

***HpaI*<sub>Xoo</sub>-Mediated Transcriptome in Transgenic Cotton Reveals the Constitutively Expressed Diverse Defense genes in Multiple Signaling Pathways Associated with Hypersensitive Cell Death.** Weiguo Miao, Xiben Wang, Congfeng Song, Yu Wang, Yonghong Ren, Jinsheng Wang

**Supplemental TABLE S1. Expression ratio of forty internal control genes in leaves and roots of transgenic T-34 cotton versus the wild type Z35 cotton**

Array ID	Expression ratio in different microarrays						Annotation
	L1*	L2	L3	R1	R2	R3	
CM061D06	1.16±0.08	1.20±0.05	1.00±0.33	0.80±0.23	0.80±0.13	0.84±0.27	DNA-directed RNA polymerase 23kD
CM044A05	1.07±0.06	0.87±0.13	0.84±0.19	0.83±0.15	1.03±0.11	0.88±0.14	RNA polymerase II subunit
CM043E09	1.05±0.10	1.04±0.10	1.04±0.25	0.93±0.16	0.98±0.11	0.90±0.10	UBQ2
CM048F04	1.22±0.08	0.92±0.07	0.92±0.21	0.94±0.07	0.85±0.12	0.95±0.11	UBQ7
CM020A01	0.97±0.07	0.87±0.07	0.79±0.09	0.84±0.09	0.95±0.07	0.88±0.08	GAPDH1
CM101F12	1.20±0.10	0.92±0.11	0.84±0.09	0.90±0.18	1.06±0.16	0.86±0.27	GAPDH2
CM116D08	1.04±0.10	0.80±0.11	0.81±0.09	0.75±0.15	0.93±0.07	0.81±0.13	eIF3
CM066B07	1.19±0.09	0.88±0.05	0.95±0.19	0.89±0.15	0.96±0.10	0.96±0.14	eIF3E
CM114E02	1.03±0.05	0.81±0.11	0.94±0.07	0.83±0.13	0.90±0.11	0.83±0.14	eIF4B
CM122C06	1.03±0.11	0.79±0.07	1.06±0.13	0.88±0.13	1.03±0.15	1.02±0.15	eIF4
CM012B11	1.06±0.06	1.04±0.14	1.05±0.36	0.84±0.16	1.01±0.20	0.90±0.21	eIF5A
CM013H04	1.03±0.12	0.92±0.23	0.97±0.19	0.91±0.13	1.37±0.19	1.38±0.30	alpha tubulin
CM115A05	1.17±0.15	0.73±0.11	1.18±0.30	0.85±0.24	0.76±0.20	0.95±0.18	beta tubulin
CM023B03	0.91±0.07	0.92±0.07	0.99±0.18	0.92±0.14	0.97±0.08	1.02±0.22	Ubiquinol-cytochrome C reductase
CM043F09	0.82±0.06	1.09±0.05	0.94±0.19	0.78±0.08	0.85±0.11	0.79±0.10	cytochrome c oxidase subunit
CM008G11	0.98±0.05	1.00±0.12	1.15±0.13	0.99±0.18	0.93±0.07	0.90±0.11	actin
CM075H12	1.17±0.11	1.00±0.08	0.89±0.15	0.95±0.19	0.84±0.14	0.97±0.15	actin
CM065A03	1.25±0.08	0.90±0.20	0.91±0.19	0.76±0.13	0.84±0.19	0.88±0.20	RNA-dependent DNA polymerase 1

CM122A09	1.03±0.07	0.74±0.04	0.99±0.29	0.89±0.19	0.93±0.24	0.99±0.34	RNA-dependent DNA polymerase 2
CM015A09	1.10±0.13	0.93±0.07	0.92±0.18	0.79±0.17	0.96±0.15	0.85±0.17	RNA-dependent DNA polymerase 3
CM012B10	0.88±0.11	1.15±0.22	1.14±0.36	1.18±0.25	0.85±0.17	1.01±0.32	NADH-ubiquinone oxidoreductase
CM034G09	1.23±0.11	1.14±0.08	0.81±0.16	0.82±0.06	0.94±0.08	0.91±0.07	RPS17D
CM012A12	1.06±0.11	1.04±0.04	1.10±0.36	0.83±0.11	0.85±0.11	0.92±0.23	RPS25B
CM059B06	1.14±0.13	1.08±0.13	0.99±0.28	0.91±0.25	0.98±0.13	0.94±0.33	RPS27B
CM038C05	1.05±0.12	0.91±0.13	0.92±0.13	0.90±0.12	0.91±0.15	0.74±0.06	RPS29A
CM068F03	1.06±0.10	0.83±0.07	1.13±0.18	0.90±0.12	1.16±0.19	0.94±0.17	RPS29A
CM100E02	1.02±0.09	0.91±0.17	1.33±0.18	1.06±0.30	0.92±0.12	0.83±0.19	RPL12C
CM084E07	0.95±0.10	0.86±0.11	0.84±0.14	0.86±0.12	0.97±0.10	0.80±0.10	RPL14A
CM100D03	1.16±0.11	0.77±0.19	0.93±0.19	0.84±0.13	0.97±0.18	0.88±0.20	RPL18A
CM059B03	1.15±0.11	0.95±0.10	0.88±0.12	0.87±0.06	0.98±0.10	0.93±0.05	RPL19B
CM095E11	1.03±0.10	0.84±0.24	0.87±0.15	0.75±0.15	0.77±0.10	0.77±0.17	RPL26B
CM085F08	0.99±0.03	0.85±0.12	0.80±0.12	0.89±0.13	0.96±0.08	0.77±0.18	RPL35D
CM016F03	1.17±0.06	1.00±0.01	0.85±0.15	1.02±0.15	1.01±0.11	1.04±0.24	RPL3B
CM035E03	1.14±0.05	0.97±0.08	0.84±0.14	0.83±0.11	0.92±0.11	0.81±0.08	aminoacyl-t-RNA synthetase
CM065D11	1.02±0.06	0.89±0.04	0.88±0.03	0.76±0.07	0.87±0.12	0.76±0.08	leucyl-tRNA synthetase
CM068F09	1.08±0.05	0.89±0.08	0.90±0.11	0.84±0.06	1.07±0.13	0.98±0.10	methionyl-tRNA synthetase
CM004D01	0.82±0.03	1.03±0.13	1.01±0.26	1.07±0.09	0.95±0.03	0.93±0.11	malate oxidoreductase
CM061H02	1.14±0.11	0.97±0.14	0.99±0.18	0.94±0.21	0.78±0.10	0.92±0.20	cinnamoyl-CoA reductase
CM074F01	1.01±0.05	0.87±0.10	1.06±0.07	0.91±0.11	0.85±0.05	0.98±0.09	2-oxoglutarate dehydrogenase E2 subunit
CM073A11	1.16±0.06	0.84±0.04	0.95±0.20	0.74±0.13	0.91±0.20	0.91±0.14	glycosyltransferase family
Total volume	42.73	37.16	38.44	35.00	37.58	36.32	
Average	1.14	0.99	1.02	0.93	1.00	0.97	

\*L1, L2, and L3 represented three biological replicates from leaves and R1, R2, and R3 represented three biological replicates from roots