [Arabidopsis thaliana] pir C71408 probable protein kinase - Arabidopsis thaliana ---- 1 3e-08 NP_19
1901844	AGCTCANNGTGCGCAGCA	dnaJ-like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] dbj BAB89081.1 dnaJ-like protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] --
1901932	AGCTTTMGASCCCGAGA	
1902012	AGCTCGTCGCCCNNTCCA	hypothetical protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] ---- 45 1e-130 AAP03354.1
1904126	AGCTAGCGTTGTTACNA	
1904752	AGCTCTCATGGCKAAAGA	
1904824	AGCTGCTTATAAATTATA	subtilisin-chymotrypsin inhibitor 2 - barley emb CAA69915.1 subtilisin-chymotrypsin inhibitor 2 [Hordeum vulgare subsp. vulgare] ----
1905117	AGCTCNAANCGCCAGCGA	

175	0,5	0,0	4,2	0,411	0,000	7,7	0,6	0,1	2,9	0,4	0,001	4,9
185	0,9	0,2	10,9	2,241	0,002	12,7	0,9	0,2	9,5	3,6	0,015	11,0
265	0,2	0,1	5,0	2,905	0,131	21,2		0,0	6,4	0,4	0,000	
165	0,5	0,3	2,3	1,349	0,196	4,9	0,5	0,2	1,0	0,6	0,651	2,0
123	0,3	0,1	1,4	0,909	0,223	5,4		0,0	1,7	1,0	0,120	
261	0,4	0,1	5,5	1,063	0,001	13,8	0,8	0,6	8,0	2,3	0,005	10,7
304	4,4	1,4	0,8	0,058	0,012	-5,3	3,7	3,3	1,7	0,2	0,339	-2,3
206	15,6	8,4	4,5	2,583	0,068	-3,5	10,1	8,6	11,1	6,4	0,917	1,1
154	1,2	0,7	8,7	5,112	0,170	7,0	1,3	0,8	6,9	4,0	0,151	5,2
156	3,3	0,4	21,9	0,438	0,000	6,7	3,0	0,5	19,4	1,0	0,000	6,4
222	1,9	0,3	7,1	0,585	0,000	3,7	2,0	0,3	5,0	0,4	0,001	2,5
225	2,6	1,5	0,2	0,123	0,148	-11,4	2,4	0,6	0,3	0,2	0,004	-6,9
192	0,7	0,3	6,5	0,949	0,001	8,7	0,8	0,2	6,7	0,2	0,000	8,6
248	5,1	1,4	0,7	0,175	0,006	-7,4	5,1	1,8	2,0	0,2	0,040	-2,6
230	3,3	1,9	16,8	9,745	0,190	5,1	2,7	1,6	20,7	12,4	0,148	7,6