

**Supplementary Table S3.** Up-regulation of 96 Douglas transcripts set in EM grouped under 'GO:0003723' (pvalue =  $2.4e^{-24}$ , from TopGO) MF ontology. Douglas transcript identification (ID\_Douglas) is from Douglas reference transcriptome (Neale's Laboratory, UC Davis). Functional annotation (Function), *Arabidopsis thaliana* orthology (At\_orthologs) and GO ontologies (MF, molecular function ; BP, biological process ; CC, cellular component) were obtained from Blast2GO. pvalue : FDR adjusted pvalue for differential expression obtained from DESeq2. mean mapping score and standard errors, ME, NE and  $\pm se$  are provided for EM (n=16) and NEC (n = 21) respectively. FC : fold-change. Expr : trend of expression relative to fold-change. Mapping scores are rounded to integer.

ID_Douglas	Function	At_ortholog	MF	BP	CC	Expr.	FC	pvalue	EM	NEC
PSME_00000323-RA	Os09g0400100	AT4G39330.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016787 GO:0016740 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677 GO:0003676 GO:0000166	GO:0007264 GO:0006810 GO:0006777 GO:0006614 GO:0006576 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949		EM	276,1	$4e^{-28}$	4612 $\pm$ 1192	13 $\pm$ 3
PSME_00000476-RA	ATP-dependent chaperone ClpB	AT1G74310.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016787 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677	GO:0019538 GO:0007264 GO:0007155 GO:0006914 GO:0006810 GO:0006614 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949		NE	4,1	$1e^{-24}$	2387 $\pm$ 223	9754 $\pm$ 813
PSME_00000477-RA	chaperone ClpB1	AT1G74310.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016787 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677	GO:0019538 GO:0008608 GO:0007264 GO:0007155 GO:0006914 GO:0006810 GO:0006614 GO:0006576 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	GO:0042729 GO:0005876	NE	3,5	$2e^{-22}$	1427 $\pm$ 129	5029 $\pm$ 410
PSME_00000852-RA	LRR receptor serine/threonine-kinase ERL1	AT5G62230.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949		EM	17,7	$4e^{-07}$	786 $\pm$ 93	38 $\pm$ 13
PSME_00001272-RA	arginine/serine-rich-splicing factor RSP41 isoform X1	AT3G61860.1	GO:0046872 GO:0004535 GO:0003723 GO:0003676	GO:0006402	GO:0005737 GO:0005634	NE	9,4	$5e^{-20}$	313 $\pm$ 71	3012 $\pm$ 309
PSME_00001740-RA	BREAST CANCER SUSCEPTIBILITY 1 homolog	AT1G04020.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006310 GO:0006281		EM	2,6	$9e^{-14}$	125 $\pm$ 8	47 $\pm$ 5
PSME_00001938-RA	ABC transporter B member 9	AT2G47000.1	GO:0042626 GO:0031683 GO:0019001 GO:0016887 GO:0016301 GO:0008134 GO:0005525 GO:0005524 GO:0004871 GO:0003924 GO:0003860 GO:0003724 GO:0003723	GO:0055085 GO:0008152 GO:0007186 GO:0006810 GO:0006355	GO:0016021	NE	4,8	$7e^{-07}$	30 $\pm$ 5	151 $\pm$ 24
PSME_00002021-RA	serine carboxypeptidase 45	AT1G28110.1	GO:0015093 GO:0005525 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0015684	GO:0016021	EM	7,5	$1e^{-23}$	11566 $\pm$ 2253	1526 $\pm$ 141
PSME_00002394-RA	galactinol synthase 1	AT2G47180.1	GO:0016887 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723		GO:0016020	EM	4,2	$4e^{-07}$	242 $\pm$ 34	56 $\pm$ 9
PSME_00002564-RA	glucan 13-beta-glucosidase A		GO:0003723			EM	24,5	$9e^{-07}$	419 $\pm$ 114	13 $\pm$ 6
PSME_00002668-RA	cytokinin dehydrogenase 1	AT3G63440.1	GO:0019901 GO:0005515 GO:0003723	GO:0016070 GO:0010508 GO:0007030 GO:0006914		EM	16,9	$2e^{-14}$	378 $\pm$ 62	21 $\pm$ 5
PSME_00004238-RA	Coatomer subunit beta-1	AT1G59870.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0007264 GO:0006777 GO:0006576 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	GO:0016020	NE	11	$2e^{-06}$	2 $\pm$ 1	27 $\pm$ 5

PSME_00004494-RA	transcription repressor MYB5	AT1G22640.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0005525 GO:0005524 GO:0004127 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006139	GO:0016020	EM	18,6	8e <sup>-09</sup>	206 ±34	10 ±3
PSME_00004747-RA	APO 3 mitochondrial	AT5G61930.1	GO:0003723			EM	2,2	1e <sup>-08</sup>	171 ±15	79 ±7
PSME_00005341-RA	chaperone ClpB1	AT1G74310.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016787 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677	GO:0019538 GO:0008608 GO:0007264 GO:0007155 GO:0006914 GO:0006810 GO:0006614 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	GO:0042729 GO:0005876	NE	2,9	6e <sup>-19</sup>	4275 ±451	12236 ±523
PSME_00007886-RA	PHD finger MALE STERILITY 1	AT5G22260.1	GO:0003723			EM	4,4	1e <sup>-04</sup>	22 ±4	5 ±1
PSME_00007978-RA	Germin sub 1 member 1	AT1G02335.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678 GO:0003677	GO:0006310 GO:0006281		EM	6,6	2e <sup>-05</sup>	76 ±11	11 ±3
PSME_00008177-RA	blue copper	AT1G08500.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0005126 GO:0003724 GO:0003723	GO:0019079 GO:0006955 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	GO:0005576	EM	3,4	2e <sup>-31</sup>	2617 ±154	764 ±58
PSME_00008587-RA	abscisic stress-ripening 2		GO:0003723			EM	50,6	5e <sup>-36</sup>	794 ±145	15 ±3
PSME_00009075-RA	7-deoxyloganetin glucosyltransferase	AT1G22400.1	GO:0004525 GO:0003723	GO:0006396		EM	2,5	7e <sup>-06</sup>	91 ±8	36 ±6
PSME_00009405-RA	Sulfate/thiosulfate import ATP-binding cysA	AT3G07350.1	GO:0003723 GO:0003676			EM	6,6	2e <sup>-11</sup>	1450 ±129	216 ±37
PSME_00009681-RA	: S-acyltransferase 21	AT4G15080.1	GO:0008168 GO:0003723	GO:0008033 GO:0006364		EM	3,2	1e <sup>-25</sup>	848 ±41	260 ±26
PSME_00009725-RA	multidrug resistance 1 2	AT1G02520.1	GO:0042626 GO:0031683 GO:0019001 GO:0016887 GO:0016301 GO:0008134 GO:0005525 GO:0005524 GO:0004871 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003676	GO:0055085 GO:0008152 GO:0007264 GO:0007186 GO:0006810 GO:0006355	GO:0016021	NE	3	4e <sup>-27</sup>	387 ±18	1184 ±87
PSME_00010934-RA	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP40	AT2G15790.1	GO:0098519 GO:0043531 GO:0016887 GO:0016787 GO:0016740 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0004127 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678 GO:0003677	GO:0019079 GO:0006810 GO:0006576 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0006139 GO:0002949		EM	4	1e <sup>-47</sup>	12492 ±265	3149 ±244
PSME_00011755-RA	ATP binding	AT4G25835.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006310 GO:0006281		NE	7,2	7e <sup>-29</sup>	687 ±92	5011 ±481
PSME_00011756-RA	ATP binding	AT4G25835.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006310 GO:0006281		NE	4,4	5e <sup>-11</sup>	326 ±68	1447 ±132
PSME_00011757-RA	mitochondrial chaperone BCS1	AT4G25835.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006310 GO:0006281		NE	4,5	3e <sup>-11</sup>	486 ±101	2239 ±225
PSME_00011996-RA	anthocyanidin reductase	AT1G61720.1	GO:0050662 GO:0016616 GO:0016301 GO:0005524 GO:0003854 GO:0003824 GO:0003723	GO:0055114 GO:0006694 GO:0006353		NE	11,4	6e <sup>-24</sup>	17 ±4	191 ±23
PSME_00012081-RA	kinesin NACK2 isoform X2	AT1G18370.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677	GO:0006810 GO:0006576 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0006260 GO:0002949		EM	78,2	2e <sup>-20</sup>	30 ±7	0 ±0
PSME_00012402-RA	ice binding	AT1G65450.1	GO:0003723 GO:0003676			EM	31,9	1e <sup>-30</sup>	147 ±21	4 ±1

PSME_00012550-RA	cell division cycle 48 homolog	AT5G03340.1	GO:0033897 GO:0003735 GO:0003723	GO:0006412	GO:0005840 GO:0005622	EM	2,1	6e <sup>-07</sup>	96 ±9	46 ±4
PSME_00012870-RA	Coatomer subunit beta-1	AT1G15520.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0007264 GO:0006614 GO:0006576 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	GO:0016020	NE	44,6	1e <sup>-39</sup>	740 ±197	34811 ±6556
PSME_00013088-RA	UDP-glycosyltransferase 86A1	AT2G36970.1	GO:0009982 GO:0003723	GO:0009451 GO:0001522		EM	5,7	1e <sup>-05</sup>	770 ±95	130 ±37
PSME_00013643-RA	pleiotropic drug resistance 1	AT1G66950.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0015093 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0015684 GO:0007264 GO:0006576 GO:0002949	GO:0016021 GO:0016020	NE	249,4	1e <sup>-21</sup>	5 ±1	1634 ±681
PSME_00014534-RA	GDSL esterase/lipase At4g01130	AT4G01130.1	GO:0003723			EM	11,7	1e <sup>-09</sup>	726 ±81	58 ±28
PSME_00014771-RA	Os10g0458700	AT3G01410.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006810 GO:0006614 GO:0006576 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	GO:0016020	EM	88,1	8e <sup>-14</sup>	26 ±8	0 ±0
PSME_00014849-RA	L-ascorbate oxidase homolog	AT4G22010.1	GO:0015078 GO:0009982 GO:0003735 GO:0003723	GO:0015986 GO:0009451 GO:0006412 GO:0001522	GO:0045263 GO:0005840	EM	49,6	5e <sup>-41</sup>	864 ±105	16 ±4
PSME_00015395-RA	Coatomer subunit beta-1	AT1G15520.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006310 GO:0006281		EM	2,6	1e <sup>-12</sup>	39031 ±2358	15004 ±1623
PSME_00015801-RA	pectinesterase isoform X1	AT5G19730.1	GO:0098519 GO:0043531 GO:0016887 GO:0016787 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678 GO:0003677	GO:0019079 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949		EM	5,5	4e <sup>-08</sup>	18 ±3	3 ±1
PSME_00016380-RA	cell division cycle 48 homolog	AT5G03340.1	GO:0098519 GO:0043531 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0019079 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949		NE	12,3	3e <sup>-07</sup>	1 ±0	11 ±3
PSME_00016694-RA	polygalacturonase non-catalytic subunit JP650	AT1G70370.1	GO:0043531 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0004127 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0019079 GO:0006576 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0006139 GO:0002949		EM	3,9	5e <sup>-08</sup>	2067 ±296	522 ±85
PSME_00017230-RA	calmodulin binding	AT3G58480.1	GO:0016887 GO:0008134 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0006810 GO:0006614 GO:0006355		EM	3,5	4e <sup>-08</sup>	1258 ±259	356 ±38
PSME_00017263-RA	asparagine synthetase	AT3G47340.1	GO:0098519 GO:0043531 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0019079 GO:0006810 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949 GO:0000723		EM	5,8	2e <sup>-12</sup>	159 ±29	27 ±4
PSME_00017644-RA	LRR receptor serine/threonine-kinase ERL1 isoform X2	AT5G62230.1	GO:0033897 GO:0003723			EM	3,3	8e <sup>-06</sup>	205 ±23	61 ±13
PSME_00017672-RA	high mobility group B 15 isoform X1	AT1G04880.1	GO:0003723			EM	13,5	7e <sup>-08</sup>	2843 ±77	191 ±59
PSME_00018597-RA	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 38	AT3G53110.1	GO:0098519 GO:0031683 GO:0019001 GO:0016887 GO:0016301 GO:0005525 GO:0005524 GO:0004871 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0008152 GO:0007186 GO:0006810 GO:0006614 GO:0006281 GO:0000723		EM	2,2	2e <sup>-13</sup>	108 ±8	50 ±4
PSME_00019609-RA	von willebrand factor type A domain		GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0007264 GO:0006777 GO:0006576 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	GO:0016020	EM	4	3e <sup>-05</sup>	208 ±17	51 ±11
PSME_00020362-RA	ubiquitin fusion degradation 1 homolog isoform X2	AT2G21270.3	GO:0003723	GO:0006511 GO:0006353		NE	61	2e <sup>-09</sup>	0 ±0	12 ±3

PSME_00020723-RA	O-acyltransferase WSD1	AT5G53390.1	GO:0046872 GO:0004535 GO:0003723 GO:0003676	GO:0006402	GO:0005737 GO:0005634	EM	131,5	1e <sup>-21</sup>	293 ±81	2 ±1
PSME_00021307-RA	TF PosF21	AT2G42380.2	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0008152 GO:0006810 GO:0006614 GO:0006281 GO:0000723		EM	2,1	7e <sup>-66</sup>	4571 ±155	2129 ±57
PSME_00021865-RA	late embryogenesis abundant B19.1A	AT2G40170.1	GO:0003723			EM	853,2	2e <sup>-58</sup>	372 ±57	0 ±0
PSME_00023263-RA	multidrug resistance	AT3G28345.1	GO:0042626 GO:0031683 GO:0019001 GO:0016887 GO:0016301 GO:0005525 GO:0005524 GO:0004871 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0055085 GO:0008152 GO:0007186 GO:0006810 GO:0006777	GO:0016021	NE	2,1	1e <sup>-23</sup>	3850 ±161	8139 ±470
PSME_00024031-RA	UF642 I-Gall-responsive 1	AT5G25460.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0007264 GO:0006614 GO:0006576 GO:0006310 GO:0006281	GO:0016020	EM	9,5	4e <sup>-56</sup>	25047 ±2059	2625 ±283
PSME_00024538-RA	cytochrome P450 78A7	AT5G09970.1	GO:0003723 GO:0003676			EM	50,2	1e <sup>-68</sup>	159 ±13	3 ±1
PSME_00024700-RA	ribonuclease 2	AT2G39780.1	GO:0033897 GO:0003723			NE	3	2e <sup>-25</sup>	623 ±65	1880 ±97
PSME_00024720-RA	2-methylene-furan-3-one reductase isoform X2	AT1G23740.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006367 GO:0006310 GO:0006281	GO:0005672	EM	45,4	7e <sup>-27</sup>	117 ±16	2 ±1
PSME_00024826-RA	REF/SRPP At3g05500	AT3G05500.1	GO:0005524 GO:0004386 GO:0003723 GO:0003676		GO:0070461 GO:0005634	EM	4,6	3e <sup>-16</sup>	103 ±12	22 ±3
PSME_00025196-RA	pentatricopeptide repeat-containing At3g03580	AT3G03580.1	GO:0043531 GO:0016887 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0019079 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949		EM	2,2	4e <sup>-11</sup>	293 ±19	131 ±12
PSME_00025295-RA	glycosyltransferase At5g03795	AT5G03795.1	GO:0003723 GO:0003690	GO:0006355	GO:0019031 GO:0005739	EM	10,1	5e <sup>-06</sup>	1260 ±268	114 ±34
PSME_00025764-RA	pentatricopeptide repeat-containing At1g73400 mitochondrial	AT1G73400.1	GO:0046983 GO:0003735 GO:0003723	GO:0006412	GO:0005840 GO:0005622	EM	2,5	2e <sup>-16</sup>	214 ±16	87 ±6
PSME_00025833-RA	xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 7	AT5G65730.1	GO:0005525 GO:0005524 GO:0005515 GO:0003723	GO:0051276 GO:0007264 GO:0006406	GO:0005737 GO:0005694 GO:0005634	EM	190,2	2e <sup>-24</sup>	380 ±55	2 ±1
PSME_00026159-RA	: palmitoyl-monogalactosyldiacylglycerol delta-7 desaturase chloroplastic	AT3G15850.1	GO:0030246 GO:0016773 GO:0005524 GO:0004560 GO:0003723	GO:0006396 GO:0005975 GO:0002682		EM	2,8	1e <sup>-07</sup>	41 ±4	15 ±2
PSME_00026932-RA	phosphoenolpyruvate carboxylase 4	AT1G68750.1	GO:0008964 GO:0003723	GO:0015977 GO:0006099	GO:0005829	EM	3,1	4e <sup>-10</sup>	16 ±1	5 ±1
PSME_00027099-RA	CBL-interacting serine/threonine- kinase 23 isoform X3	AT1G30270.1	GO:0003723 GO:0003676			EM	3	4e <sup>-05</sup>	83 ±11	27 ±5
PSME_00027997-RA	LURP-one-related 8	AT3G15810.1	GO:0016887 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006614 GO:0006576		EM	22,3	2e <sup>-06</sup>	15 ±6	0 ±0
PSME_00028192-RA	GATA TF 22	AT5G49300.1	GO:0033897 GO:0003723			EM	60,9	2e <sup>-16</sup>	1100 ±187	15 ±8
PSME_00028416-RA	delta(24)-sterol reductase	AT3G19820.1	GO:0008982 GO:0008536 GO:0005524 GO:0005515 GO:0004674 GO:0003968 GO:0003723	GO:0019079 GO:0016192 GO:0009401 GO:0006886	GO:0030117 GO:0016021	EM	3,3	4e <sup>-10</sup>	1123 ±182	337 ±37
PSME_00028893-RA	60S ribosomal L8	AT2G18020.1	GO:0003735 GO:0003723	GO:0002181	GO:0022625	NE	100,1	9e <sup>-32</sup>	1 ±0	95 ±19
PSME_00030323-RA	notum homolog isoform X1	AT4G19420.1	GO:0016787 GO:0005525 GO:0003746 GO:0003723	GO:0001514	GO:0005737	NE	9,8	1e <sup>-39</sup>	305 ±43	3010 ±275
PSME_00030404-RA	metacaspase-9 isoform X2	AT5G04200.1	GO:0003723			EM	6,2	4e <sup>-12</sup>	534 ±44	84 ±14

PSME_00030551-RA	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 1 isoform X4	AT5G17920.1	GO:0004809 GO:0003723	GO:0008033	EM	3,8	1e <sup>-09</sup>	681 ±59	177 ±30	
PSME_00030804-RA	DEAD box RNA helicase isoform 2	AT5G14610.1	GO:0008173 GO:0003723	GO:0006396	EM	6,5	2e <sup>-05</sup>	14 ±3	2 ±1	
PSME_00031165-RA	indole-3-acetate O-methyltransferase 1	AT5G55250.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006810 GO:0006576 GO:0002949	GO:0016020	EM	246,2	5e <sup>-43</sup>	242 ±47	1 ±0
PSME_00031180-RA	ABC transporter E member 2	AT4G19210.1	GO:0098519 GO:0043531 GO:0031683 GO:0019001 GO:0016887 GO:0005525 GO:0005524 GO:0004871 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677	GO:0030261 GO:0007186 GO:0007059 GO:0006614 GO:0002949	GO:0009295	NE	2,2	5e <sup>-09</sup>	340 ±36	742 ±57
PSME_00032223-RA	serine/arginine-rich SC35 splicing factor SCL28	AT3G13570.1	GO:0003723 GO:0003677 GO:0000166	GO:0007283	GO:0016607 GO:0000786	EM	2,7	8e <sup>-14</sup>	1333 ±107	490 ±54
PSME_00032247-RA	Os09g0400200	AT4G39330.1	GO:0004185 GO:0003723		GO:0005773	EM	22,6	1e <sup>-08</sup>	581 ±164	22 ±8
PSME_00032964-RA	protease Do 7	AT3G03380.1	GO:0070009 GO:0008239 GO:0005524 GO:0005515 GO:0004252 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006508		NE	3,8	3e <sup>-10</sup>	38 ±3	145 ±20
PSME_00032965-RA	protease Do 7 isoform X2	AT3G03380.1	GO:0070009 GO:0008239 GO:0005524 GO:0005515 GO:0004252 GO:0003724 GO:0003723	GO:0019082 GO:0016032 GO:0006508		NE	3,8	1e <sup>-28</sup>	2909 ±185	10951 ±894
PSME_00032966-RA	protease Do 7 isoform X1	AT3G03380.1	GO:0070009 GO:0008239 GO:0008236 GO:0005524 GO:0005515 GO:0004252 GO:0003724 GO:0003723	GO:0019087 GO:0019082 GO:0016032 GO:0006508		NE	2,2	9e <sup>-10</sup>	366 ±30	808 ±62
PSME_00032968-RA	Cyclic nucleotide gated channel 5 isoform 1	AT1G15990.1	GO:0033897 GO:0005515 GO:0003723			NE	2,1	1e <sup>-28</sup>	964 ±59	2006 ±56
PSME_00033756-RA	G2/mitotic-specific cyclin-2 isoform X1	AT1G76310.1	GO:0003723 GO:0003676			EM	2,3	2e <sup>-13</sup>	83 ±6	36 ±3
PSME_00033759-RA	thioredoxin reductase 1	AT2G17420.1	GO:0003723 GO:0003676			EM	2,6	6e <sup>-08</sup>	338 ±35	129 ±21
PSME_00034056-RA	omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase isoform X2	AT1G65450.1	GO:0016887 GO:0016787 GO:0016301 GO:0008134 GO:0005525 GO:0005524 GO:0005515 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677	GO:0019538 GO:0007264 GO:0006810 GO:0006355 GO:0002949		EM	690,1	4e <sup>-67</sup>	3320 ±520	4 ±2
PSME_00034347-RA	aminotransferase TAT2	AT5G53970.1	GO:0003735 GO:0003723	GO:0006412	GO:0005840 GO:0005622	EM	6	1e <sup>-08</sup>	284 ±19	46 ±12
PSME_00035260-RA	TCM_016710	AT4G19390.1	GO:0016887 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723		GO:0016020	EM	4,2	2e <sup>-08</sup>	492 ±35	117 ±20
PSME_00035514-RA	GTP-binding nuclear Ran1A	AT5G55190.1	GO:0031683 GO:0019001 GO:0016887 GO:0005525 GO:0005524 GO:0004871 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0007264 GO:0007186		NE	2013	1e <sup>-33</sup>	0 ±0	1341 ±457
PSME_00036270-RA	myb-related 306	AT5G57620.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0007264 GO:0006777 GO:0006614 GO:0006310 GO:0006281	GO:0016020	EM	9,3	8e <sup>-09</sup>	181 ±26	18 ±4
PSME_00036372-RA	Senescence/dehydration-associated		GO:0070009 GO:0008239 GO:0005524 GO:0005515 GO:0004252 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677	GO:0016032 GO:0006508	GO:0016021	EM	7,4	6e <sup>-05</sup>	46 ±8	6 ±2
PSME_00036602-RA	SET domain 35	AT1G26760.1	GO:0098519 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0005525 GO:0005524 GO:0003924 GO:0003724 GO:0003723	GO:0007264 GO:0006777 GO:0006576 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	GO:0016020	EM	14,7	6e <sup>-12</sup>	54 ±9	3 ±1

PSME_00036962-RA	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 38	AT3G53110.1	GO:0016779 GO:0003723	GO:0006396	EM	2	5e <sup>-14</sup>	425 ±20	208 ±15
PSME_00037269-RA	germin 2-1	AT4G14630.1	GO:0004518 GO:0003723 GO:0003677		EM	13,1	9e <sup>-09</sup>	144 ±42	10 ±2
PSME_00038561-RA	phosphoglycerate kinase	AT1G79550.1	GO:0003735 GO:0003723	GO:0006412 GO:0005840	EM	5,8	1e <sup>-04</sup>	255 ±30	42 ±27
PSME_00038590-RA	Pre-mRNA cleavage complex 2 Pcf11 isoform 3	AT3G22550.1	GO:0004540 GO:0003723	GO:0008033 GO:0006379 GO:0006364 GO:00030677 GO:0000172	EM	14,7	7e <sup>-10</sup>	54 ±14	3 ±1
PSME_00039496-RA	serine/threonine- phosphatase 6 regulatory ankyrin repeat subunit C	AT3G28880.1	GO:0045182 GO:0005525 GO:0005506 GO:0005089 GO:0003746 GO:0003723	GO:0006417 GO:0001514 GO:0005737	EM	64,3	1e <sup>-07</sup>	30 ±8	0 ±0
PSME_00040631-RA	RING-H2 finger ATL74	AT3G10910.1	GO:0003723		EM	4,2	1e <sup>-07</sup>	130 ±14	30 ±6
PSME_00041065-RA	SRG1 isoform X1	AT3G21420.1	GO:0043531 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0019079 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	EM	21,4	2e <sup>-14</sup>	859 ±94	37 ±10
PSME_00041471-RA	dnaJ homolog sub B member 6 isoform X3	AT1G56300.1	GO:0003723		EM	3	2e <sup>-11</sup>	833 ±37	277 ±38
PSME_00041502-RA	pectate lyase 8	AT4G13710.1	GO:0045182 GO:0005525 GO:0003746 GO:0003723	GO:0016192 GO:0006886 GO:0006417 GO:0001514 GO:0000372 GO:00030529 GO:0005737	EM	6,1	6e <sup>-15</sup>	142 ±29	23 ±2
PSME_00041701-RA	LURP-one-related 8 isoform X2	AT2G38640.1	GO:0005525 GO:0003724 GO:0003723	GO:0007264	EM	117,4	6e <sup>-41</sup>	148 ±21	1 ±1
PSME_00041732-RA	acyl-coenzyme A thioesterase 13	AT2G29590.1	GO:0043531 GO:0016887 GO:0016787 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678 GO:0003677	GO:0019079 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	EM	4,4	1e <sup>-05</sup>	36 ±8	8 ±2
PSME_00041971-RA	purple acid phosphatase 23	AT3G07130.1	GO:0043565 GO:0016779 GO:0003723 GO:0003700	GO:0006396 GO:0006355 GO:0006351	EM	3	1e <sup>-04</sup>	1796 ±368	584 ±120
PSME_00042006-RA	receptor kinase At5g47070	AT5G03320.1	GO:0003723 GO:0003676		EM	9,9	2e <sup>-08</sup>	31 ±5	3 ±1
PSME_00043286-RA	intracellular ribonuclease LX	AT2G02990.1	GO:0033897 GO:0003723		NE	7	6e <sup>-08</sup>	4 ±1	25 ±4
PSME_00043623-RA	QWRF motif-containing 2	AT4G30710.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	EM	17,1	1e <sup>-07</sup>	14 ±4	1 ±0
PSME_00044624-RA	glutelin type-A 1	AT2G28680.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	EM	15,1	2e <sup>-65</sup>	28285 ±4110	1855 ±134
PSME_00046060-RA	knotted 1-binding	AT5G03050.1	GO:0003723	GO:0070206	NE	6,2	7e <sup>-10</sup>	11 ±3	68 ±6
PSME_00046806-RA	mitochondrial chaperone BCS1-B	AT3G28580.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006310 GO:0006281	NE	48	3e <sup>-32</sup>	53 ±8	2727 ±473
PSME_00048125-RA	isoform 1	AT3G51290.1	GO:0003723	GO:0006777	EM	17,4	3e <sup>-17</sup>	4883 ±210	265 ±69
PSME_00048243-RA	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs)	AT1G14340.1	GO:0003723 GO:0003676		NE	4,5	1e <sup>-33</sup>	1083 ±114	4931 ±348
PSME_00048431-RA	Os03g0151800	AT5G03340.1	GO:0043531 GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0019079 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	NE	18,4	4e <sup>-06</sup>	1 ±1	30 ±9
PSME_00048472-RA	cytochrome P450 CYP736A12	AT3G48280.1	GO:0008173 GO:0003723	GO:0006396	EM	204,1	6e <sup>-46</sup>	51 ±8	0 ±0
PSME_00048657-RA	glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6	AT3G07320.1	GO:0003723		EM	4,3	3e <sup>-06</sup>	68 ±15	15 ±3

PSME_00048908-RA	pectate lyase 8 isoform X1	AT3G07010.1	GO:0003723		EM	1143	4e <sup>-55</sup>	323 ±82	0 ±0
PSME_00050702-RA	Os05g0171900	AT1G80160.1	GO:0003723		NE	32,3	9e <sup>-15</sup>	6 ±2	228 ±38
PSME_00050753-RA	SOMBRERO	AT1G79580.1	GO:0003723		EM	7,9	1e <sup>-17</sup>	13815 ±2082	1706 ±290
PSME_00051837-RA	actin	AT5G09810.1	GO:0098519 GO:0043531 GO:0016887 GO:0016787 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678 GO:0003677	GO:0019079 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	EM	3,5	5e <sup>-33</sup>	490 ±31	138 ±10
PSME_00051945-RA	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-- homocysteine methyltransferase	AT3G03780.1	GO:0008897 GO:0003723 GO:0003676 GO:0000287		EM	5,7	2e <sup>-07</sup>	16 ±2	3 ±1
PSME_00052130-RA	transporter arsB	AT1G02260.1	GO:0003723		EM	3,8	3e <sup>-11</sup>	75 ±6	20 ±3
PSME_00052451-RA	long-chain-alcohol oxidase FAO2	AT3G23410.1	GO:0033897 GO:0003723		EM	15,8	1e <sup>-12</sup>	20 ±3	1 ±0
PSME_00052605-RA	xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 9	AT4G03210.1	GO:0005524 GO:0004386 GO:0003723 GO:0003676	GO:0005634	EM	4,2	9e <sup>-06</sup>	389 ±76	90 ±20
PSME_00052678-RA	mitochondrial chaperone BCS1-B	AT3G28510.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0008918 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003677	GO:0009103 GO:0006313 GO:0006310 GO:0006281	NE	3,1	3e <sup>-08</sup>	1625 ±280	5142 ±516
PSME_00052764-RA	histone H2AX	AT1G54690.1	GO:0098519 GO:0043531 GO:0016887 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678	GO:0019079 GO:0006576 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	EM	2,1	1e <sup>-40</sup>	55932 ±2086	26005 ±1011
PSME_00053348-RA	endoribonuclease Dicer homolog 1 isoform X1	AT3G20420.1	GO:0004525 GO:0003723	GO:0006396	NE	4,2	5e <sup>-11</sup>	212 ±16	890 ±128
PSME_00054009-RA	uninformative		GO:0003723		EM	20,9	1e <sup>-18</sup>	12 ±2	0 ±0
PSME_00054332-RA	Cytochrome P450	AT2G45550.1	GO:0003723	GO:0005743	EM	31,1	4e <sup>-12</sup>	10 ±3	0 ±0
PSME_00055130-RA	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 5	AT5G58480.1	GO:0004521 GO:0003723		EM	4,2	3e <sup>-17</sup>	143 ±9	33 ±5
PSME_00056488-RA	subtilisin protease	AT3G14240.1	GO:0008173 GO:0008168 GO:0003723	GO:0006396 GO:0016021	EM	216,7	5e <sup>-24</sup>	62 ±16	0 ±0
PSME_00056929-RA	alpha-1,4-glucan- synthase	AT3G02230.1	GO:0098519 GO:0043531 GO:0016887 GO:0016787 GO:0016740 GO:0016301 GO:0009378 GO:0008134 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723 GO:0003678 GO:0003677	GO:0019079 GO:0006576 GO:0006355 GO:0006310 GO:0006281 GO:0002949	EM	2,8	6e <sup>-21</sup>	2010 ±104	707 ±57
PSME_00056941-RA	mitochondrial chaperone BCS1	AT2G46620.1	GO:0016887 GO:0009378 GO:0005524 GO:0003724 GO:0003723	GO:0006310 GO:0006281	NE	2,1	3e <sup>-17</sup>	310 ±15	660 ±40
PSME_00057055-RA	: H/ACA ribonucleo complex subunit 4	AT3G57150.1	GO:0009982 GO:0003723	GO:0006396 GO:0001522	EM	2,5	6e <sup>-31</sup>	22349 ±1236	8816 ±486